

Développement et harmonisation d'approches protéomiques basées sur la spectrométrie de masse pour la détection de toxines bactériennes et de facteurs de virulence.

Poste d'Ingénieur de Recherche

Mots clés : spectrométrie de masse, protéomique, shotgun, MRM, Standard Operating Procedure

➤ Contexte et objectifs scientifiques

Le travail s'inscrit dans le cadre d'un projet européen OHEJP Tox-Detect (2018-2020) qui vise à développer de nouvelles approches pour mieux détecter et quantifier les toxines bactériennes et/ou des facteurs impliqués dans la virulence de bactéries toxigènes. Parmi ces approches figure la spectrométrie de masse (SM) qui, grâce à sa sensibilité, sa grande spécificité et la possibilité de quantifier, permet d'envisager la détection de toxines/facteurs de virulence dans des échantillons et la caractérisation du pathogène.

Trois bactéries pathogènes à l'origine de toxi-infection alimentaires sont étudiées : *Staphylococcus aureus*, *Bacillus cereus* et *Clostridium perfringens*. Trois plateformes (PF) de protéomique sont impliquées, chacune ayant en charge les développements méthodologiques sur l'un des trois pathogènes. La composante protéomique de la Plate-Forme d'Exploration du Métabolisme (PFEMcp) de l'INRA de Theix (Clermont-Ferrand) travaille spécifiquement sur *C. perfringens* et a pour objectif la mise au point d'une méthode « bottom up », par SM Haute Résolution, pour détecter l'une des principales entérotoxines (CPE) de ce pathogène à l'origine de gastroentérites. D'autres facteurs potentiellement impliqués dans la virulence pourront également être recherchés. La méthode, mise au point à partir de surnageants de culture, sera validée sur des échantillons contaminés artificiellement (aliments) et par des tests d'aptitude croisés entre les trois PF.

➤ Compétences recherchées

- Expérience avérée dans le domaine de la protéomique (préparation et analyse d'échantillons, identification des protéines en banques de données). Expérience pratique en spectrométrie de masse haute résolution couplée à la nano-chromatographie liquide. Une expérience sur des appareils de type OrbiTrap ou Q Exactive HF-X et sur des approches SRM/MRM serait un plus.
- Goût pour le travail collaboratif et interdisciplinaire (SM, Biochimie, Microbiologie, bioinformatique, Biostatistique) et pour concevoir des développements méthodologiques.

Formation : Doctorat, Ecole d'Ingénieur ou équivalent - biochimie, chimie analytique, microbiologie (facultatif)

Langue : bonne maîtrise de l'anglais oral et écrit

Structure d'accueil : UCA, INRA, UMR MEDiS et Plate-Forme d'Exploration du Métabolisme, composante protéomique (PFEMcp) – Site de Theix, 63122 Saint-Genès Champanelle

Date de prise de fonction souhaitée : septembre 2019

Durée : 12 mois

Contact : Michel Hébraud (michel.hebraud@inra.fr)

Candidature : Envoi d'un CV détaillé.

Date limite : 12 juillet 2019.

Salaires : environ 1880 € net mensuel (avant Prélèvement à la Source)