

Busta 2

- Analisi proteomiche quantitative MS-based tramite tecniche di labeling metabolico: vantaggi e svantaggi rispetto ad altre metodiche e cenni sui principi di funzionamento dei motori di ricerca.
- Principi di funzionamento di spettrometri di massa ibridi di tipo Ion Trap-Orbitrap.
- Descrivere le principali tecniche di frazionamento di proteine e peptidi utilizzate in ambito proteomico e le più comuni strategie impiegate per la rimozione di sostanze contaminanti associate a matrici complesse.

Busta 1

- Analisi proteomiche quantitative MS-based tramite tecniche di tipo label-free: vantaggi e svantaggi rispetto ad altre metodiche e cenni sui principi di funzionamento dei motori di ricerca.
- Principi di funzionamento di spettrometri di massa ibridi di tipo Q-TOF.
- Descrivere un tipico set-up LC-MS per analisi proteomiche e il processo di impaccamento in-house di colonne cromatografiche capillari.

Busta 3

- Analisi proteomiche quantitative MS-based tramite tecniche di labeling chimico: vantaggi e svantaggi rispetto ad altre metodiche e cenni sui principi di funzionamento dei motori di ricerca.
- Principi di funzionamento di spettrometri di massa di tipo MALDI-TOF/TOF
- Descrivere un tipico flusso di lavoro finalizzato allo studio su larga scala di proteine fosforilate.