

Étudier les protéines dans tous leurs états



L'Infrastructure Protéomique de Toulouse dispose d'une instrumentation en spectrométrie de masse et des outils bioinformatiques à la pointe du domaine. Elle vous propose une gamme très diversifiée d'analyses des protéines issues d'échantillons variés : cultures cellulaires, tissus, fluides biologiques, plantes,...

Son personnel expert vous accompagne dans vos projets de recherche et développement au travers d'un service allant de la prestation ponctuelle à la collaboration de recherche, que vous soyez du secteur public ou privé.

Services proposés :

- Identification de protéines dans des mélanges complexes
- Analyse de modifications post-traductionnelles
- Analyse de complexes protéiques, interactomique
- Protéomique quantitative à large échelle
- Analyse ciblée de protéines d'intérêt
- Analyse de protéines purifiées par spectrométrie de masse structurale
- Interactions moléculaires par résonance plasmonique de surface



Responsable scientifique :

Odile Schiltz

Responsable site principal IPBS :

Odile Schiltz

Responsable site partenaire CRCT :

Frédéric Lopez

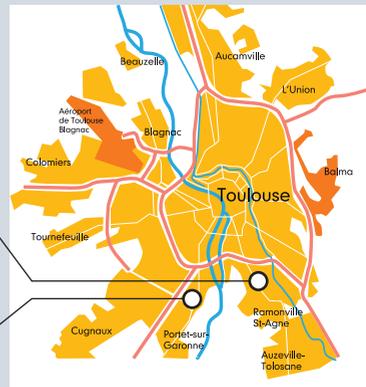
Contact :

proteomique@ipbs.fr

Site web :

<http://proteomique.ipbs.fr/>

Localisation des équipements



Site principal :
IPBS, CNRS,
UMR5089

Site partenaire,
CRCT, Inserm,
U 1037

Le fait marquant technologique :

Les progrès des méthodes d'analyse protéomique haut-débit appliquées à l'immunologie

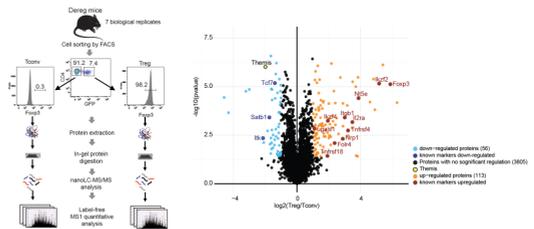
Les progrès instrumentaux en spectrométrie de masse permettent maintenant d'analyser des complexes protéiques et des protéomes entiers avec plus de sensibilité, de profondeur, et de précision quantitative. Grâce aux performances de spectromètres de masse comme les Orbitrap Q-Exactive+ et Fusion Tribrid, nous avons pu caractériser finement les mécanismes moléculaires à l'œuvre au sein des cellules immunitaires ou endothéliales, au travers de différentes stratégies d'analyse.



Profilage d'expression protéique à grande échelle

L'analyse protéomique « shotgun » permet désormais d'identifier et de quantifier en routine 4000 à 6000 protéines à partir de lysats cellulaires totaux. Exemples d'application :

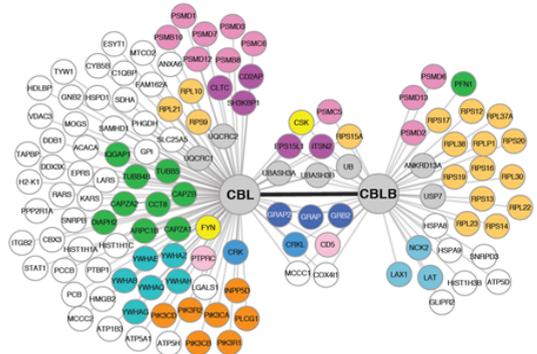
- Caractérisation des marqueurs des Treg (1)
- Analyse de la réponse inflammatoire induite par l'interleukine 33 (3)



Interactomique

La purification par affinité couplée à la spectrométrie de masse constitue une approche clé pour identifier des interactions entre protéines.

En collaboration avec l'équipe de B. Malissen au CIML (Marseille), nous l'utilisons pour décrire, dans des conditions physiologiques et au niveau systémique, les complexes protéiques qui se forment de façon dynamique après activation du TCR dans les lymphocytes T (4).



Phosphoprotéomique

L'enrichissement et l'analyse du sous-protéome phosphorylé sont au cœur des études visant à caractériser les processus de signalisation. Les méthodes actuelles permettent de suivre en cinétique l'apparition de plusieurs milliers de phosphosites. Nous les employons pour étudier les signaux moléculaires générés et propagés via l'activation du TCR dans les lymphocytes T.



Fin 2017, la plateforme s'équipe de la dernière génération d'Orbitrap, le Q-Exactive HFX, pour une analyse encore plus poussée des protéomes et des mélanges protéiques complexes.