



Devenez autonome dans l'analyse de vos données de protéomique quantitative en 3 jours avec des outils gratuits et Open source !

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

Du lundi 19 novembre au jeudi 22 novembre 2018 à Gif-sur-Yvette

PRÉSENTATION

Les analyses de protéomique comparative réalisées en bottom-up nécessitent plusieurs étapes de traitement : l'identification 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 (PAPPSO) a développé un ensemble complet et cohérent de logiciels qui permettent 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** (Langella *et al.*, 2017, *Journal of Proteome Research* 16:2:494–503) 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. C'est le seul logiciel capable de traiter par lots et dans des temps très courts un très grand nombre d'échantillons complexes analysés en haute résolution.

Nouveau : X!TandemPipeline C++ (accepte les données de X!Tandem, Mascot, OMSSA, Sequest, Comet), calculs plus rapides, extraction et visualisation des XIC et des profils isotopiques, ...

- 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) ou par marquage isotopique. Il 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 comprenant des fonctions évoluées permettant de réaliser facilement des opérations telles que la normalisation des données, le calcul de l'abondance relative des protéines, l'analyse en composantes principales, les analyses de variance, ...

Nouveau : traitement d'échantillons préfractionnés.

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.

- Les logiciels présentés dans cet atelier sont entièrement libres et gratuits, utilisables sur un PC de bureau sous Linux ou Windows. X!TandemPipeline a ainsi été utilisé dans 63 études publiées depuis 2012, dont 30 n'impliquaient pas la plateforme ; l'article de 2017 est cité dans 19 publications dont 6 n'impliquent pas la plateforme ; MassChroQ est cité dans 61 articles dont 41 n'impliquent pas la plateforme.

PROGRAMME PRÉVISIONNEL

Lundi 19 novembre	14h-14h30	Session "installation des logiciels"
	14h30-17h	Session "identification"
Mardi 20 novembre	9h-12h	Session "identification" (suite)
	14h-17h30	Session "quantification"
Mercredi 21 novembre	9h-12h	Session "quantification" (suite)
	14h-17h30	Session "analyse de données"
Jeudi 22 novembre	9h-12h	Session "analyse de données" (suite)
	12h-13h	Débriefing

INFORMATIONS PRATIQUES

Les participants sont invités à venir avec leur PC 64 bits, 8Go de RAM minimum (Linux /Win7/Win10). Quelques ordinateurs seront mis à disposition. Les jeux de données seront fournis.

➤ Pré-inscription

Envoyer un mail à pappso-inscriptions@groupes.renater.fr en indiquant votre nom et les coordonnées complètes de votre laboratoire.

Date-butoir de pré-inscription : **5 novembre 2018**.

Nombre de places limité à 26.

➤ Inscription

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

Frais d'inscription : 120 € TTC incluant les déjeuners des mardi 20, mercredi 21 et jeudi 22 novembre qui seront pris sur place.

Date limite d'inscription : **9 novembre 2018**.

➤ Lieu

L'atelier se déroulera sur le campus Paris-Saclay, dans la salle de conférences 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).