

PROTÉOMIQUE IBPS - SPECTROMÉTRIE DE MASSE

NOS SERVICES

■ Nous vous aidons à choisir la meilleure stratégie pour votre projet, et vous proposons les services suivants :

- analyses de routine ;
- aide à la préparation d'échantillon ;
- analyses variées, de la molécule purifiée à la protéomique *shotgun* ;
- aide au traitement des données (recherche en banque de données, statistiques) ;
- projets de recherche à long terme ;
- formation et accès libre à un instrument MALDI-TOF.

Nos services sont accessibles aux structures publiques et privées. Tarifications sur notre site web.

NOTRE EXPERTISE

■ Nous avons acquis une grande expertise dans l'analyse de petites molécules, polymères, peptides, protéines et oligonucléotides, en mélanges simples ou complexes. Nous pouvons réaliser la préparation d'échantillons (dessalage et concentration,

extraction et digestion des protéines, fractionnement gels 1D ou chromatographie, enrichissement en phosphopeptides), ainsi que le choix du mode d'ionisation et le traitement des données.

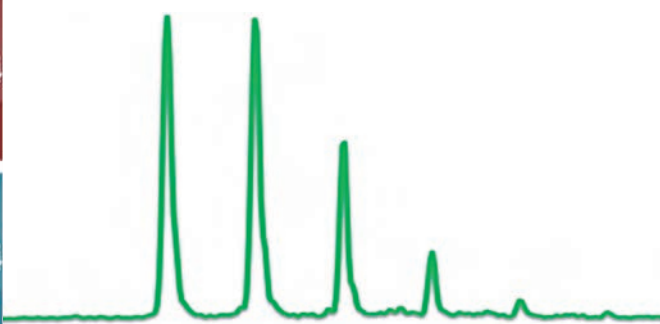
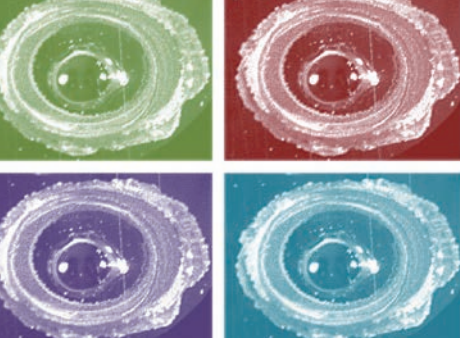
NOS TECHNOLOGIES

■ La plateforme est équipée des technologies de spectrométrie de masse et de séparation par HPLC pour la caractérisation des molécules et biomolécules, en particulier pour la protéomique *shotgun* en mélange complexe. Nous disposons des sources d'ionisation électrospray et MALDI (matrix-assisted laser desorption ionization). Nos quatre spectromètres sont équipés des analyseurs et détecteurs suivants : temps de vol, trappe linéaire pour la sensibilité, Orbitrap pour la haute précision et justesse, triple quadripôle pour MRM. Différents modes de fragmentation sont disponibles (CID, HCD et ETD). Nous proposons une séparation microLC ou nanoLC pour les échantillons complexes.

CONTACT

lucrece.matheron@upmc.fr
www.ibps.upmc.fr · Plateformes





PROTÉOMIQUE IBPS – SPECTROMÉTRIE DE MASSE



DÉVELOPPEMENTS

■ Marquage isotopique et quantification sans marquage

La comparaison quantitative de protéomes issus de différentes conditions expérimentales est importante pour comprendre les processus biologiques. Nous sommes en train d'intégrer les outils expérimentaux et statistiques nécessaires à la quantification par marquage isotopique ou « label free », afin de proposer la stratégie adaptée à vos projets.

■ Modifications post-traductionnelles

Outre l'analyse des protéines phosphorylées déjà en place sur la plateforme^{1, 2}, nous développons des outils pour d'autres modifications post-traductionnelles (PTM) comme l'acétylation des lysines et l'oxydation des méthionines via des techniques d'enrichissement par affinité et de chromatographie diagonale ciblant ces PTM (COFRADIC). Contactez-nous si d'autres PTMs vous intéressent.

■ Les mécanismes de fragmentations

Nous cherchons à mieux comprendre les mécanismes fondamentaux des différents modes de fragmentation, en particulier l'ETD. Nous avons évalué le comportement des peptides branchés ou pontés covalentement vis-à-vis de la fragmentation³. Nous allons poursuivre ces études sur d'autres molécules.

ÉQUIPEMENTS

Spectromètres de masse

- ESI-LTQ Orbitrap XL ETD
- MALDI-TOF/TOF 4700 Proteomics Analyzer avec détecteur haute masse optionnel
- MALDI-TOF Voyager De-Pro
- ESI-QTrap

HPLC

- Ultimate 3000 nanoLC
- Ultimate 3000 microLC

Autres

- Probot MALDI Spotter

Traitement des données

- Thermo XCalibur, Proteome Discoverer, Mascot, Data Explorer, Perseus, annotations des protéomes.

1. L. Matheron, H. van den Toorn, A.J. Heck, S. Mohammed (2014), Characterization of biases in phosphopeptide enrichment by Ti(4+)-immobilized metal affinity chromatography and TiO2 using a massive synthetic library and human cell digests, *Anal. Chem.* 86 (16), 8312-20.

2. L. Matheron, E. Sachon, F. Burlina, S. Sagan, O. Lequin, G. Bolbach (2011), Sequence-dependent enrichment of a model phosphopeptide: a combined MALDI-TOF and NMR study, *Anal. Chem.* 83(8), 3003-10.

3. S. Clavier, G. Bolbach, E. Sachon (2015), Photocross-linked peptide-protein complexes analysis: a comparative study of CID and ETD fragmentation modes, *J. Am. Soc. Mass Spectrom.* 26-6), 1014-26