

Journées de l'Axe Protéomique

2 jours dédiés aux activités et technologies
de l'Axe Protéomique de Biogenouest

Mardi 10 décembre - 9h30/17h



Programme de la journée scientifique de l'Axe Protéomique :

9h30 10h15	Accueil des participants
10h15 10h45	Présentation des plates-formes de l'axe : équipe, équipements, technologies et activités. Par <i>Emmanuelle Com</i> et <i>Pierre Weigel</i> .
CONFERENCE	
10h45 11h30	« Approches pour l'étude des interactions protéines-protéines » Par <i>Marc Bonneu</i> - Plateforme Protéome, Centre de Génomique Fonctionnelle Bordeaux, Université Bordeaux Segalen.
11h30 12h00	« Mise au point de puces à protéines pour l'étude de la spécificité anti-infectieuse des immunoglobulines monoclonales de patients atteints de myélome ». Par <i>Delphine Feron</i> - Institut de Recherche en Santé de l'Univ. de Nantes (IRS-UN).
12h00 12h30	« Comparaison des réponses à la microcystine et au Round-up de 2 espèces de moules d'eau douce » Par <i>Mélodie Malécot</i> - UMR 6553- Ecobio, équipe RBPE, Université Rennes 1.
12h30 14h00	Buffet déjeunatoire
CONFERENCE	
14h - 14h45	“Use of SPR and SPRI to build interaction networks Application to the extracellular matrix”. Par <i>Sylvie Ricard-Blum</i> - UMR 5086 CNRS - Université Lyon 1
14h45 15h15	« Etude des étapes initiales induites par le récepteur CD95 ». Par <i>Doriane Sanséau</i> - INSERM U1085, IRSET, Rennes.
CONFERENCE	
15h15 16h00	« Protéome urinaire et son intérêt pour la recherche de biomarqueurs de pathologies » Par <i>Magali Court</i> - EDyP, Laboratoire de Biologie à grande échelle, Inserm U1038/CEA/UJF, Grenoble
16h00 16h30	« Principe et exemple d'application de la technologie BRET (Bioluminescence Resonance Energy Transfer) ». Par <i>Fabien Gautier</i> - INSERM U1085, IRSET, Rennes.
16h30 17h00	Discussion et clôture

Lundi 9 décembre - 14h/18h

Salle E007
ISTIC
Bâtiment 2B
Campus de Beaulieu
Université de
Rennes I

Atelier de préparation* à la journée scientifique
de la plateforme protéomique Biogenouest (10 participants maximum) :

« De l'identification de protéines par spectrométrie de masse à la manipulation et l'interprétation des données de protéomique »

Les principaux outils utilisés en protéomique reposent sur la spectrométrie de masse. Cet atelier, organisé sous la forme de travaux dirigés, apportera les notions nécessaires à la compréhension du fonctionnement des spectromètres de masse actuellement utilisés. Les méthodes d'identification de protéines seront détaillées, depuis l'établissement de cartes peptidiques massiques par spectrométrie MALDI, jusqu'au séquençage peptidique par spectrométrie de masse en tandem. Seront également abordés les outils informatiques disponibles (Mascot, ProteinDiscoverer, Sequest...), les bases de données et leurs formats, de même que les standards de publication des résultats au format MIAPE.

** Cet atelier est destiné aux personnes souhaitant participer à la journée scientifique du 10 décembre 2013 et n'ayant aucune connaissance de la protéomique.*



Inscription gratuite mais obligatoire
sur le site de la plate-forme protéomique
Biogenouest :
<http://proteome.genouest.org>

Ces journées scientifiques ont lieu tous les ans et sont organisées avec le soutien financier de Biogenouest.