

## Sujet stage M2 Sciences analytiques. Année 2018/2019

**Laboratoire d'accueil :** Laboratoire de Spectrométrie de Masse Bio-Organique de l'IPHC (LSMBO-DSA-IPHC, CNRS UMR 7178-Université de Strasbourg)  
<http://www.iphc.cnrs.fr/-Laboratoire-de-Spectrometrie-de-.html>

**Contact :** Pr Laurence SABATIER (laurence.sabatier@unistra.fr)

**Sujet :** Développement de méthodologies protéomiques pour le diagnostic de maladies vectorielles transmises par les tiques

### Description du projet :

L'analyse protéomique à haut débit permet actuellement d'identifier plusieurs milliers de protéines dans des échantillons biologiques (extraits de cellules, extraits de biopsies, extraits de fluides biologiques). Certaines stratégies protéomiques permettent également de détecter des protéines de manière spécifique et de les quantifier de manière relative ou absolue dans des échantillons complexes.

Au laboratoire, ces développements ont été appliqués avec succès à l'étude de la borréliose de Lyme (ou maladie de Lyme), qui est la maladie vectorielle la plus fréquente dans l'hémisphère nord et qui est due à la transmission de bactéries *Borrelia* par la tique *Ixodes*. Une approche diagnostique de la borréliose de Lyme par spectrométrie de masse ciblée a été développée et a permis de détecter des protéines bactériennes dans la peau <sup>[1][2]</sup>.

Nous désirons à présent étendre cette approche à d'autres maladies vectorielles transmises par les tiques et qui sont dues à d'autres pathogènes co-transmis par la tique au moment de la piqûre. Le stage consistera à identifier, par une approche protéomique globale, des protéines de ces autres pathogènes (*Anaplasma*, *Babesia*, TBEV) dans des biopsies cutanées, puis à développer une approche par spectrométrie de masse ciblée (SRM et/ou PRM) pour les détecter de manière plus sensible et spécifique.

Les méthodes analytiques utilisées au cours de ce stage seront la chromatographie liquide (nano-HPLC, micro-HPLC) et la spectrométrie de masse sur des instruments de type ESI-Q-Orbitrap, ESI-Q-TOF et ESI-QqQ.

### Références :

<sup>[1]</sup> Discovery and targeted proteomics on cutaneous biopsies infected by *Borrelia* to investigate Lyme disease. Schnell, G., Bœuf, A., Westermann, B., Jaulhac, B., Carapito, C., Boulanger, N., Ehret-Sabatier, L., Mol. Cell. Proteomics (2015) 14, 1254-1264

<sup>[2]</sup> Identification of *Borrelia* protein candidates in mouse skin for potential diagnosis of disseminated Lyme borreliosis. Grillon, A., Westermann, B., Cantero, P., Jaulhac, B., Voordouw, M.J., Kapps, D., Collin, E., Barthel, C., Ehret-Sabatier, L., Boulanger, N., Sci Reports (2017) 7(1):16719

Mots-clés : Spectrométrie de masse - Protéomique - Bioanalytique