



## CHARTRE DES PLATEFORMES SOUTENUES PAR LE CANCEROPOLE ÎLE-DE-FRANCE

Dans le cadre du Contrat d'Objectifs et de Performances signé par l'Institut National du Cancer et le Cancéropôle Île-de-France le 10 juin 2015, il est prévu que le groupe de travail multi-institutionnel Plateformes définisse les critères des plateformes supportées par le Cancéropôle.

La signature de cette chartre par les organismes bénéficiaires du soutien du Cancéropôle est le préalable à ce soutien.

Le Cancéropôle Île-de-France soutient des plateformes localisées en région Île-de-France qui répondent aux critères fixés à l'article 2 afin de faciliter :

- l'ouverture de ces plateformes à d'autres institutions que celles où elles sont hébergées ;
- leur utilisation par les chercheurs franciliens impliqués dans la recherche contre le cancer.

### 1. IDENTIFICATION DE LA PLATEFORME

- Nom de la plateforme : **Plateforme Protéomique Structurale et Fonctionnelle de l'Institut Jacques Monod**
- Thématique : **Protéomique**
- Date de création ; durée prévue : **2009**
- Nom, prénom, fonction, mail du ou de responsables scientifiques : **Camadro Jean-Michel, DR1 CNRS, [jean-michel.camadro@ijm.fr](mailto:jean-michel.camadro@ijm.fr)**
- Nom, prénom, fonction, mail du ou de responsables technique : **Léger Thibaut, IR Univ Paris Diderot, [thibaut.leger@ijm.fr](mailto:thibaut.leger@ijm.fr)**
- Nom, prénom, fonction, mail du ou de responsables gestionnaires : **Sabouraud Valérie, Secrétaire generale de l'IJM, [valerie.sabouraud@ijm.fr](mailto:valerie.sabouraud@ijm.fr)**
- Adresses de contact : **Plateforme protéomique, Institut Jacques Monod, 15 rue Hélène Brion, 75013 Paris**
- Etablissement porteur : **CNRS**
- Le cas échéant, l'adresse de son site internet : **<https://www.ijm.fr/30/spectrometrie-de-masse.htm>**

### Critères scientifiques et technologiques

- Des explications claires sur la technologie (s) et ses applications :

Les prestations offertes sont les suivantes:

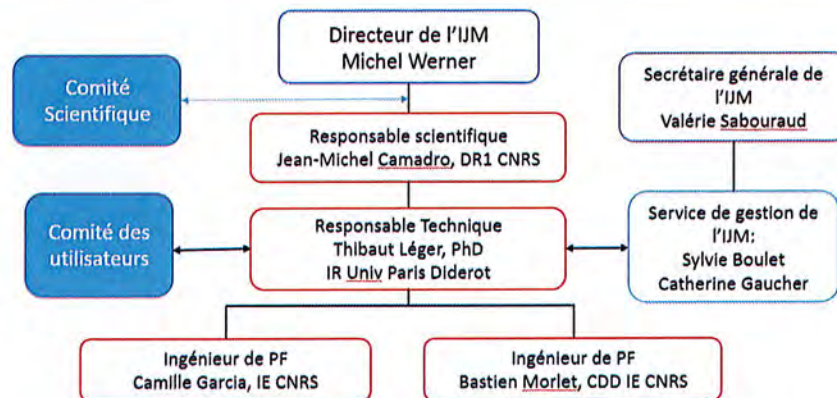
- Analyses protéomiques classiques (de type « Data Dependent Acquisition ») par des approches LC-MS/MS sur protéomes simples ou complexes
  - o Digestion protéolytique des protéines en gel ou en solution ; dessalage des peptides et analyses LC-MS/MS ; analyses bioinformatiques pour identification.

- Protéomique quantitative relative : SLIM-Labeling, Label-free, TMT, SILAC et dérivés
  - Développement de méthodes d'analyse en « Data Independent Acquisition » pour l'identification et la quantification de protéomes complexes.
  - Interactomique : caractérisation des complexes macromoléculaires (Co-IP, cross-linking)
  - Analyse des modifications post-traductionnelles des protéines : phosphoprotéomique, ubiquitylation, sumoylation avec ou sans enrichissement préalable
  - Protéomique Redox : analyse des modifications redox des thiols protéiques
  - Analyse de protéines intactes (Top-down proteomics)
  - Glycopeptidomique et analyse structurale et quantitative de glycanes (aminoxy-TMT) : digestion des glycanes par Endo-H ou PNGase F, séparation des oligosaccharides par chromatographie d'interactions hydrophiles (HILIC)
  - Caractérisation et validation de biomarqueurs
    - o Protéomique quantitative absolue : SRM ou PRM
  - Mise en œuvre sur site des ressources logicielles appropriées pour les différents projets : Mascot, Sequest, Peaks (identification), Progenesis Q1, MaxQuant (quantification label-free), Proteome discoverer (SILAC), Byonic (glycopeptidomics), Pinnacle (DIA), ProSight, TopPIC (Top-down proteomics)
  - Conseil et formation : définition préalable aux analyses des conditions de préparation des échantillons, aide à l'interprétation des données, formation aux méthodes et outils de la protéomique.
- Des critères concernant les caractéristiques des échantillons :  
La plateforme travaille sans aucune distinction sur tous les systèmes biologiques.
  - La définition des tâches et le rendu des résultats :  
Les ingénieurs de la plateforme assurent la digestion protéolytique des protéines en gel ou en solution le dessalage des peptides et les analyses LC-MS/MS ainsi que les analyses bioinformatiques pour l'identification des peptides/protéines.
  - La politique des publications (remerciements, authorship) :  
Les usagers de la plateforme s'engagent à remercier les ingénieurs de la PF. Lorsque leur contribution scientifique est déterminante pour le projets, il est demandé que les porteurs de projets prennent l'initiative de proposer une co-signature des projets
  - Le calcul des coûts :  
Grille tarifaire actuelle en 3 catégories : 1) CNRS et Université Paris Diderot, 2) Autres académiques et 3) secteur privé.  
Tarifs disponibles à : <https://www.ijm.fr/88/tarifs.htm>  
  
Démarche en cours pour le calcul des tarifs aux coûts complets.

## Renseignements administratifs

- Nombre et fonction des personnes affectées : 1 IR Univ Paris Diderot, 1 IE CNRS, 1 IE CDD CNRS
- Ressources : ressources propres sur facturation des prestations. Crédits d'équipement obtenus de la Région Ile-de-France, l'Université Paris Diderot, le CNRS, l'ITMO Cancer, le GIS IBiSA et le Cancéropôle Ile-de-France (1.4% du total)
- Organisation :

**Organigramme fonctionnel de la plateforme protéomique de l'Institut Jacques Monod**



- Labellisations, certifications (Ibisa, ...)/contrôle qualité mis en place :  
Labellisation IBiSA, certification iso9001 (certificat en cours de renouvellement)

## 2. CONDITIONS D'ACCES A LA PLATEFORME

- Pour les équipes de l'institution hôte :
- Pour les équipes académiques extérieures :
- Pour les industriels :

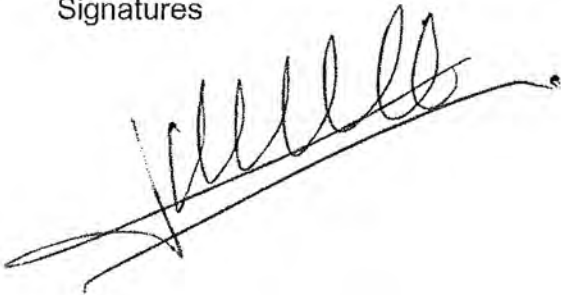
Pas de distinction entre les équipes. Ventilation de la charge de travail en fonction des disponibilités matérielles sur la plateforme.

**Accès privilégié aux lauréats des appels d'offres Emergence du  
Cancéropôle Île-de-France**

Les institutions hébergeant les plateformes soutenues par le Cancéropôle Île-de-France s'engagent à permettre un accès rapide à ces plateformes pour les lauréats des appels à projet Emergence du Cancéropôle dans des délais courts, leurs projets ne dépassant pas une durée de douze mois.

Fait à Paris, le 19 Avril 2018

Signatures



RESPONSABLE DE LA PLATEFORME

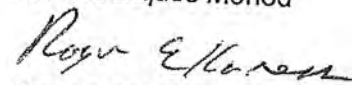
NOM, FONCTION

Jean-Michel Camadro, DR1 CNRS

REPRESENTANT LEGAL OU  
DELEGATAIRE

NOM, FONCTION

Le Directeur Adjoint  
De l'Institut Jacques Monod



**Roger KARESS**