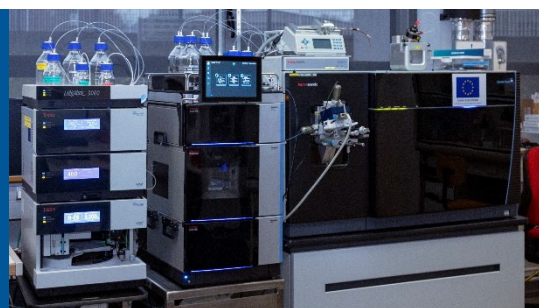


ACTIVITES

La plateforme protéomique offre des activités de prestations de service et collaboratives en protéomique fonctionnelle et structurale en s'appuyant sur une équipe hautement expérimentée de chercheurs et d'ingénieurs. Elle est l'équipe du LSMBO (IPHC). Elle bénéficie du label IBISA et est engagée dans l'Infrastructure Nationale de Protéomique (ProFI, FR2048 CNRS CEA). Elle réalise également des analyses moléculaires et supramoléculaires de molécules naturelles ou de synthèse.



**Spectrométrie de
masse
Nanochromatographie
Bioinformatique
Conseil et formation**



Crédit photo : Catherine Schröder/Université de Strasbourg

Equipements spécifiques & Chiffres clés

- Pour l'analyse protéomique haut débit:
4 couplages nanoLC-MS/MS (1 Q-TOF, 3 Orbitrap)
- Pour la quantification ciblée (LC-PRM):
2 couplages nanoLC-Q/Orbitrap
- Pour la MS native et protéomique structurale:
2 systèmes nanoESI-MS native (Q-TOF, Orbitrap EMR) avec injection automatisée, 1 couplage SEC-MS native, 1 système HDX-MS, 2 couplages de mobilité ionique, 1 photomètre de masse
- Pour la préparation d'échantillon, 1 système automatisé de manipulation de liquide
- Plusieurs outils d'identification, quantification et validation (Proline développé au sein de ProFI, Mascot, MaxQuant, Spectronaut, DIA-NN, ionbot, etc...); stockage et archivage des données.

Expertises et service

- Préparation d'échantillons (gels 1D/2D, digestion liquide, SP3, enrichissement PTM, etc.)
- Identification et quantification de protéines à très haut débit (approche « label free »)
- Quantification ciblée de protéines par LC-PRM
- Identification et quantification de PTMs
- Analyses bioinformatiques et biostatistiques des données
- Interactomique : Identification de partenaires de complexes multiprotéiques
- Caractérisation de protéines recombinantes purifiées ou à usage thérapeutique (anticorps monoclonaux)
- Analyse structurale de complexes non covalents par MS native et mobilité ionique
- Echanges H/D suivis par MS, epitope mapping
- Pontage chimique (crosslink) de complexes multiprotéiques

Accréditations / Normes et procédures Qualité

ISO 9001:2015 et NFX50-900

Ressources humaines dédiées à la plateforme

La plateforme mobilise l'ensemble des chercheurs et ingénieurs du LSMBO qui interviennent en fonction de leur expertise.

Projets

- Développements méthodologiques pour automatiser la préparation d'échantillons et de nouveaux modes d'acquisition pour la protéomique quantitative globale et ciblée
- Développements en informatique, bioinformatique et biostatistique pour la protéomique
- Recherche de nouveaux biomarqueurs de pathologies
- Intégration de données multi-omiques (ex : protéogénomique)
- Physiologie de l'adaptation à l'environnement et protéomique fonctionnelle
- Protéomique pour la découverte de nouvelles cibles diagnostiques, vaccinales et thérapeutiques de maladies infectieuses (Lyme, toxoplasmose, malaria, leishmaniose,...)
- Spectrométrie de masse supramoléculaire et structurale



Plateforme Protéomique Strasbourg Grand Est (PSGE)



Crédit photo : Catherine Schröder/Université de Strasbourg

Fonctionnement / accès aux ressources

- Demande de prestation de service ou collaborative via le portail de l'infrastructure nationale de protéomique ProFI :
<http://www.profi-proteomics.fr/> - choisir ensuite le site ProFI Strasbourg pour la réalisation.
- **Descriptif des services « annexes » fournis dans le cadre d'une prestation**
 - Le personnel de la plateforme aide et accompagne le partenaire pour élaborer les meilleures stratégies de préparation d'échantillons et pour l'interprétation des données.
 - Formation continue Université de Strasbourg

Contacts : proteomique-sge@unistra.fr

Schaeffer-Reiss C. : christine.schaeffer@unistra.fr

Cianféroni S. : sarah.cianferani@unistra.fr

Institut Pluridisciplinaire Hubert Curien

23 rue du Loess – BP28

F-67037 Strasbourg cedex 2

Téléphone +33 (0)3 88 10 66 59

www.lphc.cnrs.fr

- **Rappel du nom de plateforme + Acronyme**

Plateforme Protéomique Strasbourg Grand Est (PSGE)

- **Rappel de l'URL de la page WEB**

<http://plateforme-psge.u-strasbg.fr>

- **Domaines scientifiques HCERES**

- Chimie, Sciences de la Vie

- **Identité**

- Institut Pluridisciplinaire Hubert Curien (IPHC)
- UMR 7178
- Tutelles : Unistra, CNRS
- Laboratoire de Spectrométrie de Masse BioOrganique LSMBO
- Plateforme physique
- Instrument IdEx: Financement IdEx d'un couplage LC-MS/MS (Synapt G2Si, Waters)

- **Type d'activité**

- Prestations de service et/ou projet collaboratifs
- Valorisation
 - Développement de méthodologies innovantes pour l'identification et la quantification de protéines
 - Développements en protéomique structurale
 - Développement de méthodologies pour la caractérisation de protéines thérapeutiques

- **Ouverture au plan**

- National
- Européen
- International

- **Ouverture au monde**

- Académique : oui
- Socio-Economique : oui

- Quotité des activités

- Recherche 70%
- Formation 10%
- Valorisation 10%
- Prestations de service 10%

- Mise en œuvre

- Origine des financements
 - Contrats industriels
 - Prestations de service
 - ANR, ProFI, Idex
- Production scientifique
 - >100 publications scientifiques

Perspectives de développement sur le prochain quinquennal (2022-2027)

Le LSMBO développe :

- Des nouvelles approches quantitatives globales (Data-Independent-Acquisition, DIA)
- Les stratégies d'intégration de données multi-omiques (ex : protéogénomique) pour la recherche de biomarqueurs
- La spectrométrie de masse supramoléculaire et structurale (caractérisation protéines thérapeutiques, membranaires)

Contacts : proteomique-sge@unistra.fr

Schaeffer-Reiss C. : christine.schaeffer@unistra.fr

Cianférani S. : sarah.cianferani@unistra.fr

Institut Pluridisciplinaire Hubert Curien

23 rue du Loess – BP28

F-67037 Strasbourg cedex 2

Téléphone +33 (0)3 88 10 66 59

www.lphc.cnrs.fr