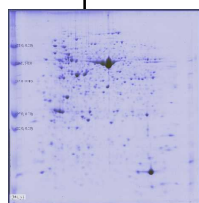
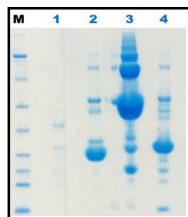


Guide de préparation d'échantillon pour la spectrométrie de masse

1. Electrophorèse

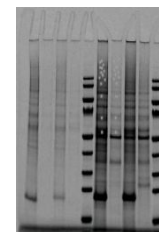
Dans votre laboratoire

Travaillez si possible avec du matériel dédié (plaques et boîte de coloration)
Colorez avec des solutions compatibles masse
Bleu G250 > bleu R250
Silver mass compatible
Sypro ruby
Épaisseur : entre 0.75 et 1mm



Service de protéomique

Echantillons précieux : IP,
Utilisez les gels précoulés
gel gradient 4-12% invitrogen
disponibles sur réservation
Épaisseur 1mm



2. Découpage

Manuel

Découpez au plus près de la bande
Conditionnement dans tube eppendorf (stock -20°C)

Automatique

(non facturé pour les partenaires)
1.5 mm de diamètre
Conditionnement en microplaques 96



Robot
exquest
Biorad

Microplaque d'échantillon 96
Plaque N°2010_6

+
Remplir le formulaire excel d'analyse 2011

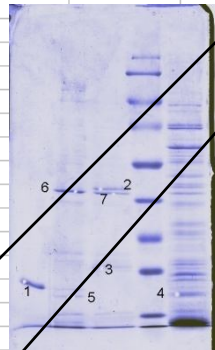
Paramètres de « Traçabilité d'échantillons » :
-stockage de résultats
-Par année de réalisation
-Par microplaque 96 : position dans la plaque n° 2010_x
-Par fichier excel « analyses protéomiques »



Keratine contamination

Formulaire d'analyse 2011

Demande d'analyses proteomiques	
Date :	
Nom	Bonnard
Prénom	Geraldine
Equipe	Bonnard
Unité	IBMP
Echantillons	
Nom	Précisez dans le tableau MS le nom des échantillons et MW/PI expérimentaux
Format de l'échantillon	
<input checked="" type="checkbox"/>	gel 1D SDS PAGE
<input type="checkbox"/>	gel2D
<input type="checkbox"/>	gel1D natif
<input type="checkbox"/>	autre
Methode de coloration	
<input type="checkbox"/>	bleu colloidal
<input checked="" type="checkbox"/>	bleu R250
<input type="checkbox"/>	argent
<input type="checkbox"/>	sypro ruby
<input type="checkbox"/>	autre
Type d'analyse (voir descriptif dans l'onglet facturation)	
"haut débit"	
<input checked="" type="checkbox"/>	Identification à partir de bande 1D et 2D
<input checked="" type="checkbox"/>	Contrôle de protéine recombinante Trypsine (collez la séquence + tag dans l'onglet Theoretical digest)
<input type="checkbox"/>	Contrôle de protéine recombinante autre enzyme (prédiction de coupure avec le logiciel peptidmass :)
	<input type="checkbox"/> AspN
	<input type="checkbox"/> GluC
	<input type="checkbox"/> LysC
"bas débit"	
<input type="checkbox"/>	Recherche de site de clivage
<input type="checkbox"/>	PTM
<input type="checkbox"/>	autre
Copiez toute information utile pour défricher l'analyse	
Etude de faisabilité préalable + échantillons visibles bleu indispensable.	
Identification :	
Séquence	
<input checked="" type="checkbox"/>	Précisez : Human, Drosophila, Arabidopsis, etc... Arabidopsis
Non séquencé	

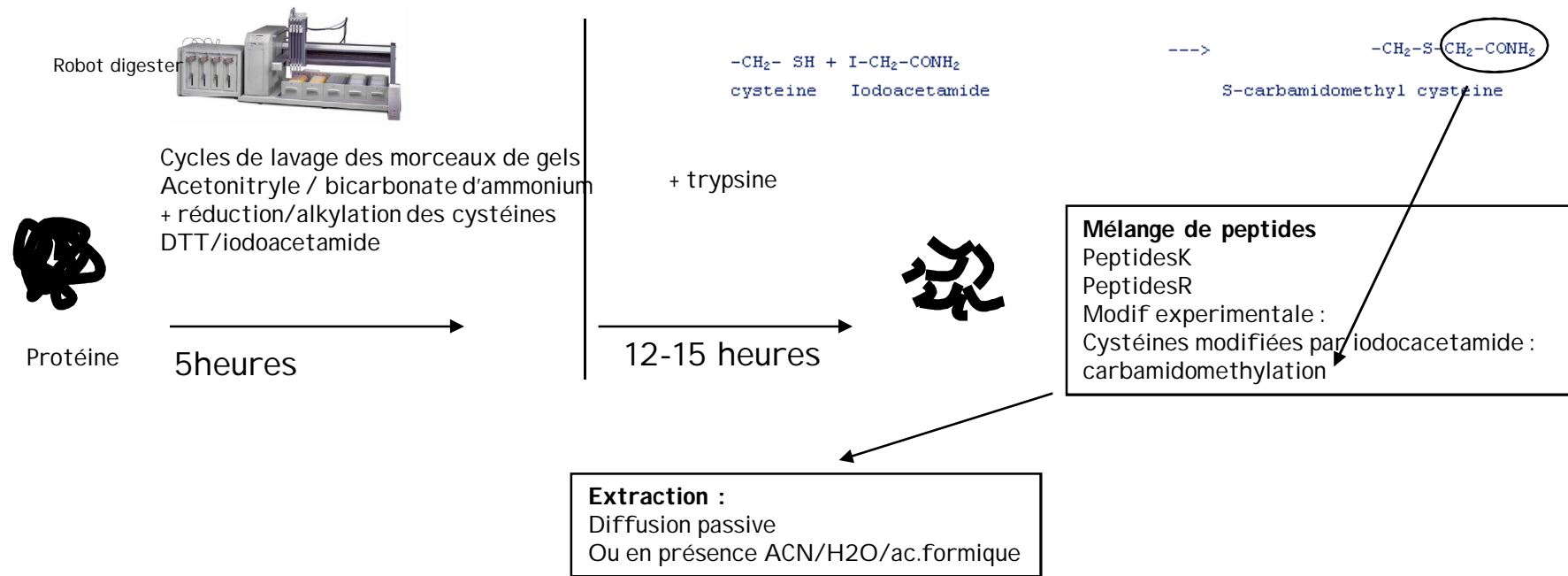


A compléter et à envoyer par mail au service

Onglet MS : remplir les noms d'échantillons

Onglet Theoretical digest :
Coller votre séquence + tag

Digestion enzymatique « in gel »



Option : analyse de protéines recombinantes

- Stratégie de recouvrement maximal
- Digestion avec d'autres enzymes : AspN, LysC, ArgC, Chymotrypsine (coût plus élevé)
- Digestion liquide possible en fonction de la pureté

Prédiction de masses de peptides issus de clivage enzymatique, tenant compte de la gamme de masse observée

<http://expasy.org/tools/peptide-mass.html>

Entrez votre séquence en AA
 Modif : cysteine treated with iodoacetamide with methionines oxidized
 MH+ Gamme de masse 750-4000 da (MALDI)

Perform ↓

Liste de masse et visualisation du recouvrement peptidique