

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

Su MELSER, Charlotte HERICE

*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. Ces changements peuvent être révélées 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].

Le but de ce projet est le développement script d'automatisation des process, potentiellement sous la forme d'un plugin intégré à Cytoscape, pour faciliter l'organisation et l'analyses de données de protéomique de plantes [3], [4]. Le développement pourra 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 MESLER et la partie « bio-informatique » par Charlotte HÉRICE.

Langages :

- Cytoscape command line:
https://manual.cytoscape.org/en/3.5.0/Programmatic_Access_to_Cytoscape_Features_Scripting.html
- Java (si plugin) ou Python ou JavaScript

Conditions :

- Autonomie
- Meetings au moins une fois par semaine pour l'avancement du projet
- Confidentialité
- Rédaction du cahier des charges et du rapport en anglais

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, n° 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, n° 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, n° 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, n° 9, p. 1597-1599, mai 2018, doi: 10.1093/bioinformatics/btx821.