



## Atelier de formation 203

Organisateurs / Organizers: Christine Brun (TAGC, Marseille), Jérôme Reboul (IPC, Marseille), Nicolas Thierry-Mieg (TIMC-IMAG, Grenoble)

### Interactomique : à la croisée des chemins entre biologie et bioinformatique

#### Phase I • Le point sur...

30 mars - 1<sup>er</sup> avril 2010 • Saint-Raphaël

#### Objectifs

Les protéines agissent rarement seules mais interagissent avec d'autres macromolécules afin d'assurer leurs fonctions. Ainsi, les interactions protéine-protéine jouent un rôle essentiel dans la plupart des processus biologiques. Des approches systématiques d'identification ont été développées depuis quelques années, notamment cribles double-hybride (Y2H) ou purification de complexes protéiques suivie d'identification par spectrométrie de masse (AP-MS). Celles-ci ont permis d'établir des réseaux complexes d'interactions entre protéines pour divers organismes modèles. Le déchiffrement de ces réseaux et leur étude sont en train de modifier notre perception des mécanismes gouvernant le fonctionnement de la cellule en fournissant une vision intégrée des processus biologiques. Cependant, leur complexité les rend difficiles à appréhender et à utiliser par le biologiste expérimental. Les principales difficultés rencontrées sont classiquement d'ordre méthodologique et technique (exemple : connaissance et manipulation des outils bioinformatiques) mais sont également et surtout dues à la modification de raisonnement et à la reformulation des questions biologiques que nécessite l'approche systémique.

Les réseaux d'interactions protéine-protéine constituant une source d'information biologique très riche et sous-exploitée, nous chercherons au cours de cet atelier à présenter aux biologistes expérimentaux les principaux enjeux de l'étude des interactomes. En effet, une meilleure connaissance des démarches, des interrogations et des solutions apportées par les groupes participant à la cartographie et à l'analyse des interactomes devrait faciliter l'utilisation de la ressource.

#### Public

Chercheurs, médecins, post-docs, techniciens, ingénieurs et étudiants intéressés par l'approche interactome et l'analyse des données existantes au profit de leur propre sujet de recherche.

Les conférences seront données en anglais.

#### Programme

- 1) Méthodes d'identification d'interaction protéine-protéine à grande échelle, validation des données obtenues, estimation de la qualité des données.
- 2) Bases de données d'interactions : provenance des données, standards, soumission directe.
- 3) Analyse topologique et fonctionnelle des réseaux protéine-protéine : méthodes et outils bioinformatiques.
- 4) Application à des questions biologiques : gènes candidats, signalisation, relation hôte-pathogène, développement, évolution.

#### Phase II • Maîtrise technique

Mai 2010 • Marseille

#### Programme

Au cours de la phase pratique, les participants apprendront à utiliser les outils bioinformatiques existants pour extraire des informations fonctionnelles à partir des données de protéomique (principalement interactions moléculaires) publiquement disponibles. Cette phase pratique s'adressera conjointement à deux sous-groupes de participants, selon le niveau initial en informatique. Les uns travailleront directement sur internet avec les outils disponibles en ligne, tandis que les autres téléchargeront divers jeux de données publiques puis les analyseront sur une station de travail locale. Cette seconde approche apporte plus de souplesse, mais nécessite une familiarité préalable avec l'environnement de travail GNU/Linux.

Spécifiquement, les participants apprendront de manière pratique à :

- explorer et/ou construire le réseau des interactions protéine-protéine connues au voisinage de leur protéine préférée (ou impliquées dans un processus donné, ou...),
- visualiser et analyser ce réseau.

L'objectif final est de permettre aux participants d'étudier leurs propres résultats expérimentaux à la lumière des interactions biomoléculaires déjà connues.

#### Sélection

15 participants seront sélectionnés parmi les participants de la phase I.

#### Avec la participation de / with the participation of

Javier De Las Rivas (Salamanca, Spain), Etienne Formstecher (Paris, France), Anne-Claude Gavin (Heidelberg, Germany), Kristin Gunsalus (New York, USA), Henning Hermjakob (Hinxton, UK), Carl Hermann (Marseille, France), Vincent Lotteau (Lyon, France), Fabio Piano (New York, USA), Evelyne Goillot (Lyon, France), Jolanta Polanowska (Marseille, France), Sylvie Ricard-Blum (Lyon, France), Benno Schwikowski (Paris, France), Jacques Van Helden (Bruxelles, Belgium), Marc Vidal (Boston, USA).

**Date limite d'inscription : 29 janvier 2010 • Registration deadline: January 29, 2010**

**Renseignements et inscriptions • Information and registration**

**Ateliers de formation - 101 rue de Tolbiac - 75654 Paris Cedex 13**

**Tel. 33 (0) 1 44 23 62 04 • Fax 33 (0) 1 44 23 62 93 • ateliers@inserm.fr • www.rh.inserm.fr**

### Interactomics: at the crossroads of biology and bioinformatics

#### Phase I • Critical assessment...

March 30- April 1<sup>st</sup>, 2010 • Saint-Raphaël

#### Aims

Proteins rarely act alone: they often interact with other macromolecules in order to accomplish their functions. Protein-protein interactions are therefore critical to most biological processes. Systematic approaches for identifying them have been developed over the years, such as yeast two-hybrid (Y2H) or affinity purification-mass spectrometry (AP-MS). These methods have enabled the mapping of complex interaction networks in various model organisms, which are profoundly modifying our understanding of cellular mechanisms by providing us with an integrated view of biological processes. However, due to their complexity, such networks can be intimidating and difficult to take advantage of by hypothesis-driven experimental biologists. The main difficulties are typically methodological and technical (for example knowledge and application of bioinformatics tools), but also and more fundamentally they stem from the changes in reasoning required by the systems biology approach.

Protein-protein interaction networks being a very rich but neglected source of information, the workshop will present the main strengths and challenges in producing and using this data. Indeed, a better understanding of the processes, questions and solutions proposed by labs that produce and analyze interactomics data should facilitate its general use.

#### Audience

Researchers, physicians, post-docs, technicians, engineers and students interested in the interactome approach and the analysis of existing protein-protein interaction data, in order to benefit to their own research projects.

Lectures will be given in English.

#### Programme

- 1) Identifying protein-protein interactions: high-throughput methods, validation of results, quality assessment.
- 2) Protein-Protein interaction databases: contents, standards, direct submissions.
- 3) Topological and functional analysis of protein-protein interaction networks: methods and tools.
- 4) Application to biological questions: candidate genes, signaling, host-pathogen interactions, development, evolution.

#### Phase II • Technical workshop

May 2010 • Marseille

#### Programme

Participants will learn to use existing tools for extracting functional information from publicly available molecular interaction data. The course is aimed at two subgroups of participants, depending on their computer skills. One subgroup will work essentially online using available web tools, while the other will download public datasets and analyse them locally on their workstation. The latter approach is more flexible but requires prior familiarity with GNU/Linux.

Specifically, participants will learn through hands-on experimentation to:

- explore and/or construct the protein-protein interaction network in the neighborhood of their favorite protein (or involved in a given process, or...),
- visualize and analyze this network.

The goal is to enable the participants to study their own results in the light of previously known biomolecular interactions.

#### Selection

15 participants will be selected from the participants phase I.