



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**