



Formation Inter-régionale CNRS-Inserm-INRA

Ecole chercheur : protéomique et étude des modifications post-traductionnelles

Fiche d'inscription disponible à :

<http://www.supagro.fr/enquetes19/index.php?sid=43815&lang=fr>

Date limite d'inscription, le 15 avril 2016

Présentation

La modification post-traductionnelle (MPT) des protéines qui correspond à l'addition ou le retrait de groupes chimiques sur de nombreux acides aminés représente un mécanisme crucial dans la régulation cellulaire. Aujourd'hui, plusieurs centaines de MPTs sont répertoriées, affectant la grande majorité des protéines cellulaires, induisant ainsi une diversité de formes protéiques (aussi appelées protéoformes).

Les MPTs changent les propriétés physicochimiques des protéines et peuvent ainsi modifier leurs fonctions cellulaires, leurs interactions protéiques et parfois se comporter comme de véritables interrupteurs moléculaires modifiant profondément la régulation cellulaire. De plus, les MPTs d'une protéine donnée peuvent conduire à des fonctions très spécifiques et distinctes basées sur des dialogues entre ces MPTs. L'étude des MPTs et de leur dynamique est un domaine de plus en plus accessible grâce aux nouvelles méthodes de protéomique. Néanmoins, ces méthodes présentent de nombreuses difficultés techniques.

Cette formation a pour but de fournir une vue d'ensemble théorique et pratique de techniques de pointe incluant la préparation des échantillons, les méthodologies spécifiques de spectrométrie de masse ainsi que l'utilisation d'outils bioinformatiques, pour la caractérisation de MPTs, comme la phosphorylation, l'acétylation, la glycosylation et leur « cross-talk » pour contrôler les mécanismes de dynamique cellulaire.

Objectifs de la formation

La formation permettra aux participants d'acquérir des connaissances approfondies en protéomique appliquée à l'analyse et l'étude des MPTs et d'avoir une vision générale des performances et des limites des approches et technologies disponibles.

Publics et Pré-requis

Prioritairement : agents chercheurs, post-docs et ITA des organismes CNRS – INSERM – INRA, sous réserve de la prise en charge des frais de transport, hébergement et formation par leurs organismes.

- Secondairement : personnels non rémunérés par les organismes et travaillant dans des laboratoires, y compris étudiants
- Personnels du secteur privé

Frais d'inscription

- Pour les personnels rémunérés par l'Inserm, le CNRS ou l'INRA : **600 euros** net de taxe
Merci de contacter votre service formation et le responsable de votre unité pour obtenir les prises en charges financières
- Pour les personnels d'autres EPST ou académiques (non rémunérés ou non pris en charge par les 3 organismes) : **600 euros** net de taxe
Merci de prendre contact avec valerie.menetrier@supagro.inra.fr
- Pour les personnels d'autres structures (entreprises privées, fondations,...) **2000 euros** net de taxes
Merci de prendre contact avec valerie.menetrier@supagro.inra.fr

Ces coûts comprennent, l'inscription, la restauration et l'hébergement sur le lieu de l'école chercheur mais ne comprennent pas les coûts de transport pour vous y rendre

Nombre de participants : 70

Dates : du Mardi 14 juin 2016 (accueil à partir de 11h) **au vendredi 17 juin 2016** 14h (repas de midi inclus)

Lieu : le Lazaret - Sète (34) <http://www.lazaretsete.com/>

Comité d'organisation

Les scientifiques

Luc Camoin, Pierre Edouard Bougis (Marseille Protéomique, Marseille)
Serge Urbach, Véronique Santoni (Pole Protéome Montpellier, Montpellier)
Odile Schiltz, Carine Froment (IPBS, Toulouse)
Myriam Ferro, Delphine Pflieger (EDyP, CEA/Grenoble)

Les services formation permanentes

Marie-Laure Olive, Bénédicte Terrier, Laurence Doumenc et Sabrina Rety (FP Inserm)
Christophe Lebègue (FP INRA Montpellier)
Sylvie Cabal et Anne Marie Bergé (FP CNRS)

La date limite d'inscription est fixée au 15 avril 2016

La sélection des candidats aura lieu le 3 Mai 2016

Programme

14 au 17 Juin 2016

Jour 1 ; 1^{er} demi-journée

| | | |
|---------------|--|-------------------------------|
| 14h00 – 14h15 | Introduction | (Luc Camoin) |
| 14h15 – 14h45 | Importance des PTM en biologie | (Caroline Cieniewski-Bernard) |
| 14h45 – 15h30 | Workflow d'analyse des PTM | (Myriam Ferro) |
| 15h30 – 16h00 | Prédiction, motifs consensus, bases de données | (Luc Camoin) |
| | <i>Pause</i> | |

SESSION PHOSPHO

| | | |
|---------------|--|------------------------|
| 16h30 – 17h15 | Enrichissement des phosphopeptides | (Sonia Hem) |
| 17h15 – 18h00 | Modes de fragmentation des phosphopeptides | (Carine Froment) |
| 18h00-18h30 | Discussion | (Odile + intervenants) |

Jour 2 ; 2^{ème} demi-journée

| | | |
|---------------|--|---------------------------------------|
| 08h30 – 9h15 | Identification et localisation grande échelle | (Anne Gonzalez) |
| | Les outils, les logiciels PhosphoRS, Mascot, MaxQuant... | |
| 09h15 – 10h00 | Quantification, Dynamique et cinétique | (Marie Locard) |
| | <i>Pause</i> | |
| 10h30 – 12h30 | Atelier étude de spectres | (Franck Vandermoer et Carine Froment) |

Jour 2 ; 3^{ème} demi-journée

| | | |
|---------------|--|---------------------|
| 14h00 – 14h45 | Application, Analyse phospho large échelle | (Michel Zivy) |
| 14h45 – 15h30 | Application, Analyse ciblée des phosphos | (Véronique Santoni) |
| | <i>Pause</i> | |

SESSION SUCRE

| | | |
|---------------|--|-------------------------------|
| 16h00 – 16h45 | Analyse des O-Glyco en général, et exemple click chemistry et GlcNac | (Caroline Cieniewski-Bernard) |
| 16h45 – 17h30 | Analyse des N-Glyco - Présentation générale | (Thibaut Leger) |
| 17h30 – 18h15 | O-Glyco mannose, le manoprotéome | (Michel Rivière) |

Jour 3 ; 4^{ème} demi-journée

SESSION UBIQUITINE et ubiquitine-like

| | | |
|---------------|--|----------------------|
| 08h30 – 09h00 | Méthodes d'identification d'Ubiquitination, Sumoylation, Neddylation | (Serge Urbach) |
| 9h00 – 09h30 | Application à la Neddylation | (Aymeric Bailly) |
| 09h30 – 10h00 | Application Ubb, Cofradic et ubiquitylation | (Pieter-jan De Bock) |
| | <i>Pause</i> | |

SESSION AUTRES PTMs

| | | |
|---------------|--------------------------|----------------------|
| 10h30 – 11h15 | N-terminome | (Willy Bienvenu) |
| 11h15 – 12h00 | Acetylome non N-terminal | (Pieter-jan De Bock) |

Jour 3 ; 5^{ème} demi-journée

14h00 – 14h45 Methylome

(Fernando Corrales)

14h45 – 15h30 Redox/Oxydation

(Joëlle Vinh)

Pause

16h00 – 16h30 Carbonylation

(Fernando Ariel Martin)

16h30 – 17h00 Myristoylation et palmytoylation

(Wojciek Majeran)

17h00 – 18h00 Table ronde autour des méthodes
d'enrichissement des PTMs

(Serge Urbach & Sonia Hem)

Jour 4 ; 6^{ème} demi-journée

SESSION FINALE

09h00 – 10h00 Top-down et étude des PTMs (Julia Chamot-Rooke)

Pause

10h30 – 11h30 Multi-PTM & modifications non-anticipées

(Delphine Pflieger)

11h30 – 12h15 Conclusion - Debriefing