

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

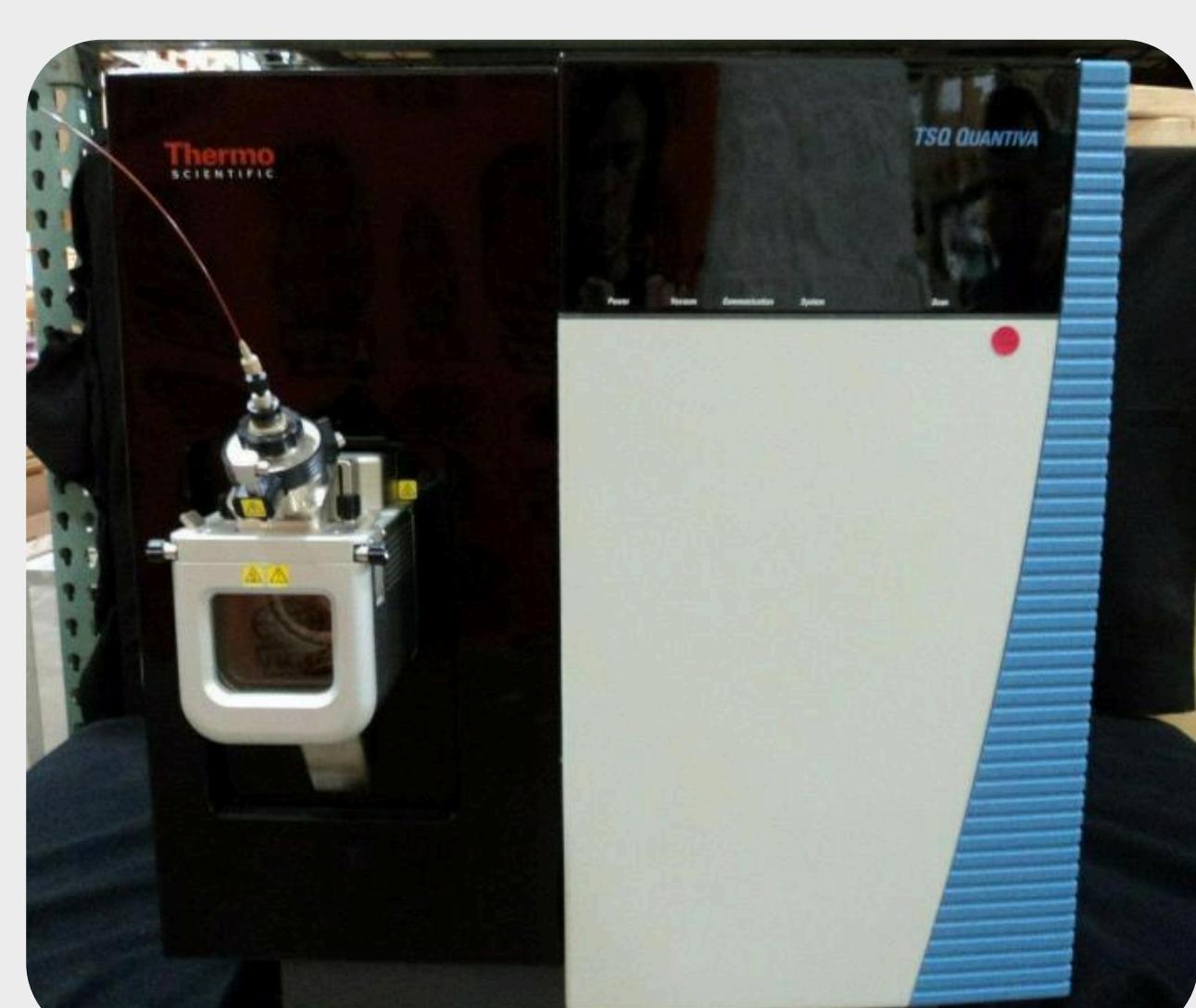
1-Contexte historique

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



Quantification de petites molécules

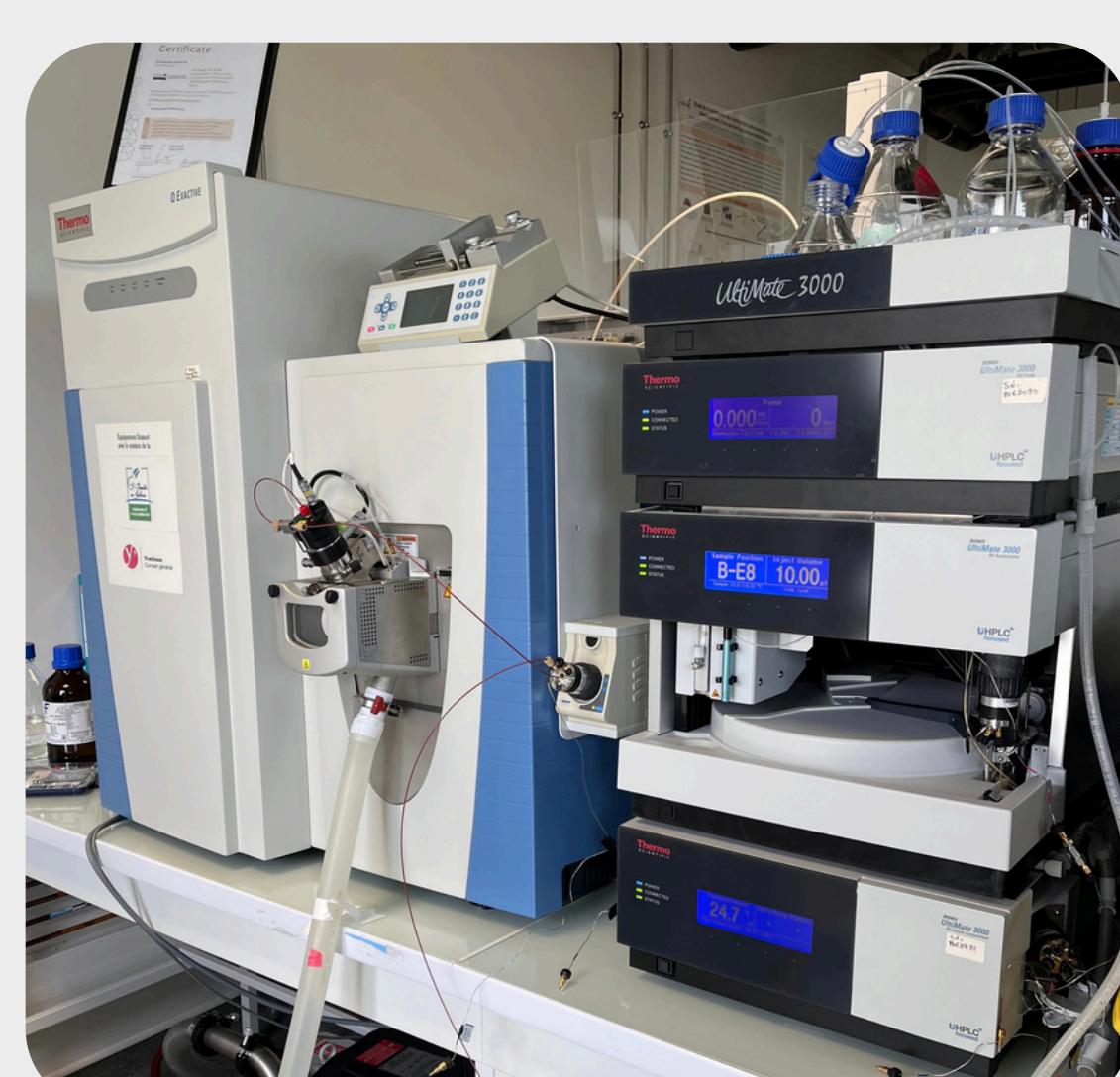
Element XR



ICP-HRMS: quantification de métaux

Application non ciblée

Q-Exactive



LCP-HRMS: Identification de métabolites

BT4D



GCxGC-TOF : Analyse de composés volatils

3-Traitement de données

Préparation des données :

changement de format
.raw → .mzML

- **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.

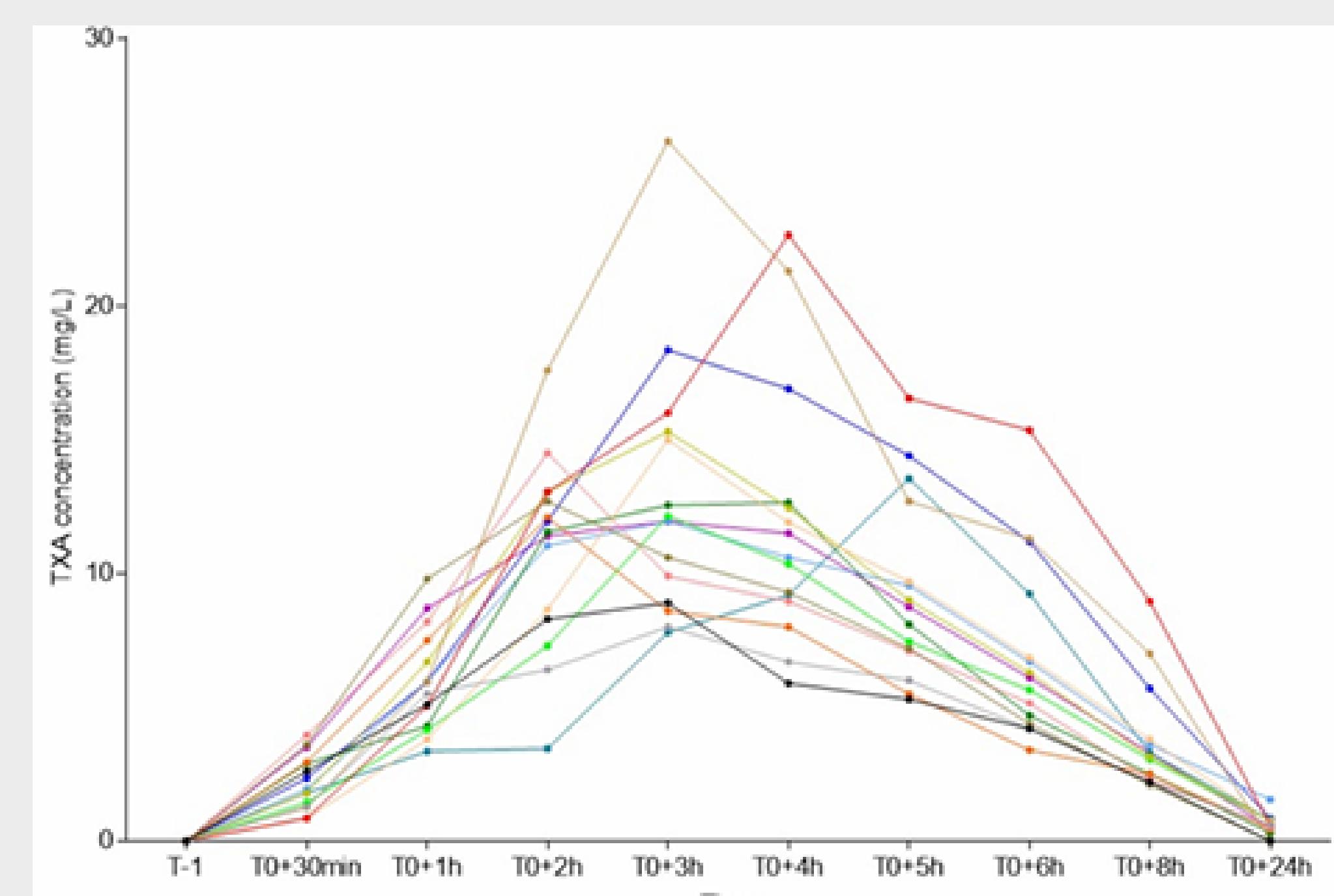
- **Approche :** les chercheurs se penchent sur l'étude du devenir d'un médicament dans l'organisme en utilisant du plasma humain.

- **Objectif :** connaitre la dose idéale de médicament à administrer selon le poids, l'âge ou le sexe.

Exemple de résultat :

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