

## EXAMEN: M1 Phytochimie

Cours et TD de **D. HEINTZ**

12-05-2010. Durée de l'examen : 1h 30. Sans les documents de cours.

Notation sur 20 points. Lisez attentivement toutes les questions pour éviter les répétitions, rédigez proprement, et restez concis.

### Questions sur les généralités de la spectrométrie de masse (6 points)

1. Quel est le rôle d'une source d'ionisation dans un spectromètre de masse ?
2. Comment les méthodes d'ionisation sont-elles classées? Donner des exemples.
3. Donner la définition de la résolution d'un spectromètre de masse.
4. Donner approximativement les résolutions atteintes par les différents types d'analyseurs commerciaux.
5. Citer les principales sources qui équipent les spectromètres de masse en protéomique.
6. Décrire brièvement la source d'ionisation « Electrospray ».

### Questions sur la partie Protéomique (7 points)

7. Décrivez une technique de séparation des protéines couramment utilisée en protéomique.
8. Quelle est la valeur de l'écart entre les pics d'un massif isotopique d'un peptide trois fois chargé ?
9. Comment obtient-on une séquence EST « Expressed Sequence Tag » ?
10. Quels sont les avantages de la stratégie LC-MS/MS par rapport à la stratégie MS pour l'identification d'une protéine dans une banque.
11. Citer une banque de données protéiques.
12. Citer un exemple de moteur de recherche en protéomique.
13. Décrire la stratégie du séquençage *de novo* et l'identification d'une protéine dont le génome n'est pas séquencé.

