



Damarys Loew
Manager de plateforme
spectro@curie.fr
Tél : +33 1 56 24 65 22

Activité

La plateforme du Laboratoire de spectrométrie de masse protéomique (LSMP) est ouverte à l'ensemble de la communauté scientifique et offre un service de pointe aussi bien aux chercheurs de l'Institut Curie qu'à des collaborateurs d'établissements nationaux et internationaux. L'activité proposée par le LSMP est réalisée par et pour du personnel de recherche.

Le LSMP mène en parallèle une activité de développement méthodologique et bio-informatique. En effet, il conçoit, adapte des stratégies et développe des approches innovantes pour faire de l'analyse globale, identifier des partenaires protéiques minoritaires et des modifications post-traductionnelles. Certains projets, impliqués dans d'importantes questions biologiques ou biomédicales, vont utiliser et appliquer les méthodologies et technologies existantes. D'autres, qui sont techniquement plus difficiles vont nécessiter le développement de nouvelles approches, réactif ou logiciel.

Objectifs

Le LSMP fournit aux chercheurs des services/outils pour leur permettre d'analyser les protéines (identification de protéines, comparaison de protéomes, analyse de modifications post-traductionnelles, identification de partenaires interagissant avec la protéine d'intérêt, ...) par spectrométrie de masse. L'une des approches les plus prometteuses est de pouvoir combiner l'analyse qualitative et quantitative dans une seule injection (pour les échantillons de la recherche, cela signifie une sensibilité élevée et une quantification de l'ensemble des protéines identifiées). L'objectif est de fournir à nos collaborateurs des hypothèses scientifiques plus rapidement, afin de pouvoir valider fonctionnellement nos candidats quantifiés.

Réseaux et collaborations

Le LSMP est une plateforme du Cancéropôle Ile-de-France co-labélisée IBISA en partenariat avec l'ESPCI pour créer la « Proteomics @ PSL Research University » (ESPCI/Institut Curie). Le LSMP est associé au réseau des plateformes protéomiques parisiennes, à la Société Française d'Electrophoresèse et d'Analyse Proteomique (SFEAP) et à la Société française de spectrométrie de masse (SFSM) qui est membre de l'EuPA et de HUPO.

Prestations

Le LSMP fonctionne selon deux modes :

Collaboration : une personne de l'équipe demandeuse est accueillie et formée à la préparation et au traitement des données. La participation aux frais d'analyses demandée permet de financer les maintenances et les consommables, le reste étant pris en charge par l'IC.

Service : il est laissé au choix pour chaque projet de fonctionner sur la base du service dans le cas où la co-signature n'est pas souhaitée. Le coût des analyses inclut alors également le salaire du personnel, les charges de structure et le renouvellement des investissements.

Les services fournis:

- Définition et conception du dessin expérimental
- Conseils concernant la mise en place du projet
- Conseils et aide à la préparation de l'échantillon / contrôle qualité
- Identification des protéines et peptides
- Comparaison de protéomes
- Mesure de masse à haute résolution
- Analyse des modifications post-traductionnelles (localisation et caractérisation).
- Protéomique ciblée
- Protéomique quantitative (SILAC, DIA, Label free...)
- Traitement des données
- Analyse bioinformatique et statistique

Formations

Le LSMP fournit à ses utilisateurs trois types de formation :

- personnalisé pour réaliser une partie des analyses;
- avancées sur tous les aspects de la protéomique (définir les questions et conception du dessin expérimental, préparation des échantillons, analyse MS, et traitement des données MS);

- au développement de nouvelles approches et outils MS.

De plus, le LSMP s'est fortement impliqué dans la mise en place d'un outil informatique d'analyse de données qui permet de gérer l'ensemble de ses collaborations. *myProMS* (Poullet et al, Proteomics, 2007) est un outil développé en collaboration avec l'[U900 \(plateforme de bio-informatique de l'IC\)](#). Il se présente sous la forme d'un serveur web adossé à une base de données relationnelle qui permet le stockage, l'interprétation et la validation des spectres obtenus par spectrométrie de masse. Il s'inscrit dans une démarche d'innovation constante et de qualité. Il a été régulièrement enrichi pour permettre de traiter des données toujours plus complexes (données quantitatives marquées et non marquées, modifications post-traductionnelles,...) et de fournir une aide dans l'interprétation de ces résultats. *myProMS* est distribué gratuitement à l'ensemble de la communauté scientifique et équipe 3 plateformes de protéomique en France (ESPCI, Institut Cochin et IGF à Montpellier).

Équipements

- Thermo Scientific™ Q Exactive™ HF-X Hybrid Quadrupole-Orbitrap™ MS
- Thermo Scientific™ Orbitrap Fusion™ Tribrid™ MS
- Thermo Scientific™ Ultimate™ 3000 RSLC nano LC system
- Thermo Scientific™ Dionex™ Ultimate™ 3000 AFC Automated Fraction collector
- AB SCIEX™ 4800 Plus MALDI TOF/TOF™ MS (garantie expirée en 2018)
- Dionex/LC-Packings Probot™ Micro Fraction Collector
- Agilent 3100 OFFGEL Fractionator
- [myProMS](#) web server
- Thermo Scientific™ Proteome Discoverer™ 2.2 software
- Database search algorithms (SEQUEST HT, Matrix Science Mascot Server and Daemon 2.5, ...)
- [Trans-Proteomic Pipeline \(TPP 4.8, \) tools](#)

Manager(s) et contact(s)

Membres du LSMP

- Damarys LOEW : directeur
- Bérangère LOMBARD : ingénieur MS
- Florent DINGLI: ingénieur MS
- Guillaume ARRAS: ingénieur bioinformatique
- Vanessa MASSON: ingénieur bio/MS

Publications clés

Année de publication : 2018

Forget Antoine, Martignetti Loredana, Puget Stéphanie, Calzone Laurence, Brabetz Sebastian, Picard Daniel, Montagud Arnau, Liva Stéphane, Sta Alexandre, Dingli Florent, Arras Guillaume, Rivera Jaime, Loew Damarys, Besnard Aurore, Lacombe Joëlle, Pagès Mélanie, Varlet Pascale, Dufour Christelle, Yu Hua, L. Mercier Audrey, Indersie Emilie, Chivet Anaïs, Leboucher Sophie, Sieber Laura, Beccaria Kevin, Gombert Michael, D. Meyer Frauke, Qin Nan, Bartl Jasmin, Chavez Lukas, Okonechnikov Konstantin, Sharma Tanvi, Thatikonda Venu, Bourdeaut Franck, Pouponnot Celio, Ramaswamy Vijay, Korshunov Andrey, Borkhardt Arndt, Reifenger Guido, Pouillet Patrick, D. Taylor Michael, Kool Marcel, M. Pfister Stefan, Kawauchi Daisuke, Barillot Emmanuel, Remke Marc, Ayrault Olivier (2018 Sep 10)

Aberrant ERBB4-SRC Signaling as a Hallmark of Group 4 Medulloblastoma Revealed by Integrative Phosphoproteomic Profiling

Cancer Cell : 34 : 379-395 : [DOI : 10.1016/j.ccell.2018.08.002](https://doi.org/10.1016/j.ccell.2018.08.002)

Année de publication : 2017

Alexandros Glentis, Philipp Oertle, Pascale Mariani, Aleksandra Chikina, Fatima El Marjou, Youmna Attieh, Francois Zaccarini, Marick Lae, Damarys Loew, Florent Dingli, Philemon Sirven, Marie Schoumacher, Basile G Gurchenkov, Marija Plodinec, Danijela Matic Vignjevic (2017 Oct 15)

Cancer-associated fibroblasts induce metalloprotease-independent cancer cell invasion of the basement membrane.

Nature communications : 924 : [DOI : 10.1038/s41467-017-00985-8](https://doi.org/10.1038/s41467-017-00985-8)

Gheghiani Lilia , Loew Damarys, Lombard Bérangère, Mansfeld Jörg, Gavet Olivier (2017 Jun 6)

PLK1 Activation in Late G2 Sets Up Commitment to Mitosis

Cell Reports : 19 : 2060-2073 : [DOI : 10.1016/j.celrep.2017.05.031](https://doi.org/10.1016/j.celrep.2017.05.031)

Guillaume Kellermann, Florent Dingli, Vanessa Masson, Daniel Dauzonne, Evelyne Ségal-Bendirdjian, Marie-Paule Teulade-Fichou, Damarys Loew, Sophie Bombard (2017 Mar 1)

Exploring the mechanism of inhibition of human telomerase by cysteine-reactive compounds.

FEBS letters : 591 : 863-874 : [DOI : 10.1002/1873-3468.12589](https://doi.org/10.1002/1873-3468.12589)

Sergio A Rincon, Miguel Estravis, Florent Dingli, Damarys Loew, Phong T Tran, Anne Paoletti (2017 Feb 7)



SIN-Dependent Dissociation of the SAD Kinase Cdr2 from the Cell Cortex Resets the Division Plane.

Current biology : CB : 534-542 : [DOI : 10.1016/j.cub.2016.12.050](https://doi.org/10.1016/j.cub.2016.12.050)

Yann Duroc, Rajeev Kumar, Lepakshi Ranjha, Céline Adam, Raphaël Guérois, Khan Md Muntaz, Marie-Claude Marsolier-Kergoat, Florent Dingli, Raphaëlle Laureau, Damarys Loew, Bertrand Llorente, Jean-Baptiste Charbonnier, Petr Cejka, Valérie Borde (2017 Jan 5)

Concerted action of the MutL β heterodimer and Mer3 helicase regulates the global extent of meiotic gene conversion.

eLife : [DOI : 10.7554/eLife.21900](https://doi.org/10.7554/eLife.21900)