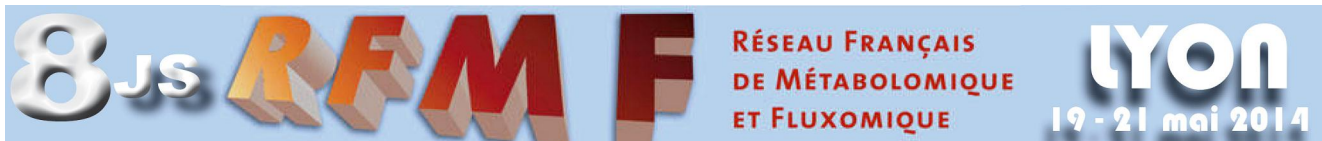




8èmes Journées Scientifiques du RFMF - 19 au 21 mai 2014 - Lyon



Factory and Libraries for Automatic Metabolomic Exploration : F.L.A.M.E.

Enrichir Galaxy d'analyses pour la métabolomique

Type de résumé : Poster

Session : Session Posters

Soumis par : Marion LANDI

Auteurs et Orateurs : Marion LANDI

Liste complète des auteurs - Affiliations :

Marion LANDI 1, Mélanie PETERA 1, Misharl MONSOOR 2, Gildas LE CORGUILLE 2, Christophe DUPERIER 1, Sophie GOULITQUER 2, Jean-François MARTIN 3, Pierre PERICARD 2, Etienne THEVENOT 4, Marie TREMBLAY-FRANCO 3, Christophe CARON 2, Franck GIACOMONI 1.

1 PFEM, UMR1019 INRA, Centre Clermont-Ferrand-Theix, 63122, Saint Genes Champanelle, France

2 ABiMS, FR2424 CNRS-UPMC, Station Biologique, Place Georges Teissier, 29680, Roscoff, France

3 PF MetaToul-AXIOM, UMR 1331 Toxalim INRA, 180 chemin de Tournefeuille, F-31027, Toulouse, France

4 DRT/LIST/DM2I/LADIS, Saclay Center CEA, F-91191, Gif-sur-Yvette, France

Le projet FLAME (Factory and Libraries for Automatic Metabolomic Exploration) a pour objectif de proposer à la communauté scientifique internationale un outil bioinformatique rapide et efficace, disponible via une interface web pour l'annotation expertisée et à haut débit des empreintes métabolomiques. Après une phase de validation, nous avons sélectionné la plateforme web scientifique Galaxy, orientée génomique (<http://galaxyproject.org/>), avec l'ambition de l'enrichir de outils dédiés au traitement de données métabolomiques.

Dans le projet FLAME, l'approche de Galaxy se fait suivant deux angles distincts :

- celui d'une personne voulant contribuer à l'amélioration de cette plate-forme par le développement de nouveaux outils ou par l'optimisation du fonctionnement général ;
- celui de l'utilisateur sans connaissance en informatique, qui souhaite traiter ses données brutes et aller jusqu'à l'identification, voir à l'analyse des réseaux métaboliques.

Suivant l'approche d'amélioration de Galaxy, de nombreux scripts d'analyses ont été développés et/ou intégrés à cette plateforme. Ils permettent l'extraction des signaux, des analyses statistiques et l'annotation par interrogation de banques de données. La conception de chaque outil d'analyse se fait de manière à ce qu'il puisse être enchaîné automatiquement avec d'autres par la fonctionnalité « workflows » de Galaxy. Le projet FLAME a permis de nouer de solides collaborations avec la plateforme bioinformatique ABiMS et les équipes de l'infrastructure nationale de métabolomique MetaboHUB. Ces échanges ont permis de développer de nouveaux outils de traitement, d'augmenter leur fréquence de mise à jour et de diversifier les stratégies d'analyses bioinformatiques.

L'environnement Galaxy se propose de mettre à disposition des plateformes de production et de traitement de données en métabolomique, une boîte à outils aujourd'hui complète, des enchaînements pré-paramétrés et optimisés, tout en disposant d'une totale traçabilité des analyses effectuées.

Références bibliographiques :

Mots-clés :

Galaxy, bioinformatique, traitement de données, métabolomique.

Commentaires

Aucun commentaire pour ce résumé

© INRA 2013