

Les outils bioinformatiques d'analyse des données de protéomique développés par la plateforme PAPPISO

Du lundi 21 novembre au jeudi 24 novembre 2016 à Gif-sur-Yvette

PRÉSENTATION

Les analyses de protéomique comparative réalisées en bottom-up nécessitent plusieurs étapes de traitement : l'identification et l'inférence des protéines, la quantification des peptides par calcul de l'aire sous la courbe des courants d'ions extraits (XIC) et l'analyse statistique des résultats. Pour réaliser ces différentes opérations, la Plateforme d'Analyse Protéomique de Paris Sud Ouest (PAPPISO) a développé un ensemble complet et cohérent de logiciels qui rendent accessible le traitement de centaines d'échantillons complexes aussi bien sur des PC de bureau classiques que sur des clusters de calcul pour des séries de plus de 200 échantillons :

- o **X!TandemPipeline** est un logiciel interactif qui permet à la fois de lancer le moteur de recherche X!Tandem et de traiter les questions de redondance dans l'identification des protéines et des phosphopeptides. Il s'agit du seul logiciel capable de traiter en batch et dans des temps très courts un très grand nombre d'échantillons complexes analysés en haute résolution.
- o **MassChroQ** (Valot *et al.*, 2011, *Proteomics* 11:3572–3577) est un logiciel de quantification des peptides. Il permet l'analyse en label-free (avec alignement des temps de rétention) et par marquage isotopique et prend en compte le fractionnement des échantillons. MassChroQ peut être utilisé quel que soit le spectromètre de masse employé.
- o **MassChroqR** est un package R en développement comprenant des fonctions évoluées permettant de réaliser facilement des opérations telles que la normalisation des données, le calcul de la valeur d'abondance relative des protéines, l'analyse en composantes principales, les analyses de variance.

Les résultats de ces analyses peuvent être stockés, enrichis par annotation automatique, et mis à disposition de la communauté scientifique avec le logiciel de base de données PROTIcDb (Langella *et al.*, 2013, *Proteomics* 13:1457–1466). Ces logiciels sont entièrement libres et gratuits, utilisables séparément et installables sur un PC de bureau classique ([plus d'information](#)). Ils sont utilisés en routine à PAPPISO ainsi qu'à l'extérieur. X!TandemPipeline a ainsi été utilisé dans 63 études publiées depuis 2012, dont 30 n'impliquant pas la plateforme ; MassChroQ est cité dans 22 articles dont 11 n'impliquant pas la plateforme.

Au cours de cet atelier, nous présenterons le fonctionnement des outils X!TandemPipeline (identification), MassChroQ (quantification) et MassChroqR (analyse de données) et comment les utiliser, au travers de trois sessions combinant des approches théorique et pratique.

➤ Prérequis

Cet atelier s'adresse à des utilisateurs ayant déjà une expérience en protéomique. Aucune compétence particulière en bioinformatique n'est nécessaire.

PROGRAMME PRÉVISIONNEL

Lundi 21 novembre	14h-14h30	Session "installation des logiciels"
	14h30-17h	Session "identification"
Mardi 22 novembre	9h-12h	Session "identification" (suite)
	14h-17h30	Session "quantification"
Mercredi 23 novembre	9h-12h	Session "quantification" (suite)
	14h-17h30	Session "analyse de données"
Jeudi 24 novembre	9h-12h	Session "analyse de données" (suite)
	12h-13h	Débriefing

INFORMATIONS PRATIQUES

Des ordinateurs ainsi que des jeux de données seront mis à disposition des participants lors des mises en pratique.

Nombre de places limité à 26.

➤ Pré-inscription

Envoyer un mail à pappso-inscriptions@listes.inra.fr en indiquant votre nom et celui de votre laboratoire.

Date-butoir de pré-inscription : **30 octobre 2016**.

➤ Inscription

Inscription en ligne sur un site dont l'adresse vous sera communiquée par messagerie.

Frais d'inscription : 70 € TTC incluant les déjeuners du mardi 22, mercredi 23 et jeudi 24 novembre qui seront pris sur place.

Date limite d'inscription : **6 novembre 2016**.

➤ Lieu

L'atelier se déroulera sur le campus Paris-Saclay, dans les locaux de l'UMR

Génétique Quantitative et Évolution - Le Moulon

Ferme du Moulon

91190 Gif-sur-Yvette.

Accès

RER B – arrêt Massy-Palaiseau

Ligne de bus 91.06 – Arrêt Joliot-Curie

[Plus d'information](#)



La [plateforme PAPPISO](#) propose la réalisation d'analyses protéomiques basées sur la séparation des protéines ou des peptides aussi bien que sur des techniques de type "shotgun", avec ou sans marquage isotopique. Elle développe également un ensemble d'outils bioinformatiques, destinés à faciliter et à automatiser l'analyse de données protéomiques.



PAPPISO réunit deux plateaux techniques complémentaires, l'un spécialisé dans la biologie végétale et adossé à l'UMR Génétique Quantitative et Évolution - Le Moulon (Gif-sur-Yvette), l'autre spécialisé dans l'analyse des procaryotes et adossé à l'UMR Micalis (Jouy-en-Josas).