

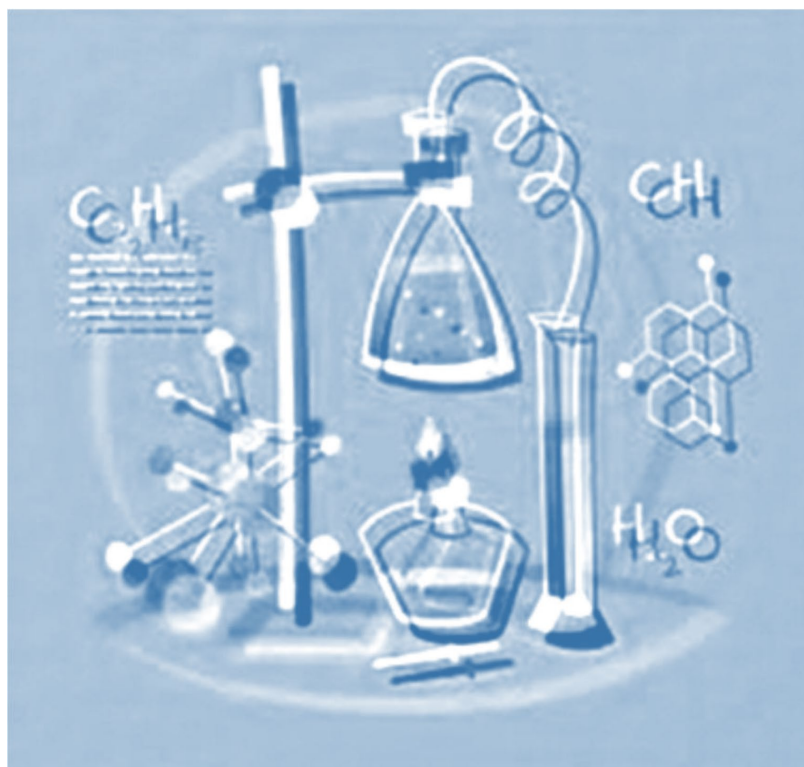
Spectrométrie de masse pour l'analyse de molécules biologiques

université
PARIS-SACLAY

FACULTÉ
DES SCIENCES
D'ORSAY

Direction des Relations avec les Entreprises

CNRS FORMATION
ENTREPRISES



Formation Continue & VAE

Se former tout au long de la vie

OBJECTIFS

Etre capable d'analyser des biomolécules, notamment en prenant en compte les spécificités applicables aux grandes classes de molécules (protéines et peptides, oligosaccharides, métabolites, molécules structurales)

RESPONSABLE

Frédéric HALGAN

Enseignant chercheur
Université Paris-Saclay

frederic.halgan@universite-paris-saclay.fr

CONTACT INSCRIPTION

Chantal ROULET

Gestionnaire administrative

stages-fc.sciences@universite-paris-saclay.fr

LIEU

Campus Orsay

ORGANISATION

6 à 10 stagiaires

METHODES PEDAGOGIQUES

Cours théoriques, travaux pratiques

TARIF

2000 €.

1600 € Organisme de la fonction publique (EPIC, EPST)

Financement par l'employeur

1000 € Personnel de l'Université Paris-Saclay

Les tarifs ne sont pas assujettis à la TVA

DATE ET DUREE DU STAGE

19/05/2025 au 22/05/2025

4 jours – 26 heures

**Date butoir pour les inscriptions
au plus tard 15 jours avant le
démarrage de la session**

Stage réalisé en partenariat avec
le CNRS Formation Entreprises

PUBLIC

Techniciens, Ingénieurs et chercheurs utilisateurs
ou futurs utilisateurs de la spectrométrie de masse

PREREQUIS

Aucun

PROGRAMME

1er Jour :

Rappel des bases de la spectrométrie de masse : mesure de masse, diversité de l'instrumentation, principaux analyseurs, choix d'une instrumentation adaptée.

Sources d'ionisation pour l'analyse de biomolécules : ESI, APCI, MALDI

Analyse de peptides par spectrométrie de masse

TP : analyse de peptides et protéines sur un instrument de type Q-TO

2ème Jour :

- Rappel des échantillons : précautions et généralités.
NB : cet aspect du programme fera l'objet d'une journée de formation dédiée.

- Analyse de métabolites par spectrométrie de masse : approches ciblées ou globales (métabolomique)

TP : analyse de métabolites par GC-MS

3ème Jour :

- Principes guidant la fragmentation des molécules biologiques : modèle du proton mobile et application à la fragmentation des peptides, oligosaccharides et oligonucléotides.

- Imagerie moléculaire de biomolécules

- Analyse d'oligosaccharides par spectrométrie de masse,

- Analyse de protéines par spectrométrie de masse : étude de complexes en conditions natives, séquençage par approches top-down

4ème Jour :

- Mobilité ionique couplée à la spectrométrie de masse

- Approches quantitatives et analyses statistiques des données de spectrométrie de masse TP : séquençage de peptides

- Table ronde et bilan avec les participants