



Samy Achaibou

Etudiant en licence double diplôme science de la vie-
informatique
Université de Paris-Saclay/UVSQ

Responsables de la plateforme

Stanislas Grassin-Delyle
Elodie Lamy
Nicolas Hunzinger

1-Contexte historique

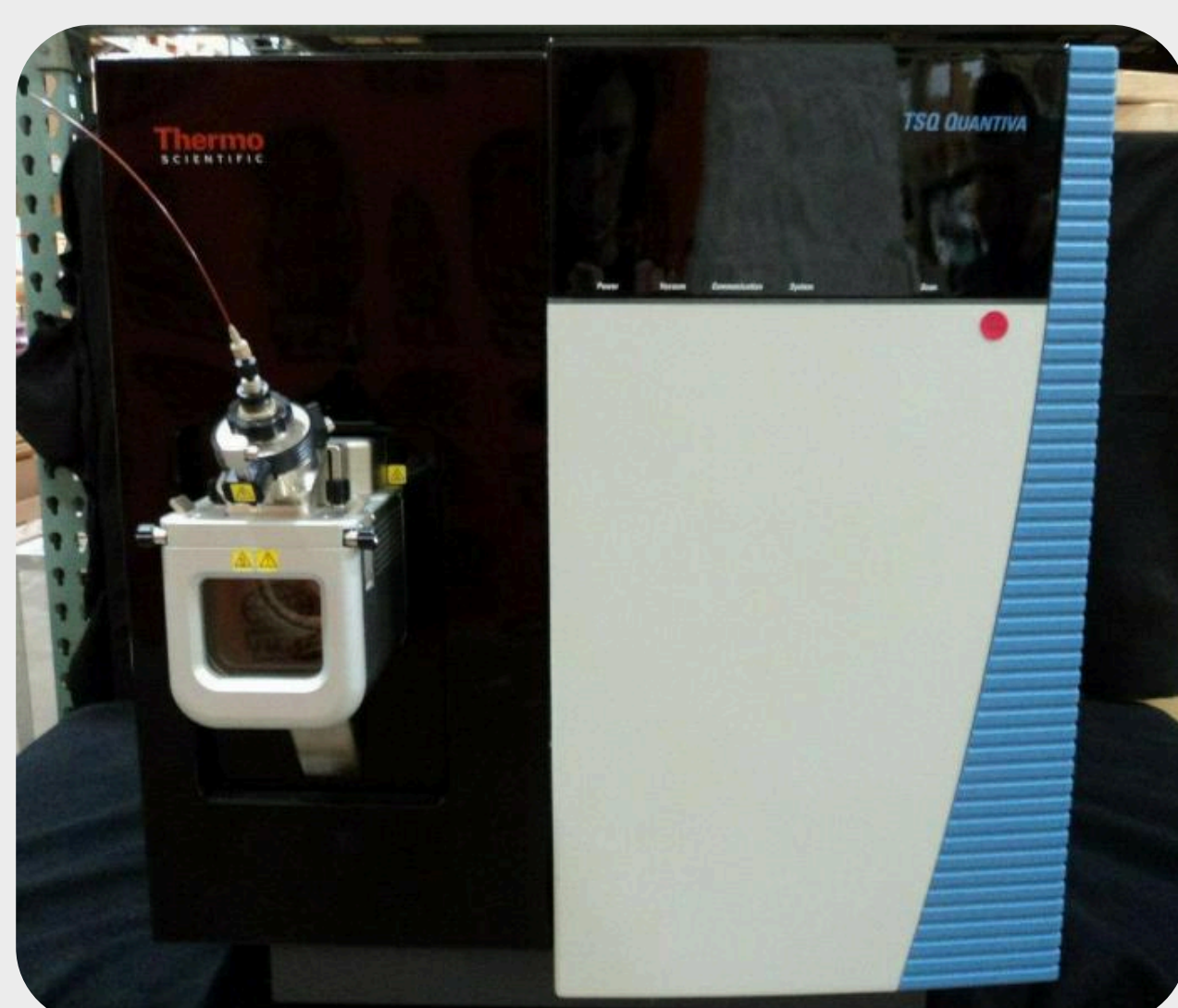
La spectrométrie de masse a été développée au début du XXe siècle par J.J. Thomson pour mesurer le rapport masse/charge des particules. Aujourd'hui elle est utilisée pour quantifier et identifier précisément des molécules.

2-Outils utilisés

Application ciblée

Quantiva

Element XR



Quantification de
petites molécules

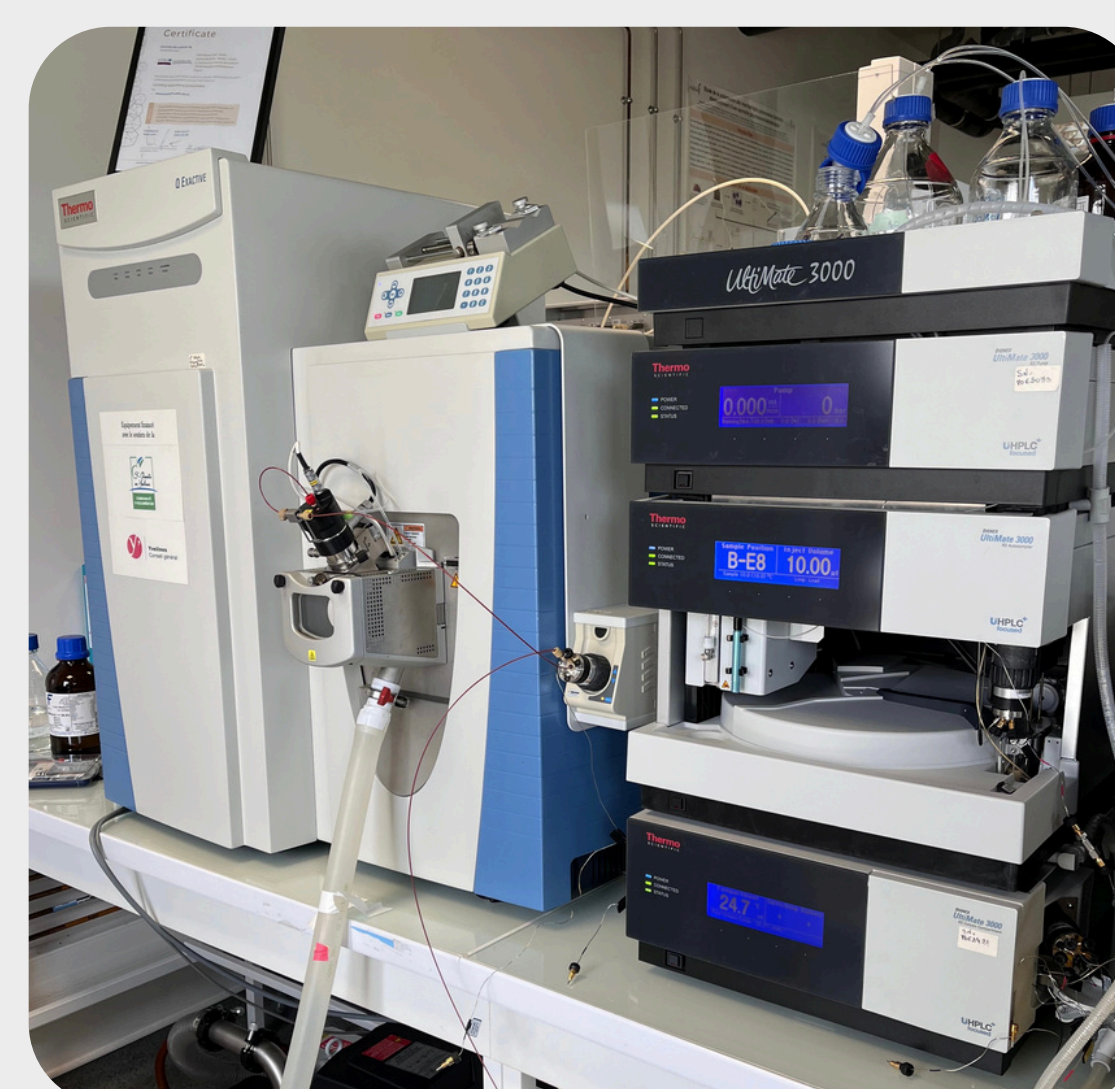


ICP-HRMS: quantification
de métaux

Application non ciblée

Q-Exactive

BT4D



LCP-HRMS: Identification
de métabolites



GC×GC-TOF : Analyse
de composés volatils

3-Traitement de données

Préparation des données :

changement de format
.raw → .mzML

Récupération de l'information :

obtention d'une table
de pics

Conservation de l'information pertinente :

obtention d'une table
de pics analysable

4-Projet RECORDS : sepsis

- **Le sepsis** : réponse inflammatoire généralisée associée à une infection grave. Il survient lorsque le système immunitaire réagit de façon extrême à une infection, entraînant une dysfonction d'organe.
- **Approche** : les chercheurs se penchent sur l'étude du devenir d'un médicament dans l'organisme en utilisant du plasma humain.
- **Objectif** : connaître la dose idéale de médicament à administrer selon le poids, l'âge ou le sexe.
- **Exemple de résultat** : Profil pharmacocinétique après administration orale (concentration en TXA en fonction du temps).

