

11 Omics

B_{dx}	• Centre de Génomique Fonctionnelle de Bordeaux (CGFB)	169
11.1 Génotypage, séquençage		
B_{dx}	• Plateforme Génome Transcriptome de Bordeaux (PGTB) - CGFB	170
L_{im}	• Génolim	171
M_{tp}	• Montpellier GenomiX (MGX)	172
T_{ls}	• Plateforme Génome Transcriptomique (GeT) / GenoToul Génome et Transcriptome	174
11.2 Transcriptomique		
B_{dx}	• CGFB, Plateforme Génome Transcriptome de Bordeaux	170
L_{im}	• GenoLim : Plateforme multifonctionnelle d'analyses ADN/ARN FR 3503 GEIST- service commun de l'Université de Limoges	175
M_{tp}	• MGX Montpellier GenomiX	172
T_{ls}	• GenoToul Genome Transcriptomique - GET, Plateforme Génome et Transcriptomique	174
11.3 Protéomique		
B_{dx}	• Plateforme Protéome Centre de Génomique Fonctionnelle de Bordeaux	176
L_{im}	• Service commun de recherche et d'analyse de biomolécules du Limousin (SCRABL)	177
M_{tp}	• PPM Pôle Protéome de Montpellier Languedoc-Roussillon	178
M_{tp}	• Plateforme de Protéines Recombinantes - ProRec	180
T_{ls}	• Infrastructure Protéomique Toulouse	181
11.4 Métabolomique, fluxomique		
B_{dx}	• CGFB, Plateforme Métabolome	182
T_{ls}	• GenoToul MetaToul : Plateforme métabolomique fluxomique	183



Plateforme Protéome Centre de Génomique Fonctionnelle de Bordeaux

P11A2

<http://www.cgfb.u-bordeaux2.fr/fr/proteome>

• Responsable plateforme

Marc Bonneau
05 57 57 46 15
marc.bonneu@ipb.fr

• Responsable R&D

Jean-Marie Schmitter
05 57 57 56 24
jm.schmitter@cbmn.u-bordeaux.fr

• Responsable technique

Stéphane Claverol
05 57 57 47 30
stephane.claverol@u-bordeaux2.fr

• Descriptions et Activités

La Plateforme Protéome a pour vocation de satisfaire les besoins en protéomique liés aux activités de recherche des laboratoires académiques et industriels. Elle correspond à une Plateforme ouverte à l'ensemble de la communauté par la mise à disposition de matériels, de services et d'expertises. L'objectif de la Plateforme Protéome est de développer et de proposer les technologies émergentes reposant sur :

- la séparation des protéines par électrophorèse
- l'identification des protéines par spectrométrie de masse (ionisation MALDI et électrospray)
- l'analyse de l'abondance différentielle des protéines
- la recherche de modifications post-traductionnelles

• Equipements/Personnels

One shot disrupter
2D Amersham & BioRad
GS 800 BioRad
Progenesis SameSpots
Off-Gel Agilent
LCQ ThermoFisher
Q Exactive ThermoFisher
ESI-Q-ToF Waters
Détecteur haute masse CovalX

Rotofor Biorad
Pharos BioRad
PD Quest BioRad
Spot Exciser BioRad
LC/MALDI Dionex
Orbitrap ThermoFisher
MALDI-Q-ToF Waters
MALDI-TOF-TOF Bruker
Serveur Bioinformatique

Personnel : 15

• Expertise - Prestations

Séparation des protéines par électrophorèse
Détection des protéines
Numérisation des gels
Découpage manuel et robotisé des protéines séparées sur gel
Identification de protéines séparées sur gel, en solution et dans des mélanges complexes
Protéomique quantitative (iTRAQ, Label-Free)
Recherche de modifications post traductionnelles
Mesure de masse moléculaire de protéines

• Spécificités, originalité

- Spécificités : les interactions protéine-protéine
- Développements : nouvelles technologies pour la complexomique quantitative et la caractérisation moléculaire d'interactions protéine-protéine
- Projets (cancer) :
Etude de la réponse tumorale du cancer du rectum traité par radiochimiothérapie pré-opératoire (A. Rullier)
Rôles cellulaires de l'AICAR : une substance aux propriétés antiprolifératives (B. Pinson)
Phosphoprotéomique quantitative et Carcinome Hépatocellulaire (E. Chevet, J. Rosenbaum)
Adaptation des cellules cancéreuses au microenvironnement (R. Rossignol)
- Qualité : certifiée ISO 9001:2008

• Modalités d'accès

• Accès public/privé
prendre contact avec Marc Bonneau (marc.bonneu@ipb.fr) pour une première réunion
• Adresse : Plateforme Protéome
Centre de Génomique Fonctionnelle Bordeaux
Université Bordeaux Segalen
146 rue Léo Saignat
33076 BORDEAUX Cedex

• Certifications, labels, logos des partenaires





SCRABL Service Commun de Recherche
et d'Analyse de Biomolécules de Limoges

Service Commun de Recherche et d'Analyse de Biomolécules du Limousin (SCRABL)

P111

<http://www.unilim.fr/scrabl/>

• Directeur

Pierre Marquet
05 55 05 60 17
pierre.marquet@unilim.fr

• Descriptions et Activités

Analyse de petites molécules et de protéines, de leur séparation jusqu'à leur analyse physico-chimique:

- Les plateformes de protéomique et de spectrométrie de masse : offre intégrée d'analyse des protéines, associant techniques de séparation, immunomarquage et MS à haute et basse résolution.

- La caractérisation conjointe par RMN et MS est en cours de formalisation pour la caractérisation de petites molécules (de synthèse, d'extraction à partir de milieux naturels ou produits de métabolisme)

Ce service commun est rattaché à la FR3503 GEIST (Génomique, Environnement, Immunité, Santé, Thérapeutiques), avec une vocation principalement locale et régionale.

• Equipements/Personnels

Protéomique gel 2D : électrophorèse 2D Ettan IPGPhor II (Ettan Dalt 6 + Multitemp + générateur EPS 1001 (GE Healthcare)) ; appareil d'électrotransfert TE77 PWR (GE Healthcare) ; numérisation des gels et mise en archives des données informatiques : phosphoroimager modèle Typhoon TRIO et scanner Image Scanner II (GE Healthcare), avec logiciels d'analyse d'images et de quantification.

Spectrométrie de masse : 2 chaînes nanoHPLC (Dionex) ; robot de nano-fractionnement Probot® (Dionex) ; chaîne HPLC/UFLC avec passeur automatique d'échantillons réfrigéré (Shimadzu) ; 2 spectromètres de masse à triple quadrupôle, QTRAP2000 et QTRAP4000 (AB-Sciex) ; spectromètre de masse MALDI-TOF/TOF 4800 (AB-Sciex) couplé off-line à la nano-chromatographie liquide (spottage Probot®).

RMN : spectromètre Bruker Avance DPX 400 MHz avec sondes DUAL et BBInverse.

Personnel : 2 ETP ingénieur

• Expertise - Prestations

Protéomique : séparation des protéines par électrophorèse mono ou bidimensionnelle (2D classique ou 2D-DIGE (analyse quantitative différentielle multiplexée)) ; analyses d'immunorévélation en semi-dry western blotting ; séparation et/ou purification de complexes protéiques par chromatographie de type FPLC et HPLC (analytique et préparative) ; méthodes de protéomique quantitative (iTRAQ et SILAC)

Spectrométrie de masse : identification et dosage de petites molécules (médicaments, toxiques, métabolites, produits de synthèse chimique) et de peptides, protéines ou polymères : en analyse directe ou après séparation chromatographique (HPLC ou NanoHPLC) ; par détermination de la masse exacte (spectrométrie à temps de vol ou TOF) ; et/ou par analyse des voies de fragmentation ionique (spectrométrie de masse en tandem, à triple quadrupole avec trappe d'ions linéaire - LIT-QqQ - ou à temps de vol -TOF/TOF)

RMN : conception, mise au point et interprétation de tous types d'expérimentations homo- et hétéronucléaires, permettant l'identification structurale de petites molécules synthétiques ou naturelles

• Spécificités, originalité

- Démarche qualité : en cours
- Perspectives et développements : recrutement de personnel technique contractuel en fonction des contrats et de la réponse aux appels d'offre (INCa, ANR et Agence de la Biomédecine) en cours
- Commentaires : plate-forme bi-site (Fac de médecine et CHU de Limoges) avec du matériel spécifique sur chacun des sites

• Modalités d'accès

- Accès : prestations et collaborations, sous réserve d'acceptation du cahier des charges par le comité scientifique



P11C

Pôle Protéome Montpellier - Languedoc-Roussillon PPM UMS 3426 SFR BioCampus

<http://www.ppm.cnrs.fr>

• Responsable scientifique

Philippe Marin
Philippe.marin@igf.cnrs.fr,
04 34 35 92 13

• Directrice adjointe

Véronique Santoni
veronique.santoni@supagro.inra.fr
04 99 61 20 20

• Descriptions et Activités

Structuration régionale en Languedoc-Roussillon des capacités technologiques en analyse protéomique : 4 plateformes réparties sur 5 sites, à la disposition de la communauté scientifique travaillant dans les domaines de la biologie, la santé, l'agronomie et l'environnement.

Apporte des solutions aux meilleurs standards internationaux dans les différents domaines de la protéomique :

- protéomique à grande échelle basée sur la spectrométrie de masse à haute résolution
- protéomique quantitative basée sur des marquages chimiques (marqueurs isobariques, diméthylation), métaboliques (SILAC) et des approches sans marquage
- protéomique quantitative ciblée basée sur des techniques de Reaction Monitoring (MRM, PRM)
- interactomique
- analyse des modifications post-traductionnelles (phosphorylation, ubiquitine, SUMO...)
- identification et validation de biomarqueurs
- analyse des interactions moléculaires par résonance plasmonique de surface
- imagerie par spectrométrie de masse
- analyses multiplexées

• Plateforme de Protéomique Fonctionnelle (FPP)

Philippe Marin, Philippe.marin@igf.cnrs.fr
Martial Séveno, Martial.seveno@igf.cnrs.fr
<http://www.fpp.cnrs.fr>



• Plateforme de Spectrométrie de Masse Protéomique - MSPP

Véronique Santoni, santoniv@supagro.inra.fr
Sonia Hem, sonia.hem@supagro.inra.fr
<http://www1.montpellier.inra.fr/ibip/bpmp/ressources/mspp/mspp.html>



• Plateforme de Protéomique Clinique - PPC

PPC CHRU
Sylvain Lehmann, s-lehmann@chu-montpellier.fr
Christophe Hirtz, c.hirtz@chu-montpellier.fr
<http://ppc.chu-montpellier.fr>
PPC CNRS
Franck Molina, franck.molina@sysdiag.cnrs.fr
Laurence Molina, Laurence.molina@sysdiag.cnrs.fr
<http://www.sysdiag.cnrs.fr/index.php?page=plate-forme-de-proteomique-clinique-2>

• Plateforme d'Imagerie Protéomique et d'Interactions Moléculaires - PP2I

Martine Pugnère, martine.pugniere@inserm.fr
Christian Larroque, christian.larroque@inserm.fr
<http://www.ircm.fr/document.php?pagendx=297>

• Equipements/personnels

- Micro- et nano-HPLC
- Electrophorèse 1D/2D + analyse d'image
- Spectrométrie de masse : LTQ Orbitrap XL-ETD, LTQ Orbitrap ELITE et Q-Exactive (Thermo Fisher Scientific), Q-ToF MaXis et ESI-IT Esquire HCT (Bruker Daltonics)
- Spectrométrie de masse pour analyse quantitative ciblée : Triple Quad 6490 + Chip Cube (Agilent), Q-Exactive, Q-Trap 4000 (Applied Biosystems)
- SELDI-TOF (CIPHERGEN)
- MALDI TOF-TOF (4800 Applied Biosystems)
- SPR (Biacore 3000 et Biacore T200 GE Healthcare)
- Personnel : 20 ETP



Pôle Protéome Montpellier - Languedoc-Roussillon PPM UMS 3426 SFR BioCampus

P11C

<http://www.ppm.cnrs.fr>

• Expertise - Prestations

Préparation des échantillons biologiques (purification, préfractionnement, digestion) pour les analyses de spectrométrie de masse
 Protéomique quantitative ciblée et à large échelle
 Identification et validation de biomarqueurs
 Caractérisation des modifications post-traductionnelles
 Imagerie par spectrométrie de masse
 Mesure d'interactions par Résonance Plasmonique de Surface (SPR)
 Analyses multiplexées
 Analyses bioinformatiques et biostatistiques des données
 Communication et formation

• Spécificités, originalité

- Analyse quantitative des réseaux de signalisation impliqués dans la transmission nerveuse, la réplication et dans l'action des oncogènes
- Réseaux : IBiSA, Réseau national des plateformes protéomiques (RENa2P), RTRA agronomie et développement durable, Réseau thématique Protéome Vert, European Diagnostic Cluster Alliance, Réseaux européens (Cost Eurokup -protéomique rénale-, BaSysBio -Biologie systémique-)...
- Qualité : FPP et MSPP certifiées ISO 9001 depuis plusieurs années, certification ISO 9001 de l'ensemble du PPM en 2014

• Modalités d'accès

- Accès : public/privé
- Modalités : collaborations ou prestations (accord contractuel entre le porteur de projet et les responsables des plateformes)
- Sélection des projets : sur la base de leur faisabilité technique
- Accès aux technologies : libre avec accompagnement et formation validée ou via les personnels compétents des plateaux (technologies requérant une expertise particulière)
- Tarif des prestations : cf. sites des plateformes
- Contact : via un formulaire web (<http://www.ppm.cnrs.fr/index.php?page=contact>).
- Adresse :
 PPM - IGF - 141 rue de la Cardonille
 34094 Montpellier

• Certifications, labels, logos des partenaires





P11J

Plateforme de Protéines Recombinantes - ProRec UMS 3426 SFR BioCampus

www.prorec.cnrs.fr

• Responsable scientifique

Charles Ghommidh
charles.ghommidh@crbm.cnrs.fr
 04 34 35 95 94

• Responsable technique

Yvan Boublik
yvan.boublik@crbm.cnrs.fr
 04 34 35 95 94 / 96

• Descriptions et Activités

Plateforme composée de deux plateaux techniques consacrés, l'un à la gestion d'une banque hORFéome (Montpellier Genomic Collections - MGC) et l'autre au clonage, à la production et la purification par chromatographie liquide de protéines recombinantes (Plateforme de Protéines Recombinantes - PPR).

Un comité de pilotage gère les orientations de la PF.

MGC possède d'une part un ORFéome humain avec un service de clonage haut-débit de ces ORFs dans de nombreux vecteurs d'expression, et d'autre part des banques de siRNA. Ces ressources permettent un accès rapide à des ORFs d'intérêt et à leur fonction ainsi qu'une exploration de l'ensemble du génome par des cribles à grande échelle (www.igmm.cnrs.fr). PPR propose une activité à façon de clonage, de production (optimisation et scale-up) dans différents systèmes d'expression procaryotes (E.coli) ou eucaryotes (baculovirus, cellules S2, Pichia pastoris), et de purification de protéines recombinantes. Ces différentes étapes peuvent être demandées séparément (www.rmpr.cnrs.fr).

• Equipements/Personnels

- Batterie de multifermenteurs (optimisation de procédés)
- Robot de pipetage (Clonage à haut débit et optimisation de production dans coli)
- Fermenteurs de 0,5 à 30 litres (coli, pichia et Sf9)
- Pilotes de purification AKTA (filtration et purification)
- Personnel : 4

• Expertise - Prestations

Expertise en bio-production en fermenteurs dans différents modèles procaryotes ou eucaryotes ainsi qu'en purification de protéines par chromatographie liquide.

• Spécificités, originalité

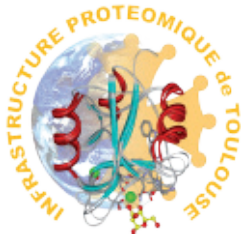
- Perspectives : recherche de nouveaux systèmes d'expression. Augmentation de la quantité de production (fermentation de 20 à 100 L).
- La PF fait partie des 41 grands plateaux techniques régionaux (GEPETOs)

• Modalités d'accès

• Accès : laboratoires académiques et sociétés privées.
 Tarification validée par le CNRS.
 • Adresse : CNRS Montpellier - UMR 5237 CRBM
 1919, Route de Mende
 34293 Montpellier Cedex 5

• Certifications, labels, logos des partenaires





P11D6

Infrastructure Protéomique Toulouse

Site Principal : <http://proteomique.ipbs.fr> (IPBS-CNRS)
Site Partenaire : <http://www.groupeproteomiquecrct.fr> (CRCT-INSERM)

• Responsables scientifiques de l'Infrastructure

Odile Schiltz et Bernard Monsarrat

Site Principal : Odile Schiltz et Bernard Monsarrat (IPBS-CNRS)

Site partenaire : Frédéric Lopez (CRCT-InsERM)

• Descriptions et Activités

La plateforme est organisée en réseau très interactif autour du site principal situé à l'IPBS (CNRS) et de son site partenaire organisé autour des 3 sites de proximité implantés sur le CHU Rangueil, le CHU Purpan et l'Institut Claudius Regaud. Ces trois derniers sites étant prochainement regroupés (2014) sur le site de Langlade au CRCT (InsERM).

Identification de protéines, Analyse de mélanges complexes, Caractérisation de Modifications post-traductionnelles, Identification de complexes protéiques : Interactions protéines/protéines, caractérisation de partenaires.

Identification et quantification de biomarqueurs.

Protéomique quantitative différentielle et ciblée (SRM). Développement de nouveaux outils informatiques/bioinformatiques (Label Free). Nouvelles stratégies pour l'accès aux protéines minoritaires. Nouvelle génération d'Instruments Haute résolution FT-Orbitrap (3) : XL, Velos ETD

• Equipements/Personnels

• Equipements

- Spectrométrie de Masse : Tof-Tof (4700, ABI-2003), nLC-FT-Orbitrap MS/MS (LTQ-FT-Orbitrap-XL, 2006 Thermo), nLC-FT-Orbitrap Velos (2010-Thermo), nLC-LTQ-FT-Orbitrap-Velos-ETD-(2010-Thermo), nLC-QqTrap-5500ABI-2010), CE/MS-(Beckman/Bruker,2006), nanoLC-Amazon ETD.

- Séparations de protéines / Electrophorèse : Electrophorèse 2D, LC 2D de protéines : Proteom Lab (Beckman). Analyseur d'Images : scanner gels 2D (BIO Rad), scanner Typhoon (Amersham GE), logiciels Image Master Platinum, Decodon, Decyder, Progenesis.

- Informatique/Bioinformatique : LIMS (ePIMS), stockage et sauvegarde données (système SAN System Area Network : ~100 To), réseau interne et serveurs banques protéines, logiciels Mascot, Sequest, MSQuant, Phenix, Peaks, MFPaQ, Ingenuity, Protein Center.

- Analyse d'Interactions Biomoléculaires : Biacore 3000, T200.

• Personnels : Site Principal (24 : 6 Chercheurs, 11 Ingénieurs, 4 PhD, 3 Post-docs)/

Site Partenaire (7 : 1 Chercheur, 6 Ingénieurs)

• Expertise - Prestations

Haut débit : stratégie de Type « global and targeted proteomics ». Protéomique et développement d'outils informatiques pour la validation et la quantification de protéines (SILAC, iTRAQ, Label Free), Caractérisation de biomarqueurs peptidiques et protéiques, Analyse d'interactions biomoléculaires.

• Spécificités, originalité

• Développements : Bioinformatique et Protéomique, Protéines minoritaires, Biomarqueurs, Modifications post-traductionnelles; Phospho et Glycoprotéomique. Mise en place de nouveaux équipements dernière génération.

• Spécificité CANCER : Programmes protéomique et cancer. Instabilité génétique et cancer : Toulouse (C. Cazaux/Hoffman, A. Khamlichi), Mélanomes (Montpellier/Nimes PE Stoebner). Angiogenèse : Toulouse (JPh. Girard), Bordeaux (A. Bikfalvi). Hémopathies malignes : B. Payrastre, S. Manenti, P. Lutz. Cycle cellulaire : B. Ducommun, Signalisation (A. Yart, G. Favre), tumeurs pancréatiques (C. Bousquet/S.Pyronnet), Stades préneoplasiques et thérapie génique ADK pancréatique (P. Cordelier), Lymphome (P. Brousset), Cancer Colorectal (R. Guimbaud). Projet National Protéomique et biomarqueurs INCa (Protell). Projet Collaboratif : Cancéropôle CLARA (F. Berger) / GSO. Programmes Fondation InNaBio-Santé (Grenoble, Strasbourg, Ile de France)...

• Réseau : ProFI : Le site PRINCIPAL est un des trois nœuds de l'Infrastructure Nationale en Protéomique (Proteomics French Infrastructure), RITC.

• Modalités d'accès

• Accès : public/privé.

• Site Principal : IPBS CNRS (UMR 5089) - 205 route de Narbonne - 31077 Toulouse

odile.schiltz@ipbs.fr; bernard.monsarrat@ipbs.fr

Site Partenaire : CRCT INSERM (UMR-1037)

frederic.lopez@inserm.fr

• Certifications, labels, logos des partenaires

• Certification : LRQA Qualité : accréditation ISO 9001:2008 obtenue en 2006 renouvelée en 2009, 2012 étendue, pour la 1ère fois dans un laboratoire public de recherche, aux activités de recherche fondamentale.

• Label : IBISA, Infrastructure Nationale ProFI, RITC, GSO

