

Invitation à participation pour l'Atelier PROSPECTOM 19, 20 et 21 Novembre 2014 – Grenoble

Etude visuelle et interactive des protéomes par apprentissage statistique et intégration des bases de données et de connaissances spectrométriques et « omiques ».

<http://prospectom.liglab.fr/atelier-2014>

Suite au succès de l'atelier Prospectom 2012, nous proposons une seconde édition de cet atelier destinée à la protéomique computationnelle.

Contexte et objectifs :

L'analyse du protéome, ou protéomique, vise à séquencer, identifier et quantifier de manière systématique l'ensemble des protéines exprimées dans un système biologique (organite, cellule, tissu, etc.), afin d'appréhender son fonctionnement global. Pour se faire, il est nécessaire d'avoir recours aux développements les plus récents de la biologie des systèmes, de la spectrométrie, mais aussi de la bio-informatique, de l'apprentissage automatique et de la visualisation de données.

En dépit des progrès considérables accomplis au cours de la dernière décennie en chromatographie et en spectrométrie de masse, permettant la mise en place de méthodes d'analyse « à haut débit » (*High Throughput Analysis*), la cartographie complète des protéomes doit faire actuellement face à des verrous scientifiques et technologiques majeurs, relevant de l'informatique, et des statistiques. En effet, la complexité des données d'origine protéomique est telle, que leur gestion automatisée soulève de nouvelles questions fondamentales en apprentissage automatique (l'absence de vérité terrain rend difficile l'usage de benchmarks, les méthodes incrémentales ou semi-supervisées doivent être favorisées), en fouille de données ou en analyse visuelle (quel modèle ou représentation privilégier ?), en traitement du signal (comment gérer les fortes non-linéarités ?), en étude des réseaux sociaux (prise en compte de la multiplicité des relations dans les complexes protéiques), en ingénierie des connaissances (interopérabilité entre les points de vue génomique, protéomique, métabolomique, etc.). Dans ce contexte, la protéomique est à même de proposer une partie des défis qui demain amèneront l'état de l'art de ces champs à évoluer.

Cet atelier, qui se déroule dans le cadre de l'appel MASTODONS « Grandes masses de données scientifiques » de la Mission Interdisciplinaire de CNRS, a pour objectif de favoriser la structuration d'une communauté scientifique française autour des enjeux de la protéomique computationnelle.

Programme de l'atelier

Le mercredi 19 novembre après-midi sera consacré à deux tutoriels (3h avec une pause médiane). Les participants pourront s'inscrire en fonction des places disponibles :

- Laurent Gatto (Cambridge Center for Proteomics, Cambridge)
An introduction to R/BioConductor for computational proteomics
- Caroline Truntzer (Clinical Proteomic Platform, Dijon)
Introduction aux biostatistiques pour la découverte de biomarqueurs

Les jeudi 20 et vendredi 21 novembre seront consacrés à :

- Des **conférences** sur différents thèmes connexes à la protéomique computationnelle (liste des conférenciers invités ci-dessous)
- Des **sessions thématiques** dans lesquelles les participants pourront présenter leurs travaux via des communications orales ou des posters
- Un **groupe de travail** sur la visualisation de données en protéomique

Conférenciers invités

- Analyse protéomique :
Yohann COUTE (INSERMnserm, EDyP, Grenoble) : *Défis de la protéomique quantitative label-free*
- Mesure en spectrométrie :
Mar-André DELSUC (CNRS, IGBMC, Strasbourg) : *titre à venir*
- Big data :
Sihem AMER-YAHIA (CNRS, LIG, Grenoble) : *Big User Health Data Management*

- Apprentissage automatique :
Jean-Philippe VERT (Institut Curie, Ecole des Mines, Paris) : *Machine Learning for personalized medicine*
- Visual analytics :
David AUBERT (LaBRI, Bordeaux) : *Visualisation interactive de données avec Tulip. Application aux réseaux biologiques*

Participation et appels à contribution :

La participation à l'atelier PROSPECTOM est gratuite sous réserve d'inscription (**avant le 20 octobre**). L'inscription permet d'assister aux 2 tutoriels, aux 5 séminaires invités, ainsi qu'aux sessions thématiques et au groupe de travail sur la visualisation.

Par ailleurs, afin de faciliter les échanges et la mise en place de projets collaboratifs, les contributions sont encouragées. Ces contributions pourront être soit un résumé d'une page ou d'un article court de 2 à 4 pages (donnant lieu à présentation orale) soit à un poster. La date de soumission est fixée au **10 octobre 2014**. Voici une liste (non exhaustive) des thèmes de l'atelier :

- Caractérisation du signal spectral
- Nature des spectres non assignés par les outils d'identification
- Méthodes de démultiplexages de spectre pour la DIA (Data Independent Acquisition)
- Comparaison/reproductibilité/ fiabilité des outils d'identification et de quantification
- Amélioration des méthodes Target/Decoy
- Estimation du FDR pour les protéines (Identification et quantification différentielle)
- Combinaisons d'outils d'identification
- Métrique, similarité et distances entre spectres (théoriques ou expérimentaux)
- Normalisation/imputation de données
- Tests statistiques pour la protéomique
- Extraction de structures saillantes dans les grands graphes
- Réseaux multi-capacités / multi-valuées
- Simplification de grands graphes, recherche de communautés
- Interopérabilité des bases de données « omics »
- Ontologies, standardisations, vocabulaires contrôlés
- Caractérisation des jeux de données "omics"
- Taxonomies de tâches
- Applications de techniques d'analyse visuelle aux problèmes "omics"
- Description d'outils de visualisation
- Outils d'exploration de grands réseaux
- Etc.

Dates importantes

- Soumission des contributions : avant le vendredi 10 octobre 2014
- Inscriptions : avant le lundi 20 octobre 2014
- PROSPECTOM 2014 : 19 novembre (tutoriels), 20 novembre et 21 novembre (à Grenoble)

Organisateurs et contacts

- Thomas Burger (CNRS, EDyP) : thomas.burger@cea.fr
- Gilles Bisson (CNRS, LIG/AMA) : gilles.bisson@imag.fr
- Christophe Bruley (CEA, EDyP) : christophe.bruley@cea.fr
- Renaud Blanch (Université Grenoble-Alpes, LIG/IIHM) : renaud.blanch@imag.fr
- Sylvain Bouveret (Université Grenoble-Alpes, LIG/STEAMER) : sylvain.bouveret@imag.fr
- Yves Vandenbrouck (CEA, EDyP) : yves.vandenbrouck@cea.fr

Laboratoires porteurs : Le Laboratoire d'Informatique de Grenoble (LIG, UMR 5217) et le laboratoire d'Etude de la Dynamique des Protéomes (iRTSV – CEA de Grenoble, FR 3425)

<http://prospectom.liglab.fr/>