

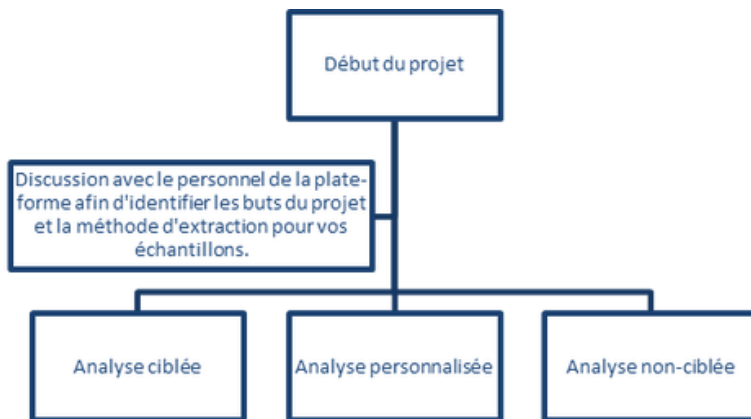
Conditions d'utilisation

(Traduite de la révision 4, du 24 septembre 2013)

La plateforme de métabolomique est une installation canadienne au service de chercheurs provenant d'un milieu académique, gouvernemental ou industriel. Les utilisateurs de la plateforme peuvent soumettre leurs échantillons pour l'analyse ou encore être formés par notre personnel afin de collecter et analyser leurs propres données (réservé aux scientifiques du Centre de recherche sur le cancer Goodman). Les chercheurs peuvent demander une analyse ou une formation en contactant la personne responsable de la plateforme (daina.avizonis@mcgill.ca). Notre plateforme adopte une approche collaborative avec ses utilisateurs afin de s'assurer de fournir des résultats de la plus haute qualité.

Procédure générale

De par la nature unique et la complexité des analyses réalisées au sein de notre plateforme, nous procédons d'abord à l'ouverture d'un projet (discussions, e-mail ou via notre formulaire de soumission d'échantillons à venir). Une fois le contact établi, le projet est ensuite discuté afin d'identifier clairement les objectifs de l'étude à réaliser. Un protocole d'extraction peut alors être suggéré à partir de ce point. De manière générale, nous offrons 3 catégories de service/collaboration : les analyses ciblées, les analyses personnalisées et les analyses non-ciblées. Pour les analyses ciblées, une étude pilote basée sur 2-4 échantillons est planifiée (sans frais) afin de s'assurer de la détection de vos métabolites d'intérêt. Si l'étude préliminaire s'avère satisfaisante, une analyse plus complète est alors mise en place (un devis est fourni par l'intermédiaire du site internet, e-mail ou document .pdf). Le chercheur s'engage à effectuer le paiement suite à l'envoi de la facture. Lors de projets collaboratifs ou personnalisés, les charges seront appliquées afin de couvrir le temps d'instrumentation ainsi que celui du personnel impliqué pour couvrir les dépenses de la plateforme.



Droits d'auteur de la plateforme et remerciements

Afin de bien définir les attentes, nous vous recommandons de prendre connaissance de l'application de certaines règles afin de savoir quand simplement remercier notre plateforme lors d'une publication ou bien quand inclure notre personnel en tant que co-auteur. Veuillez trouver ci-dessous trois organigrammes (scénarios) qui décrivent les bénéfices potentiels de notre collaboration.

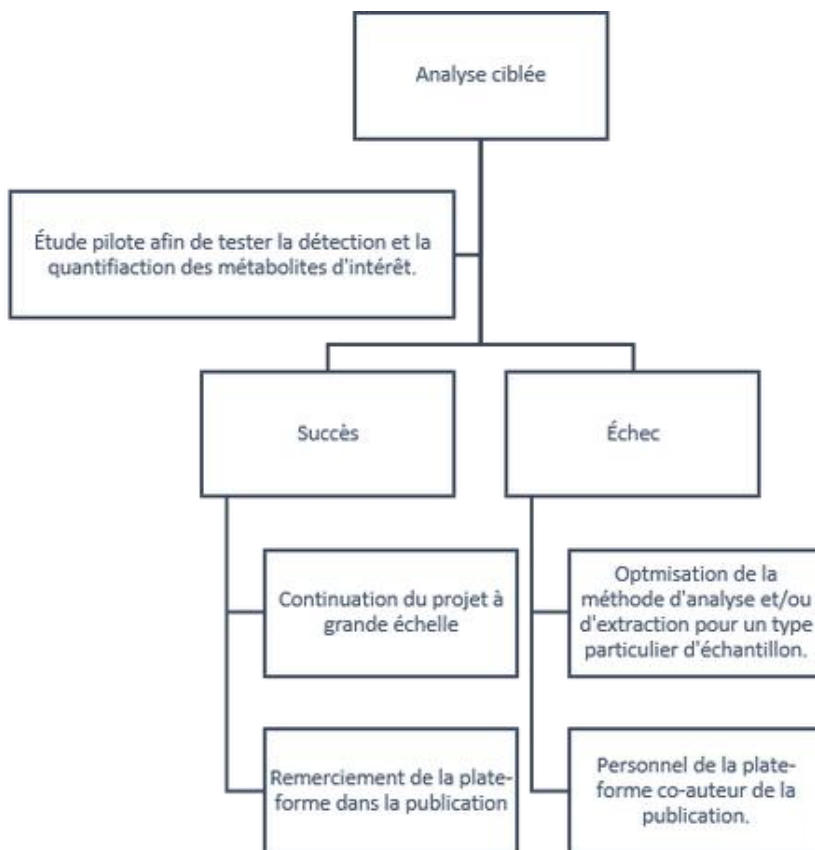
Analyse ciblée

Pour la majorité des analyses ciblées, nos protocoles sont bien établis. Dans cette situation, vous pouvez simplement remercier de manière formelle notre plateforme pour sa contribution en utilisant la déclaration suivante :

“Metabolite measurements were performed at the Rosalind and Morris Goodman Cancer Research Centre Metabolomics Core Facility supported by the Canada Foundation for Innovation, The Dr. John R. and Clara M. Fraser Memorial Trust, the Terry Fox Foundation (TFF Oncometabolism Team Grant 116128), Quebec Breast Cancer Foundation and McGill University.”

Veillez noter que le personnel de la plateforme est à votre disposition afin de vous soutenir lors de la rédaction de la section expérimentale reliée à votre projet.

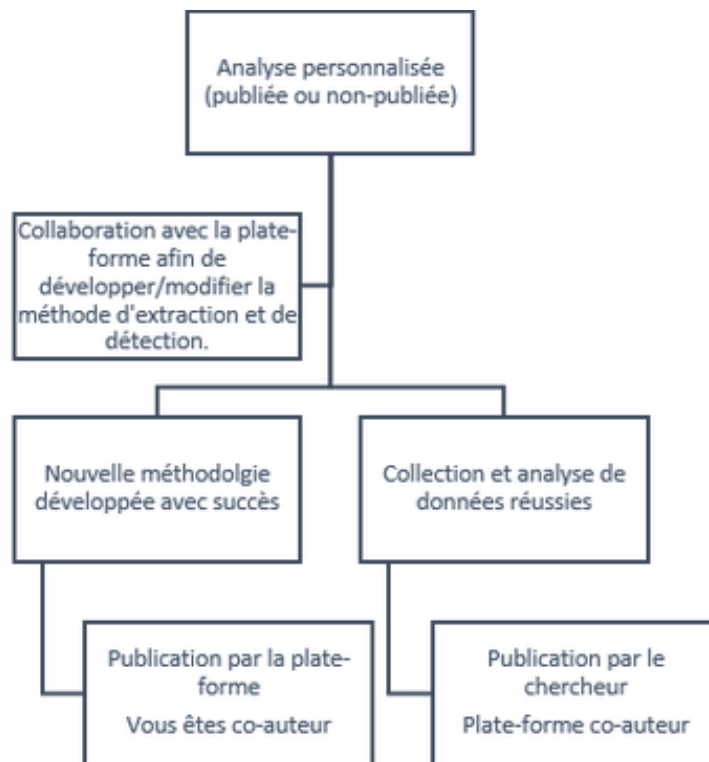
Dans la situation où votre projet requiert le développement d'une méthode d'extraction spécifique ou encore la modification d'un protocole LC/MS ou GC/MS pour l'analyse d'un échantillon particulier, il sera alors requis d'inclure la personne responsable de votre analyse en tant que co-auteur étant donnée la nécessité d'une expertise spécifique. Veillez vous référer à l'organigramme ci-dessous.



Analyse personnalisée

La plateforme offre également le développement d'analyses personnalisées. Les charges appliquées sont calculées afin de couvrir le temps d'instrumentation ainsi que celui du personnel impliqué et de couvrir les dépenses de la plateforme.

Il est important de noter que bien qu'un protocole d'analyse ou une méthode d'extraction d'intérêt soient déjà publiés, nous nous devons de le tester et l'optimiser au besoin pour l'adapter à notre instrumentation et à votre type d'échantillon particulier. Nous sommes prêts à collaborer étroitement afin d'obtenir des composés standards authentiques et raffiner nos protocoles d'extraction afin de détecter les molécules d'intérêt dans vos échantillons. Durant ce processus, la plateforme peut avoir à développer et optimiser une toute nouvelle procédure d'analyse. Dans ce cas, la plateforme peut vouloir publier cette nouvelle méthodologie, vous incluant bien entendu en tant que co-auteur. Lorsque seules quelques modifications ont été apportées à la méthode établie, la personne responsable de l'analyse devrait : être incluse en tant que co-auteur sur votre publication, participer à l'écriture de la section expérimentale portant sur la méthodologie modifiée et finalement relire soigneusement votre article avant soumission afin de s'assurer de la meilleure présentation des données acquises au sein de notre plateforme. Veuillez vous référer à l'organigramme ci-dessous :



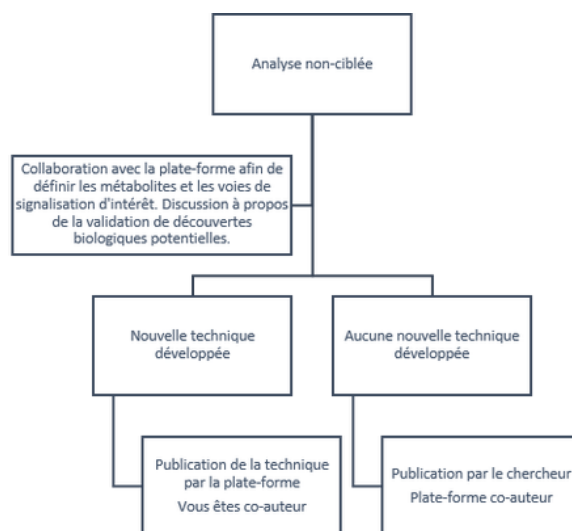
Analyses non-ciblées

La procédure pour les analyses non-ciblées requiert une étroite collaboration entre le chercheur et la plateforme. Nous développons des analyses non-ciblées par RMN, GC/MS et LC/MS. Ces analyses devraient toujours être considérées en cours de développement car elles sont propres à chaque projet particulier. Par exemple, les colonnes analytiques doivent être choisies spécifiquement pour des applications particulières en GC/MS ou LC/MS tandis que les analyses par RMN sont limitées principalement aux métabolites solubles dans l'eau.

Une fois les données acquises, un pic différenciant spécifiquement les groupes étudiés (biomarqueur) peut ensuite être identifié et validé grâce à d'autres types d'expériences complémentaires (LC-MS/MS par exemple).

Il est alors essentiel de se procurer un standard authentique pour chacun des métabolites potentiellement identifiés à des fins de validation. La confirmation de l'identité du métabolite est obtenue par l'étude de son temps de rétention, de sa masse exacte (Q-TOF), de son spectre MS/MS ou RMN qui doivent être similaires aux données obtenues pour le standard. Finalement, le standard doit être incorporé dans l'échantillon afin de supporter son identification dans l'échantillon biologique.

Une fois les métabolites différentiels identifiés, ils peuvent alors être associés à des voies de signalisation potentielles. Dans une situation idéale, ces voies sont alors ciblées afin de confirmer les niveaux d'expression des métabolites. Une voie signalétique spécifique peut être caractérisée grâce à l'utilisation d'isotopes lourds marqués tels que ^{13}C , ^{15}N ou ^2H s'ils sont disponibles commercialement. Il est évident que les analyses non-ciblées impliquent une interaction étroite entre le chercheur et le personnel de la plateforme, dans ce cas nous demandons à être co-auteurs sur votre publication.



Dans le cas où la plateforme de RMN QANUC est utilisée pour vos analyses, cette installation doit aussi être remerciée en utilisant la déclaration suivante (en accord avec les termes d'utilisation de QANUC):

“NMR experiments were recorded at the Québec/Eastern Canada High Field NMR Facility, supported by the Natural Sciences and Engineering Research Council of Canada, the Canada Foundation for Innovation, the Québec ministère de la recherche en science et technologie, and McGill University”

Notre plateforme est à votre disposition pour l'interprétation des données RMN ainsi que pour l'écriture de la section expérimentale.

Propriété intellectuelle, brevets et licences

Tout développement relevant de la propriété intellectuelle conjointe avec notre plateforme doit inclure notre personnel en tant que co-inventeur en conformité avec la police de propriété intellectuelle de McGill: <http://www.mcgill.ca/files/international/ipcorrectfinal.pdf>

Après avoir consulté les conditions d'utilisation décrites ci-dessus, merci de nous retourner le document "Acknowledgement of Facility Use" signé par e-mail à: daina.avizonis@mcgill.ca