Formation en Protéomique

Intitulé de la formation: « Protéomique quantitative : approches ciblées basées sur l'analyse LC-MS/MS de type SRM/MRM »

Organisation:

- Infrastructure Nationale de Protéomique ProFI : Laboratoires EDyP à Grenoble, LSMBO à Strasbourg et IPBS à Toulouse. Intervenants de la formation : Benama Mohamed, Carapito Christine, Dalvai Florence, Ferro Myriam, Garrigues Luc, Hovasse Agnès, Opsomer Alisson, Vaca Sebastian, Schaeffer Christine
- Formation permanente du CNRS : DR10 Strasbourg

En parallèle des approches de protéomique globale (de type « shotgun ») qui permettent aujourd'hui d'identifier et de quantifier de manière relative des milliers de protéines, les approches de protéomique ciblée connaissent un essor important depuis quelques années. Ces approches ciblées exploitent en particulier la possibilité de quantification précise et absolue offerte par les couplages LC-MS/MS opérés en mode SRM/MRM en combinaison avec l'utilisation de protéines/peptides standards isotopiquement marqués. Ces approches sont notamment préconisées dans le domaine de la vérification/validation de biomarqueurs de pathologie.

Objectifs de la formation et Descriptif du contenu:
Cette formation sera dédiée à la mise au point de méthodes de quantification ciblée de protéines par LC- MS/MS de type SRM/MRM. Elle comprendra une partie théorique et une partie pratique, avec manipulation sur le couplage LC-MS/MS et prise en main des outils logiciels de traitement des données. Les points suivants seront couverts par la formation :
-Théorie/état de l'art sur la quantification ciblée de peptides/protéines par LC-SRM-MS/MS : préparation des échantillons, choix des peptides à cibler, utilisation de différentes configurations de spectromètres de masse, différents types de peptides et protéines (Crude peptides, AQUA peptides, QconQAT, PSAQ, …) standards disponibles pour une quantification relative et absolue des protéines
-Mise au point d'une méthode pour la quantification de protéines standards (UPS1) diluées dans une matrice protéique complexe (sélection des peptides protéotypiques/sélection des transitions/optimisation des paramètres instrumentaux, …)
-Utilisation du logiciel Skyline pour la préparation de méthodes et le traitement des données
-Traitement quantitatif des données : courbes de calibration, détermination des LOD/LOQ, …

Date de la formation: Lundi 2 décembre au jeudi 5 décembre 2013

Durée de la formation: 4 jours

Nombre de places: 10 places

Public visé:
Etudiants/Ingénieurs/Chercheurs des laboratoires et des plate-formes d'analyse protéomique ayant une connaissance théorique et une expérience pratique préalables de l'analyse de peptides/protéines par LC-MS/MS.

Lieu:
Site Strasbourgeois de l'Infrastructure Nationale de Protéomique

Laboratoire de Spectrométrie de Masse Bio-Organique (LSMBO)
Institut Pluridisciplinaire Hubert Curien (IPHC)
ECPM Bâtiment R5 Niveau 0
25, Rue Becquerel
67087 Strasbourg

Coordonnées du contact-référent :
Christine Carapito : ccarapito@unistra.fr
Tél : ++ 33 (0)3 68 85 26 81 Fax : ++ 33 (0)3 68 85 27 81

Christine Schaeffer : Christine.schaeffer@unistra.fr
Tél : ++ 33 (0)3 68 85 27 79 Fax : ++ 33 (0)3 68 85 27 81

Modalités d'inscription : envoyer la fiche d'inscription jointe remplie à formation@alsace.cnrs.fr