

Réseaux métaboliques : interface graphique et graphes.

Antoine LAPORTE (antoine.laporte@inrae.fr)^{1,2}

¹INRAE Bordeaux-Aquitaine, UMR 1332 - BFP; ²Domaine de la Romanée-Conti, Vosne-Romanée

Le métabolisme, c'est le "phénotype ultime", l'expression finale des gènes et de toute la machinerie moléculaire, c'est le fonctionnement global d'un organisme vivant. On peut choisir d'en étudier une partie uniquement, une voie métabolique ou un niveau de complexité (métabolisme primaire/secondaire) ou encore son entièreté, à l'échelle d'un organisme ou d'une colonie dans le cas de bactéries par exemple. De nombreuses étapes sont nécessaires pour arriver à un réseau fonctionnel (Thiele and Palsson (2010)). Ce projet s'intègre à ma thèse dont le thème est la reconstruction de réseaux et l'étude du métabolisme du pinot noir sur différents climats de Bourgogne.

Modélisation | Métabolisme | Python | Bioinformatique

Le projet

Vous vous intéresserez à des GEM ou GSM, "Genome Scale Metabolic networks" ou "réseaux métaboliques à échelle du génome". Dans un premier temps, via le développement d'une interface graphique pour *PlantGEMs*^{*}, la méthode de reconstruction automatique de réseaux métaboliques que je développe. Puis, dans un seconds temps, par la création, l'affichage et le parcours de réseaux métaboliques, préférentiellement dans cette même interface graphique.

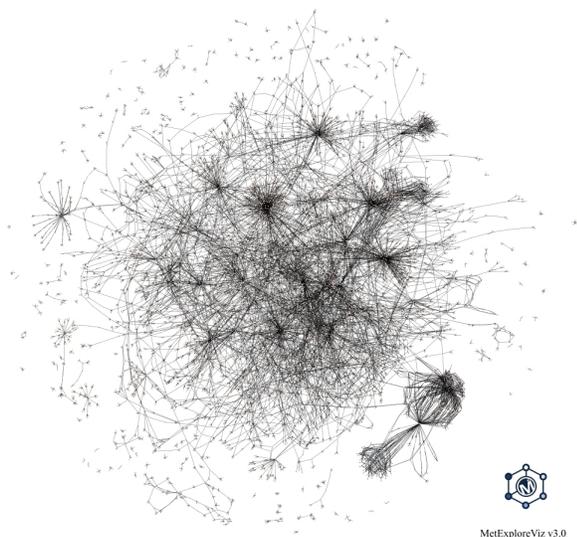


Fig. 1. Réseau métabolique de *Cucumis sativus* reconstruit avec PlantGEMs en 2020, visualisation avec MetExploreViz [Chazalviel et al. \(2017\)](#)

^{*}<https://github.com/AsaLap/PlantGEMs>

Vous avez deux contraintes, l'utilisation du langage Python et d'outils open source. Le choix des bibliothèques (graphiques, parcours de réseaux...) est à votre discrétion tant que celui-ci est réfléchi. Vous serez guidés si nécessaire pour le choix de ces dernières.

Les analyses biologiques seront aussi à votre discrétion, à vous de réfléchir comme un bioinformaticien et de combiner vos connaissances dans la biologie et l'informatique afin d'obtenir des résultats/graphiques pertinents.

A titre d'exemple, vous trouverez une représentation d'un réseau entier en figure 1.

Livrables

- Une interface graphique d'entrée de données et de sélection de paramètres
- Une interface graphique permettant de parcourir un ou plusieurs réseaux métaboliques avec plus ou moins de précision (changement d'échelles)
- Une génération automatique de graphiques "bruts" d'analyse des composants d'un ou plusieurs réseaux métaboliques (analyse intra-réseau)
- Une génération automatique de graphiques "bruts" d'analyse comparative de réseaux métaboliques (analyse inter-réseaux)
- Une présentation du projet et des fonctionnalités développées

References

Chazalviel, M., Frainay, C., Poupin, N., Vinson, F., Merlet, B., Gloaguen, Y., Cottret, L., and Jourdan, F. (2017). MetExploreViz: web component for interactive metabolic network visualization. *Bioinformatics*, 34(2):312–313.

Thiele, I. and Palsson, B. (2010). A protocol for generating a high-quality genome-scale metabolic reconstruction. *Nature Protocols*, 5(1):93–121.