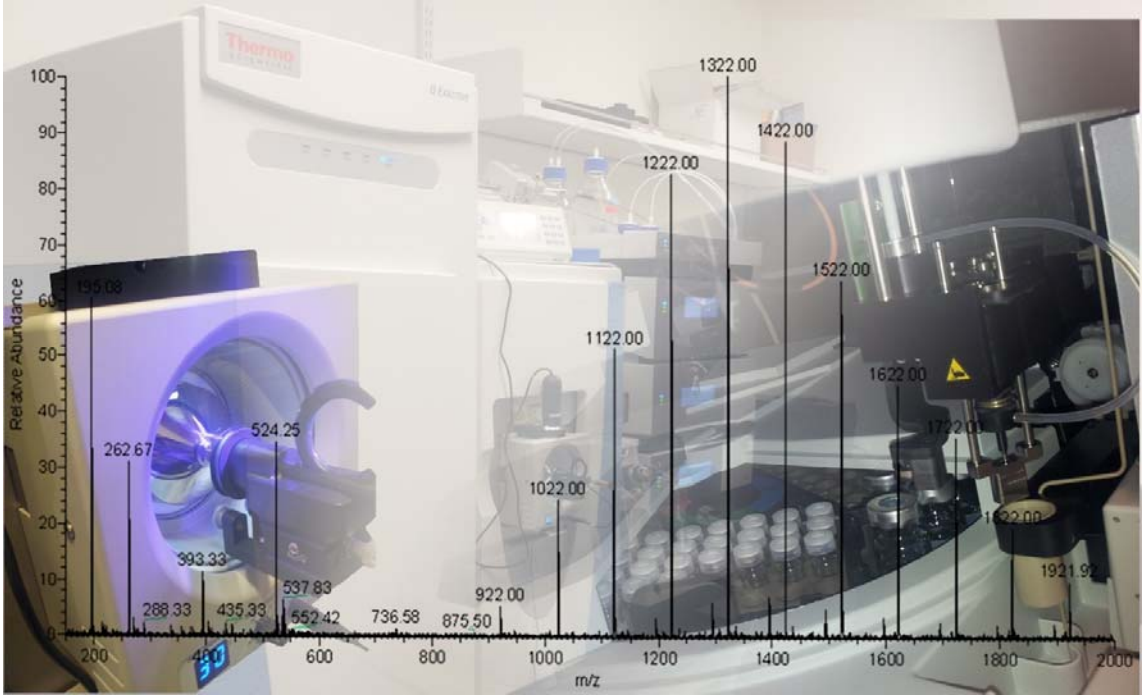
PLATEFORME DE PROTÉOMIQUE

Pour l'identification et la quantification de protéines



La plateforme de protéomique de l'Université de Sherbrooke offre un large éventail de services de spectrométrie de masse pour toute la communauté de recherche. Les principales applications sont l'identification de protéines purifiées, de protéines dans des échantillons complexes et de modifications post-traductionnelles ainsi que l'utilisation de méthodes de protéomique quantitative (label-free, SILAC, iTRAQ). Nous offrons les services complémentaires de digestion tryptique en gel et en solution, la préparation et dessalage d'échantillons par ZipTips, ainsi que le support bio-informatique pour la recherche et quantification des protéines. Il est aussi possible de se procurer les réactifs nécessaires pour toutes les étapes des expériences. Le personnel de la plateforme met son expertise directement à la disposition du client pour le design, l'exécution et l'analyse des expériences.

Services offerts

- Préparation des échantillons
  - Réduction, alkylation et Novex SDS-Page
  - Digestion tryptique (en gel et en solution)
  - Dessalage par ZipTips
- Identification de protéines
  - Analyse par nanoLC-MS/MS sur OrbiTrap
  - Identification par MaxQuant et/ou Proteome Discoverer
- Protéomique quantitative
  - Label-free
  - SILAC
  - iTRAQ

UNIVERSITÉ DE SHERBROOKE

Plateforme de Protéomique
Université de Sherbrooke
3201 rue Jean-Mignault • Sherbrooke, Qc, Canada, J1E 4K8
Courriel: *fm.boisvert@usherbrooke.ca* ***t*** (819) 820-6868 Ext.75430