

MS4Omics

Spectrométrie de masse pour les Omics
Mass spectrometry for Omics

La plateforme MS4Omics possède une solide expertise en protéomique bottom-up, top-down et dans le domaine de l'imagerie moléculaire par spectrométrie de masse pour des applications en biologie et en clinique. Ces expertises couvrent de nombreux domaines d'applications, de l'analyse d'échantillons cliniques (tissus, cellules, fluides biologiques), à l'agroalimentaire en passant par l'héritage culturel. Elle met à disposition des utilisateurs un ensemble d'équipements complémentaires ainsi que ses compétences dans le domaine et un savoir-faire unique et adapté aux questions posées, depuis les plus simples (identification de protéines provenant d'organismes entièrement séquencés) jusqu'aux plus complexes (quantification des variations, dynamique des modifications post-traductionnelles, identification de protéines de génomes non séquencés, étude des interactions protéine-protéine, imagerie MS...). La plateforme est ouverte aux laboratoires académiques, cliniques et industriels.

The MS4Omics platform has solid expertise in bottom-up, top-down proteomics and in the field of molecular imaging by mass spectrometry, for applications in fields of biology and health. The platform expertise is wide and spans from clinical analyses of tissues and biological fluids (e.g., plasma) to areas such as the food industry or the cultural heritage. It provides its users with a set of complementary equipment and relies on the unique expertise and know-how of its team to adapt to the need. The simplest questions (identification of proteins from fully sequenced organisms) as the most complex ones (quantification of variations, dynamics of post-translational modifications, identification of proteins of non-sequenced genomes, interactomics, MS imaging...), can be treated by MS4Omics. The platform is open to academic and clinical laboratories as well as to companies.

Compétences Skills

- Analyses protéomiques bottom-up et top-down grandes échelles
- Imagerie par spectrométrie de masse (MALDI, DESI) et profilage sur tissus frais congelés ou FFPE
- Analyses métabolomiques, lipidomiques & glycoprotéomiques
- Analyse Omics Spatiales
- Analyse des vésicules extracellulaires (dont exosomes)
- Analyse d'échantillons du patrimoine, archéologiques et paléontologiques ; échantillons cliniques et produits agroalimentaire
- Large scale bottom-up and top-down proteomics
- MS Imaging (MALDI, DESI) from fresh-frozen and FFPE tissues
- Metabolomics, lipidomics & glycoproteomics
- Spatially-Resolved Omics
- Extracellular Vesicles (including exosomes) purification and analysis
- Culture heritage, archeologic & palaeontologic and food products

Équipements Equipments

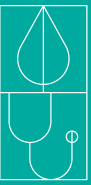
- Imagerie MALDI MS haut-débit : MALDI-TOF, RapiFlex Tissue Type , Bruker Daltonics
- In vivo et ex vivo MS par SpiderMass: ESI/REIMS-QTOF Xevo G2-XS, Waters

Mots-clés

Protéomique bottom-up et top-down, imagerie par spectrométrie de masse, métabolomique, lipidomique, glycoprotéomique, quantification, Multi-Omics, omics spatiales

Keywords

Large scale bottom up, and top down proteomics, mass spectrometry imaging, metabolomics, lipidomics, glycoproteomics, quantification, Multi-omics, spatially-resolved omics



- Imagerie DESI MS : ESI/DESI-QTOF incluant une séparation par mobilité ionique et mode ETD, SYNAPT G2S
- Protéomique non ciblée : LC-MS : NanoUHPLC Acquity nanoESI/QObitrap avec fragmentation HCD, QExactive, Thermo Fisher Scientific
- Protéomique non ciblée : NanoLC RSLC U3000 nanoESI Orbitrap Q Exactive Plus avec fragmentation HCD, Thermo Fisher Scientific (2014)
- Métabolomique et protéomique Top Down : NanoLC RSLC U3000 nanoESI/MALDI FT-ICR MS SolariX XR 9.4T avec fragmentation CID, ECD, IRMPD et ETD, Bruker Daltonics
- Traitement de données : 2 Serveurs Dell R920, 4 processeurs Xeon, 48 coeurs, 512 Gb de RAM, Windows and 1 data server DELL PowerEdge T430 RAID6 32 To pour le traitement bioinformatique
- High-throughput MALDI MS Imaging: MALDI-TOF, RapiFlex Tissue typer, Bruker
- In vivo and ex vivo MS by SpiderMass: ESI/REIMS-QTOF Xevo G2-XS, Waters
- Imagerie DESI MS : ESI/DESI-QTOF with ion mobility separation and ETD fragmentation, SYNAPT G2S, Waters
- Large-scale proteomics: LC-MS: NanoUHPLC Acquity nanoESI/QObitrap with HCD fragmentation QExactive, Thermo Fisher Scientific
- Large-scale proteomics: NanoLC RSLC U3000 nanoESI Orbitrap Q Exactive Plus with HCD fragmentation HCD, Thermo Fisher
- Métabolomique & Top Down proteomics: NanoLC RSLC U3000 nanoESI/MALDI FT-ICR MS SolariX XR 9.4T with CID, ECD, IRMPD and ETD fragmentation, Bruker Daltonics
- Data processing: 2 Dell R920 servers, 4 processors Xeon, 48 cores, 512 Gb RAM, Windows and 1 data server DELL PowerEdge T430 RAID6 32 To pour le traitement bioinformatique

Chiffres-clés Key figures

Pour 2020

- Nombre d'utilisateurs : 50
 - Nombre d'analyses : 5000
 - Nombre projets : 35 + 2 projets COVID
 - 200 To de capacité de stockage, 20 To de volumes stockés et 20 To de volumes traités
 - Publications : 10
 - ETP : 5
 - Unités de recherche : académiques (15), privés (5), européens (5), international (3)
 - Formation : 5 semaines au total environ pour les formations initiales de l'Université (Master Bioinformatique, Master ASC, Master CSV, L3 BCP et Biochimie)
 - 1 visite parcours d'excellence collège Jacques Monod Roubaix
 - Accueil de stage d'observation de 3ème et 2nde
 - Formation Imagerie MS proposée au catalogue de la FC
- Chiffres-clés (en anglais)

Collaborations Collaborations

Yale, Imperial College London

IBiSA Infrastructure Régionale en Biologie Santé, Proteomic Roadmap, Fédération de recherche FT-ICR (FR 3624), Horizon 2020 EU FT-ICR MS European Network of Fourier-Transform, Ion-Cyclotron-Resonance Mass Spectrometry Centers, Horizon 2020 Iperion-HS (Heritage Science), Réseau MS Imaging, GDR Imagerie MS

Tutelles et financeurs Trustees and funders

CHU de Lille, CNRS, Inserm, Université de Lille

Contact

 laboratoire-prism.fr/index.php/platforms/clic-imaging msap-lab.fr/proteomique
 ms4omics@univ-lille.fr