



## Plate-Forme de Protéomique



- **Rattachement principal: Institut Pasteur, Paris**
  - ✓ **Membre de l'URA CNRS 2185**
  - ✓ **Labellisation GIS-IBISA 2008: « Pasteur- Physicochimie des Macromolécules »**
  
- **6 statutaires pasteurien ( 50% avec thèse)**
  
- **Principaux équipements:**
  - ✓ **Electrophorèse bidimensionnelle (2DE)**
  - ✓ **Spectromètres de masse ( QSTAR XL, MALDI TOF/TOF 4800, LTQ ORBITRAP velos ETD) couplés à des nano HPLC.**
  - ✓ **Robots de préparation**
  - ✓ **Offgel 3100**
  - ✓ **Logiciels: SameSpots, Mascot, Sequest, Scaffold**
  - ✓ **ePIMS**
  
- **Accès ouvert aux collaborations et aux prestations de service**
  - ✓ **Les projets sont évalués par le Comité de Plate-Forme.**
  
- **Site web: <http://genopole.pasteur.fr/PF3/>**



- **Approches protéomiques**
  - ✓ **Quantification relative par 2DE ou par marquage isotopique stable (iTRAQ, SILAC)**
  - ✓ **Identification des partenaires dans les complexes protéiques ( TAP...)**
  - ✓ **Modifications post traductionnelles ( Phosphorylation, glycosylation...)**
  
- **Spécificités: Micro-organismes pathogènes ( ou non) et leurs interactions avec l'hôte ( paludisme, tuberculose...).**
  
- **Technologies les plus employées**
  - ✓ **2DE / MS**
  - ✓ **LC-MS/MS; 2D LC-MS/MS**
  - ✓ **GeLC-MS/MS**
  
- **Perseptives**
  - ✓ **Développement de l'analyse des modifications post traductionnelles par ETD**
  - ✓ **Mise en place de l'analyse protéomique comparative par l'approche « label free » LC-MS/MS**