

Session de formation IFB

« Analyse fonctionnelle et interprétation de données de protéomique avec la plate-forme ProteoRE »

10-11 Juillet 2019,

Campus de Beaulieu, IFSIC, Bâtiment 12D, salle 102,
Rennes



1. **Contexte :** Avec la production accrue de données de protéomique à grande échelle (notamment par spectrométrie de masse), l'un des verrous porte désormais sur notre capacité à annoter et explorer ces longues listes de protéines en vue de leur interprétation biologique. ProteoRE (Proteomics Research Environment) est une infrastructure centralisée disponible en ligne qui permet aux utilisateurs biologistes/cliniciens sans expérience de programmation, d'interpréter leurs données de protéomique de façon interactive, reproductible et collaborative. Construit sur l'environnement Galaxy, ProteoRE (<http://www.proteore.org>) permet d'exécuter des outils d'annotation et de visualisation graphique, de construire et de partager des chaînes complètes d'analyse via des interfaces utilisateurs documentées. Dans sa version actuelle, ProteoRE permet de procéder à l'analyse fonctionnelle des données de protéomique provenant d'échantillons humains, de souris et de rat.
2. **Objectifs :** les participants apprendront comment utiliser les fonctionnalités du site ProteoRE pour interpréter et manipuler des données de protéomique sur la base de deux études de cas réels: i. annotation du protéome d'un échantillon biologique humain ou murin; ii. conception et mise en œuvre d'une stratégie de sélection de candidats biomarqueurs. L'accent sera mis principalement sur les aspects pratiques, des présentations sur les sources de données et les méthodologies d'analyse fonctionnelle utilisées seront également faites. A l'issue de cette formation, les participants seront capables de: manipuler leur données (filtrage, comparaison croisée, conversion d'identifiants), annoter les listes de protéines, réaliser des analyses fonctionnelles (tests d'enrichissement, exploration réseaux biologiques), de gérer,

extraire et partager leurs résultats sous Galaxy dans un contexte collaboratif et à des fins de publication (textes, graphiques, workflow et historique).

3. Événement

3.1 **Public visé** : biologistes/cliniciens (chercheurs, ingénieurs, post-docs et doctorants...), personnels des plates-formes ayant en projet ou en cours des expériences de protéomique – pas de pré-requis particulier.

3.2 **Nombre de participants attendus** : 12 max. (pas de frais d'inscription)

3.3 **Lieu et dates** : Campus de Beaulieu, IFSIC, Bâtiment 12D, salle 102, Rennes les 10 & 11 Juillet 2019

3.4 **Programme** :

Mercredi 10 Juillet 2019 (9h-18h):

Matin:

- Accueil et tour de table – présentation de la formation
- Présentation de l'environnement Galaxy (principes et fonctionnalités génériques) - 1h
 - Mise en pratique Galaxy (création et gestion de compte, chargement, export et partage de données, exécution d'outil...) - 2h00

Après-midi :

- Présentation de l'infrastructure ProteoRE (principes, stratégies d'annotation et outils, support) – 1h30
- Etude pratique n°1 : analyse fonctionnelle du protéome d'un échantillon (humain ou murin) analysé par spectrométrie de masse (LC-MS/MS) - 2h30

Jeudi 11 Juillet 2019 (9h-17h):

Matin :

- Etude Pratique n°2 : construction d'un « workflow » de sélection de biomarqueurs d'intérêt diagnostique (Nguyen et al., 2019) - 3h00

Après-midi :

- Table ronde : retour et partage d'expérience, stratégie d'analyse de jeux de données personnel, suggestions d'améliorations - 3h00
- Questionnaire de satisfaction et conclusion – 1h00

Intervenants : Valentin Loux (INRA, IFB), Yves Vandembrouck (CEA, IFB)

3.5 Site web:

Site de la plate-forme ProteoRE : <http://www.proteore.org>

Contact : proteome@univ-rennes1.fr

