

Nom	Prénom	Id du poster	Titre de la communication
Instrumentation/mobilité ionique			
Vlak	Kees	P1-001	Integrating Chip based Nanoelectrospray into Modern LC/MS Applications
Bois	Joakim	P1-002	Etudes des propriétés de complexations et de conformations de ligands calixaréniques chiraux par RMN et spectrométrie de masse en tandem et mobilité...
Ballivian	Renaud	P1-003	Etude des interactions non-covalentes entre la protéine IB-5 et les tanins de vin par mobilité ionique couplée à la spectrométrie de masse
Arpino	Patrick	P1-004	Applications de la spectrométrie de masse dans les sciences forensiques.
Guéin	Erwann	P1-005	Could a NALDI target improve the study of small organic molecules by LDI-TOF/MS ?
Dugourd	Philippe	P1-006	UV spectroscopy of gas phase proteins
Dartois	Hubert	P1-007	Électrophorèse en gel d'agarose des protéines sériques de différentes espèces animales – mise au point pour l'analyse en routine
Ibrieux	Florian	P1-008	Développement d'un Piège quadropolaire cylindrique pour la mobilité ionique
Albrieux	Florian	P1-009	Etude par mobilité ionique du repliement oxydatif de la lysozyme
Albrieux	Florian	P1-010	Etudes systématiques de la conformation de peptides en fonction de leur séquence par mobilité ionique
Abonnenc	Mélanie	P1-011	Membrane - Desorption electrospray ionization (M-DESI) mass spectrometry for rapid sample screening
Louarn	Essyllt	P1-012	Analyse de Composés Organiques Volatiles dans l'eau par introduction par membrane dans un spectromètre de masse FT-ICR
Chaput	Aurélie	P1-013	Etude d'un spectromètre de masse embarquable ft-icr haute résolution
Analyse structurale			
Bechara	Chérine	P1-014	Les amphipols comme alternative aux détergents pour solubiliser les protéines membranaires en vue de leur analyse par spectrométrie de masse maldi
Loutelier-Bourhis	Corinne	P1-015	Contribution of two approaches using electrospray ionization with multi-stage mass spectrometry for the characterization of linseed oil
Barrère	Caroline	P1-016	Résonance Magnétique Nucléaire à l'état solide, un outil pour l'exploration des dépôts MALDI
Demey-Thomas	Emmanuelle	P1-017	Influence de la stratégie d'analyse pour la caractérisation de la protéine mcuta
Maia-Grondard	Alessandra	P1-018	Utilisation du balayage d'ions précurseurs comme stratégie de détection sélective d'une classe de composés cible, les sinapates, dans un mélange complexe
Chambrion	Célia	P1-019	In situ chemical cross-linking on living cells reveals CD9P-1 cis-oligomer at cell surface
Bador	Julien	P1-020	Evaluation de l'identification bactérienne par spectrométrie de masse sur 130 souches cliniques

Malosse	Christian	P1-021	Top-down mass spectrometry as a unique tool to probe the crucial role of glycerophosphorylation of type IV pili of <i>Neisseria meningitidis</i>
Nazabal	Alexis	P1-022	Protein Aggregates: Characterization by High-Mass MALDI tof Mass Spectrometry
Becchi	Michel	P1-023	Réduction/Alkylation de protéines sélénées: élimination du sélénium par l'iodoacétamide
Jaquillard	Lucie	P1-024	Interactions between the PEBP/RKIP protein and nucleotide analogs assessed by non-denaturing ESI-IT MS.
Jamin	Emilien	P1-025	Caractérisation des métabolites du benzo(a)pyrène par trois techniques analytiques en parallèle.
Goyallon	Arnaud	P1-026	Complémentarité de la GC/MS et du MALDI/TOF pour la caractérisation d'un défaut pariétal chez <i>Arabidopsis thaliana</i> .
Giordanengo	Rémi	P1-027	Etude microstructurale d'un copolymère AMA-MAM par Spectrométrie de Masse en tandem (ESI-MS/MS)
Goulitquer	Sophie	P1-028	Caractérisation par échange H/D et spectrométrie de masse de l'interaction entre gp41 de VIH-1 et deux anticorps : 2F5 et 4E10
Bouchon	Bernadette	P1-029	L'acide glutamique 198 de la beta-tubuline, élément clef de la structure des microtubules, est une cible privilégiée d'antimitotiques.
Gervais	Gaël	P1-030	Mise en évidence de sous-produits d'ozonation et de chloration de l'Ethinylestradiol dans l'eau potable par prise d'empreintes en LC-HR(MS) ⁿ
Absalon	Christelle	P1-031	MALDI : un outil de choix pour le contrôle qualité des tanins oenologiques
Nicol	Edith	P1-032	Etude structurale d'un tripeptide phosphorylé [rgps+H] ⁺ par spectroscopie IRMPD.
Bich	Claudia	P1-033	Club jeunes de la Société Française de Spectrométrie de Masse
Bonnefoy	Jonathan	P1-034	Caractérisation des interactions intermoléculaires dans les complexes Ure2p – Hsp70 par pontages chimiques
Fouquet	Thierry	P1-035	Méthode cinétique adaptée à la distinction isomérique de monosaccharides
Fauquant-Pecqueur	Caroline	P1-036	Définition des régions minimales d'interaction de Tau avec la Tubuline
Bize	Cécile	P1-037	Mise en évidence de complexes non-covalents en HRMS par analyse ESI-Qtof: Etude d'associations catanioniques.
Maubert	Marie-anne	P1-039	Mise au point d'analyse de peptides intracellulaires par spectrométrie de masse à haute résolution.
Antoine	Rodolphe	P1-040	Optical and structural properties of copper-oxytocin ions in the gas phase
Tintaru	Aura	P1-041	Identification de déviations structurales de dendrimères biodégradables par electrospray-MS/MS
Mazon	Hortense	P1-042	Etude du complexe non covalent sulfurédoxine-peroxydoxine de <i>S. Cerevisiae</i>
Zanella-Cléon	Isabelle	P1-043	IDENTIFICATION BY MASS SPECTROMETRY OF A NEW HUMAN HEMOGLOBIN VARIANT WITH TWO MUTATIONS IN CIS IN THE b-GLOBIN CHAIN
Saliou	Jean-Michel	P1-044	Suivi par Spectrométrie de Masse Supramoléculaire de la Reconstitution in vitro de Complexes H/ACA RNP
Ayoub	Daniel	P1-045	Apport de la SM supramoléculaire dans la caractérisation des metalloprotéines séparées sur gel d'électrophorèse en conditions non-dénaturantes
Moulintraffort	Laura	P1-046	The Hsp90 Oligomers : From Biophysical and Biochemical Characterization to the Structure Resolution.

Mehmood	Shahid	P1-047	Probing the different conformations of the membrane transporter bmra by H/D exchange mass spectrometry
Nonier	Marie-Françoise	P1-048	A kinetic study of the reactions of (+)-catechin and malvidin-3-glucoside with aldehydes derived from toasted oak wood by LC/ESI/msn
Allegrand	Julie	P1-049	Etude des voies de fragmentation en source des lipides par Photo-Ionisation à Pression Atmosphérique (APPI)
Mark	Kevin	P1-050	Whole Protein and Peptide Analysis of Membrane-Associated Cytochrome P450 Proteins by Mass Spectrometry
Lebrun	Régine	P1-082	Interactions Protéine-Protéine : CP12 et GAPDH de Chlamydomonas reinhardtii

Quantification petites molécules

Hubert-Roux	Marie	P1-051	Metopimazine and its metabolite : structural and quantitative analysis using ESI/msn
Pardon	Patrick	P1-052	Etude pharmacocinétique du Fentanyl (antalgique) dans le plasma par extraction sur phase solide (SPE) et analyse par chromatographie en phase liquide
Schmitz-Afonso	Isabelle	P1-053	Intérêt du couplage nano-lc Itq/orbitrap pour le dosage des neurotransmetteurs dans le cadre de l'addiction a la cocaïne
Diaby	Moussa	P1-054	Caractérisation de la fraction organique volatile des dépôts de piston de moteurs Diesel
Soulier	Coralie	P1-055	Développements méthodologiques pour l'analyse des substances pharmaceutiques dans les matrices complexes
Sémon	Etienne	P1-056	In vitro and in vivo flavour release studies using atmospheric pressure ionization mass spectrometry (APCI and PTR): quantitative aspects.
Kadar	Hanane	P1-057	Evaluation des différentes stratégies analytiques basées sur la spectrométrie de masse pour la mesure de contaminants perfluorés dans le poisson
Hubert	Cécile	P1-058	Développement d'une méthode de détection par HPLC/ESI-MS du tiludronate.
Colas	Cyril	P1-059	Reaction monitoring by MS-based labelling for fast analysis of crude reaction mixtures: selection of the best ionisation method/molecular tag combinat
Pilard	Serge	P1-060	Approche métabolomique par UFLC/Q-TOF pour l'évaluation du profil en alcaloïdes tropaniques chez Datura innoxia Mill.
Enche	Julien	P1-061	Analyse des métabolites de l'ypérite issus de la voie β -lyase dans l'urine
Marteau	Charlotte	P1-062	Optimisation des conditions opératoires pour l'analyse de polybromodiphenylethers par couplage LC-MS avec photoionisation à pression atmosphérique.
Lavanant	Hélène	P1-063	Le modèle de l'équilibre de partage appliqué à des solutions aqueuses d'acide acétique et de chlorure de calcium
Schramm	Sébastien	P1-064	Etude par désorption ionisation laser couplée à la spectrométrie de masse FTICRMS de différents types de fumées de cigarette

Capdeville	Marion-Justine	P1-065	Développement et application d'une méthode couplant une extraction par SPE et une analyse par LC/MS/MS pour doser 52 antibiotiques dans des lisiers
Bernard-Savary	Pierre	P1-066	HPTLC-MS, avantages et limitations des récentes avancées dans le domaine
Bernard-Savary	Pierre	P1-067	Apport de l'hptlc-MS, pour l'analyse quantitative des colorants alimentaires dans les matrices complexes
Dupire	Francois	P1-081	Influences of sucrose and growth regulators on Amaryllidaceae alkaloid accumulation in tissue cultures and on their acetylcholinesterase activity
Ziemianin	Anna	P1-083	Enzyme reaction of a new inhibitors of Acetylcholinesterases monitoring by QIT ESI-MS

Spectrométrie de masse organique

Lebeau	Diane	P1-068	Analyses de molécules complexantes par Désorption-Ionisation par Electrospray (DESI)
Mounicou	Sandra	P1-069	Mise en évidence par HPLC-ICP MS et HPLC-ESI QTOF MS de métallothionéines dans une lignée cellulaire rénale stressée par des nanoparticules de cadmium
Aubriet	Frédéric	P1-070	Etude en mode LDI et MALDI d'agrégats d'or greffés de taille nanométrique par spectrométrie de masse et spectrométrie de masse en tandem

Réactivité

Gal	Jean-François	P1-071	Interaction anion/cation en phase gazeuse : Application de la méthode cinétique aux agrégats de sels de césium [(RCOO ⁻)Cs+(NO ₃ ⁻)]- (RCOO ⁻ = benzoate)
Maire	Florian	P1-072	Formation of adduct from first generation polyamidoamine dendrimer: an electrolytic process during electrospray ionization

Fragmentation

Maire	Florian	P1-073	Analysis of noncovalent complexes between short single-stranded dna and first generation polyamidoamine dendrimer
Van der Rest	Guillaume	P1-074	Etude des phénomènes de reconnaissance entre peptides en phase gazeuse et en solution
Dauly	Claire	P1-075	Nanoscale characterization of spider venom peptides by high resolution LC-MS/MS analysis.
Chamot-Rooke	Julia	P1-076	Infrared Spectroscopy of b ₂ ⁺ ions: evidence for oxazolone or diketopiperazine structures
Aycirix	Sophie	P1-077	Molecular characterisation of the lipidome of yeast mutants defective for putative acyltransferase activity by mass spectrometry
Hui	Renjie	P1-078	Effect of fixed charge modification of peptides on Electron Capture Dissociation
Bourcier	Sophie	P1-079	Fragmentation des ions pseudo- moléculaires de l'estrone obtenus en ESI-MS/MS

Quinton	Loïc	P1-080	Matrices réductrices en MALDI-TOF employées pour le séquençage TOP-DOWN de biomolécules et pour la caractérisation de ptms
---------	------	--------	--

Interactome

Gautier	Violette	P2-001	Quantitative mass spectrometry for the identification of specific interaction partners of THAP transcription factors
Béchade	Guillaume	P2-002	Recherche de partenaires d'interaction du facteur de transcription Trim24
Sahinovic	Elodie	P2-003	TAP tag purification and proteomic analysis to study human LINE-1 RNP complex
Audebert	Stéphane	P2-004	Purification and identification of PDZ domain containing proteins using synthetic peptides as probes
Elie-Caille	Céline	P2-101	Des puces d'Arseniure de Gallium (gaas) au service des analyses MS sans matrice

Innovation technologique pour la protéomique

Anizan	Sebastien	P2-005	Développement d'une approche « stéroïdomic » par SPME-GC-MS (Quadripôle vs tof) pour l'identification de biomarqueurs de l'administration de stéroïdes
Mcdowall	Mark	P2-006	A High Definition LC/MS Strategy for Unbiased Discovery and Targeted Proteomics
Vlak	Kees	P2-007	A Novel nanolc Method allows online reanalysis in Proteomic Investigations and enables acquiring more information from Biological Samples
Boireau	Wilfrid	P2-008	Puce tio2 nanostructurée comme nouveau substrat pour les analyses MS sans matrice
Da silva	David	P2-009	Comparison of MALDI-TOF-TOF and MALDI-FTICR mass spectrometry for identification of Protein Targets involved in Photodynamic Therapy (PDT)
Wurtz	Virginie	P2-010	A combination of biacoretM technology and mass spectrometry (MS) to identify the antigen of a new monoclonal antibody against a human platelet protein
Ben Ameer	Randa	P2-011	Optimizing 2D-GE for separation of urinary proteins
Baujard-Lamotte	Lucie	P2-012	Microréacteurs à piliers pour la digestion trypsique et l'identification de protéines
Goulas	Estelle	P2-013	Recherche d'une solubilisation optimale des protéines membranaires chloroplastiques du pois et séparation par électrophorèses 2-D SDS-PAGE et 2-D CTAB
Forest	Eric	P2-014	Removal of detergents - application to protein mass spectrometry, hydrogen/deuterium exchange and lipid raft proteomics
Guérineau	Vincent	P2-015	Caractérisation de complexes anticorps-dendrimères organométalliques par spectrométrie maldi-tof haute masse
Potier	Noelle	P2-016	Multiplicité des agents de digestion in-gel : vers une meilleure caractérisation des rcpgs.
Chaoui	Karima	P2-017	Analyse protéomique exhaustive du sécrétome d'explants de tissu adipeux humain

Petit	Vanessa	P2-018	Identifier plus que le sommet de l'iceberg : analyses LC-MS/MS itératives avec fragmentations MS2 MS3 d'ions peptidiques ciblés
Buré	Corinne	P2-019	Analyse par MALDI-Q-TOF de méthodes d'enrichissement sélectif de phosphopeptides
Bodet	Pierre-Edouard	P2-020	Optimisation de l'enrichissement de peptides phosphorylés et de leur détection par spectrométrie de masse MALDI
Mogabure	Peio	P2-021	Establishment of a standardized procedure for identification of microorganisms by MALDI-TOF MS
Gimeno	Jean-Pascal	P2-022	Identification of resistance biomarkers to neo-adjuvant therapies in patients with early breast cancer
Boudra	Mohammed-Tayyib	P2-023	Complexes assemblés in vitro sur des cassures doubles brin d'adn
Schmit	Pierre-	P2-024	Development of an ETD capable Ultra High Resolution QTOF Mass Spectrometer
Hebert	Yann	P2-025	The Role of Increased Resolution and Scan Speed of Ion Traps for Top Down Proteomics with ETD/PTR

Imagerie par spectrométrie de masse

Lavigne	Régis	P2-026	Improvement of protein signal sensitivity and localisation reproducibility on various rat organs for Imaging Mass Spectrometry
Wisztorski	Maxence	P2-027	Apport de l'imagerie MALDI dans l'étude des toxines de défenses d'animaux marins.
Touboul	David	P2-028	Nouveaux développements en imagerie lipidique par spectrométrie de masse maldi-tof/tof

Bioinformatique et biostatistique pour la protéomique

Guillonau	François	P2-029	Empreinte peptidique en image 3D : une économie des ressources en temps machine, en besoins informatique et en espace de stockage ?
Armengaud	Jean	P2-030	Genome-wide proteomics of Thermococcus gammatolerans, the most radioresistant organism known amongst the Archaea
Sayd	Thierry	P2-031	Utilisation de la méthode d'analyse Sparse PLS pour l'intégration de données protéomiques et phénotypiques relatives aux qualités de la viande de porc
Bournais	Sylvain	P2-032	PROTEHOME: A national web portal for the Proteomics community

Biomarqueurs

Wasselin	Thierry	P2-033	Rat muscle proteome and transcriptome : differential analysis according to changes in fuel partitioning
Uttenweiler-Joseph	Sandrine	P2-034	Caractérisation des protéasomes 20S plasmatiques de patients atteints de mélanome
Potey	Anais	P2-035	Etude par analyse protéomique différentielle d'un modèle de thérapie cellulaire à l'aide de cellules souches embryonnaires dans les AVC
Meunier	Bruno	P2-036	Validation méthodologique de l'analyse d'image et des analyses de données protéomiques sous samespots

Courant	Frédérique	P2-037	Metabolomic approach based on liquid chromatography coupled to high resolution mass spectrometry for characterising endocrine disruption situations
Chevalier	Francois	P2-038	Analysis of proteins in the secretome of the mouse developing testis
Surin	Brigitte	P2-039	Proteomic analysis reveals LG3 fragment of endorepellin as a possible urinary biomarker of severity in iga nephropathy
Rosenberg	Martina	P2-040	Moderate drinking during pregnancy alters placental protein expression.
Bonnel	David	P2-041	Imagerie MALDI et classification hiérarchique : un outil pour l'interprétation de la complexité des tissus humains et la recherche de biomarqueurs.
Auer	Jana	P2-042	Alterations Of Proteomic Profile In Preeclampsia And IUGR Revealed By itraq Technology.
Marlot	Sophie	P2-043	Calcul de taille d'échantillon pour les études de protéomique clinique.
Lincet	Hubert	P2-044	Comparative proteomic analysis of cisplatin sensitive OAW42 epithelial ovarian cancer and its resistant counterpart OAW42-R by DIGE : proteomic profil
Pionneau	Cedric	P2-045	Automated bead-based affinity-fractionation of serum and MALDI-TOF mass spectrometry analysis for biomarkers screening
Patramool	Sirilaksana	P2-046	Blood-feeding and immunogenic Aedes salivary gland proteins
Morzel	Martine	P2-047	May the variability of protein salivary patterns in healthy adults be partly due to diet?
Poirier	Florence	P2-048	PHOSPHOPROTEOMIC ANALYSIS OF CARDIOMYOCYTES IN RESPONSE TO EPAC ACTIVATION BY THE camp ANALOG, 8-pcpt
Slomianny	Marie-christine	P2-049	Differential analysis of glycosylation of membrane proteins
Froment	Carine	P2-050	Phosphorylation of SAF-A exclusively by DNA-PK in response to DNA double-strand breaks marks cell repair capacity
Labas	Valérie	P2-051	ICM-MS profiling of cumulus cells as a non-invasive method to access potential markers of oocyte maturation in bovine, equine and human.
Marchand	Christophe	P2-052	Identification of glutationylated proteins in the photosynthetic model organism Chlamydomonas reinhardtii
Gallien	Sébastien	P2-053	Nouvelle application de la stratégie « N-terminal Oriented Proteomics » (N-TOP) : étude différentielle des processus protéolytiques
Raymond	Anne-Aurélié	P2-054	Etude comparative (SILAC) des phosphoprotéomes de lignées d'adénocarcinome colique HCT116 P53-/- avec ou non augmentation de l'expression de Cdc25B.
Ortiz	Alexia	P2-055	Etude protéomique des modifications de protéines plasmatiques suivant le stockage et les méthodes d'inactivation vis-à-vis des agents pathogènes
Deracinois	Barbara	P2-056	Label free differential proteomic study by off line 1D-LC MS/MS to a better defining of blood brain barrier phenotype.
Calvel	Pierre	P2-057	Characterization of CLPH, a new disordered calcium-binding phosphoprotein specific to the mammalian testis

Calvel	Pierre	P2-058	Investigation of CLPH oligomerization properties by exclusion chromatography, electron microscopy and High-Mass MALDI mass spectrometry
Delalande	Didier	P2-059	Etude protéomique du vieillissement musculaire chez le rat Wistar
Clair	Gérémy	P2-060	Dynamique du sécrétome chez Bacillus cereus en conditions mimant l'environnement réducteur de l'intestin humain
Germain	Emmanuelle	P2-061	Differential secretome analysis of a breast tumor cell progression system
Demetree	Edith	P2-062	Total and differentially expressed excreted secreted proteins from Trypanosoma congolense strains exhibiting different virulence and pathogenicity
Chaze	Thibault	P2-063	Investigation of the serum proteome to predict the severity of radiation-induced skin lesions
Prull-janssen	Mehdi	P2-064	Evaluation par ec et ec-ms des interactions entre une bibliothèque d'oligosaccharides sulfates d'héparines synthétiques et la chimiokine sdf-1
Dumas-Gaudot	Eliane	P2-065	Studying the arbuscular mycorrhizal symbiosis from axenic system to soilborne interactions by proteomics: which challenges to face ?
Ohlmann	Philippe	P2-066	Photochemical Pathogen Inactivation Treatment of Human Plasma Has No Major Impact on the Protein expression pattern Assessed by 2D-DIGE
Aloui	Achref	P2-067	Cadmium stress alleviation by arbuscular mycorrhizal symbiosis: proteomic studies of the mechanisms involved in shoots of M. Truncatula
Boumahrou	Nisrine	P2-068	Original proteomic-based strategies to identify intestinotrophic factors in the milk of PRM/Alf mouse, a model of intestinal dolichomegaly.
Lahouassa	Hichem	P2-069	Comparative analysis of highly purified rough endoplasmic reticulum by advanced proteomic technologies, 2D DIGE (16-BAC/SDS & IEF/SDS) and LC-MS/MS.
Lesniewska	Eric	P2-070	Investigation of biological specimens by near-field ultrasound holography and high-speed atomic force microscopy
Truntzer	Caroline	P2-071	Influence of the number of laser hits on the final signal information in MALDI-TOF experiments
Sylvius	Loïk	P2-072	Search of serum and/or plasma biomarkers diagnostic, prognostic and/or predictive of invasive fungal disease in neutropenic patients
Bonnel	David	P2-073	L'imagerie moléculaire MALDI pour l'analyse haut-débit des médicaments et des métabolites
Grandjean	Julie	P2-074	Yeasts identification by MALDI Biotyper mass spectrometry in hospital routine
Bonnel	David	P2-075	L'imagerie moléculaire MALDI pour l'analyse haut-débit des médicaments et des métabolites
Journet	Agnès	P2-102	Tracking novel lysosomal molecular transporters by proteomic analysis
ALVERGNAS	Magalie	P2-106	Cartographies protéiques d'hépatocytes humains en culture primaire traités par le bézafibrate.
UZBEKOVA	Svetlana	P2-108	Proteomic ICM-MS profiling of individual bovine oocytes to identify the markers of meiotic maturation and oocyte quality

Quantification: les outils pour la protéomique

Delolme	Frédéric	P2-076	Recherche de nouveaux substrats des protéases Tolloïdes par analyse protéomique quantitative
Urbach	Serge	P2-077	Identification of extracellular markers of neuronal apoptosis using SILAC in primary cultured neurons.
Chafey	Philippe	P2-078	Conseils et recommandations pour réussir une expérience 2D-DIGE
Duriez	Elodie	P2-079	Détection et quantification par LC-MS/MS de toxines protéiques fonctionnelles utilisables à des fins bioterroristes
Darby	Ian	P2-080	Etude du proteome de cholangiocarcinomes par 2d-dige
Gouriou	Yann	P2-081	ICPL Triplex analysis of spermatogenesis in the rat
Com	Emmanuelle	P2-082	Quantitative proteomics analysis of glioblastoma multiform with triplex Isotope-Coded Protein Labeling
Valot	Benoît	P2-083	Label-free quantification of protein samples analyzed by SDS-PAGE followed by LC-MS/MS
Trauchessec	Mathieu	P2-084	Sensitive quantification of Neuron Specific Enolase in human serum: Comparison of Selected Ion Monitoring and Selected Reaction Monitoring
Uttenweiler-Joseph	Sandrine	P2-085	Etude des effets de l'inhibition du protéasome sur des cellules leucémiques par analyse protéomique quantitative
Huillet	Céline	P2-086	Multiplex quantification of heart failure biomarkers using Protein Standard Absolute Quantification
Bouyssié	David	P2-087	Mfpaq version 4: an integrated solution for the bioinformatic processing of nanolc-MS/MS data
Larre	Colette	P2-088	Identification des protéines de réserve dans le grain de Brachypodium par protéomique et localisation par immunocytochimie
Leduc	Marjorie	P2-089	Decomplexification et quantification d'un proteome par technologie off-gel
Matheron	Lucrèce	P2-090	Essais de quantification en MALDI-TOF pour l'étude de l'internalisation de peptides vecteurs
Simon	Romain	P2-091	La LC/MS/MS : une alternative aux méthodes ELISA pour le dosage de biomarqueurs en écotoxicologie. Application aux dosages de la VTG chez G. Fossarum
Augier	Julie	P2-092	Quantitative phosphoproteomic analysis of IGF-1-treatment cultured cortical neurons using a SILAC approach
Redeker	Virginie	P2-093	Analyse protéomique qualitative et quantitative multiplexe de fractions protéiques ayant un effet sur l'agrégation du prion modèle de levure Sup35p.
Henry	Céline	P2-094	Label-free quantitation of proteins involved in milk fat globule secretion from the mammary epithelial cell
Mesmin	Cédric	P2-095	Application de la LC-MS à la quantification des peptides d'Apeline du plasma humain
Guerrera	Chiara	P2-096	Differential proteomics for primary and secondary polyposis by 2D PAGE and itraq™ analysis
Lagarrigue	Mélanie	P2-097	An Isotope-coded protein label (ICPL) approach to assess critical roles for micrnas in mouse spermatogenesis
Marie	Arul	P2-098	Itraq Quantification of cellular responses in medaka fish exposed to cyanotoxin
Jarno	Nolwenn	P2-099	Integrative Analysis of Transcriptomic and Proteomic Data: Impact of cadmium stress on vacuole proteome evaluated by relative quantification using SRM
Becher	François	P2-100	Diagnostic précoce d'une contamination par Bacillus anthracis par détection LC-MS/MS du facteur létal

Lacroix	Chrystelle	P2-103	Quantitative label-free analysis through the MFPaQ software for the characterization of urinary biomarkers
BARSAN	CRISTINA	P2-104	Extensive analysis of the tomato chromoplast proteome reveals specific metabolic and regulatory features
Moustapha	Aoula	P2-105	L'adductome aux protéines
Miller	Christine	P2-107	Transfer of Optimized Acquisition Parameters Between Mass Analyzer Types for Improved Protein Identification and Quantification
Cosette	Pascal	P2-109	Caractérisation du protéome membranaire minoritaire chez Pseudomonas aeruginosa en utilisant l'approche Proteominer™