

Cytoscape plugin for analysis, network construction, and visualization of proteomics data

Su MELSER, Charlotte HÉRICÉ

Elysia Bioscience

Technopole Bordeaux Montesquieu – Martillac

su.melser@elysia-bioscience.com charlotte.herice@elysia-bioscience.com

Sujet :

Le développement de nouveaux produits pour l'agriculture, sans risque pour l'environnement et l'homme, est essentiel pour atteindre les objectifs de développement durable et de sauvegarde de la biodiversité. Dans ce contexte, un des défis est de mesurer les multiples changements biologiques qui s'opèrent chez les plantes lors des tests d'application de ces produits. Il en est de même pour le développement de nouveaux produits cosmétiques pour l'humain. Tous ces changements, que ce soit dans une plante ou sur de la peau, peuvent être révélés par des études dits « omiques » [1]. Cependant, l'extraction de résultats fiables et significatifs de ces expériences est généralement difficile et requiert des outils et des algorithmes de calcul sophistiqués, qui sont difficiles à comprendre pour les biologistes expérimentaux. Un logiciel convivial est extrêmement important pour effectuer des analyses de données omiques dans la recherche de nouveaux produits pour l'agriculture [2].

Elysia Bioscience possède un jeu de données protéomiques issues d'études pour la protection / nutrition des plantes et pour l'industrie cosmétique. Le but de ce projet est le développement d'une interface web locale permettant l'automatisation des processus pour faciliter l'organisation et l'analyse de données de protéomique de plantes et d'humain [3], [4]. Une base de travail est disponible sous la forme d'un plugin Cytoscape et d'une autre interface web développée au sein de l'entreprise. Une stagiaire de M2 bio-informatique est actuellement en train de travailler sur ce thème, le groupe d'étudiants M1 aideraient donc à l'avancement du projet. Le développement pourra également s'appuyer sur des travaux précédemment publiés et validés dans la communauté scientifique, par exemple [5], [6]. La partie « biologie » du projet sera encadrée par Su MELSER et la partie « bio-informatique » par Charlotte HÉRICÉ.

Langages :

- Javascript / HTML / CSS
- PostgreSQL (éventuellement)

Conditions :

- Confidentialité
- Autonomie
- Rédaction du cahier des charges et du rapport en anglais
- Réunions d'avancement présentiel / visio au moins une fois par semaine

Bibliographie :

[1] G. Tanou, V. Fotopoulos, et A. Molassiotis, «Priming against environmental challenges and proteomics in plants: Update and agricultural perspectives », *Front. Plant Sci.*, vol. 3, 2012, doi: 10.3389/fpls.2012.00216.

[2] S. J. Wodak, S. Pu, J. Vlasblom, et B. Séraphin, « Challenges and Rewards of Interaction Proteomics », *Mol. Cell. Proteomics*, vol. 8, no 1, p. 3-18, janv. 2009, doi: 10.1074/mcp.R800014-MCP200.

[3] C. M. Carnielli, F. V. Winck, et A. F. Paes Leme, « Functional annotation and biological interpretation of proteomics data », *Biochim. Biophys. Acta BBA - Proteins Proteomics*, vol. 1854, no 1, p. 46-54, janv. 2015, doi: 10.1016/j.bbapap.2014.10.019.

[4] P. Shannon et al., « Cytoscape: a software environment for integrated models of biomolecular interaction networks », *Genome Res.*, vol. 13, no 11, p. 2498-2504, nov. 2003, doi: 10.1101/gr.1239303.

[5] M. Kucera, R. Isserlin, A. Arkhangorodsky, et G. D. Bader, « AutoAnnotate: A Cytoscape app for summarizing networks with semantic annotations », *F1000Research*, vol. 5, juill. 2016, doi: 10.12688/f1000research.9090.1.

[6] M. Li, J. Yang, F.-X. Wu, Y. Pan, et J. Wang, « DyNetViewer: a Cytoscape app for dynamic network construction, analysis and visualization », *Bioinformatics*, vol. 34, no 9, p. 1597-1599, mai 2018, doi: 10.1093/bioinformatics/btx821.