

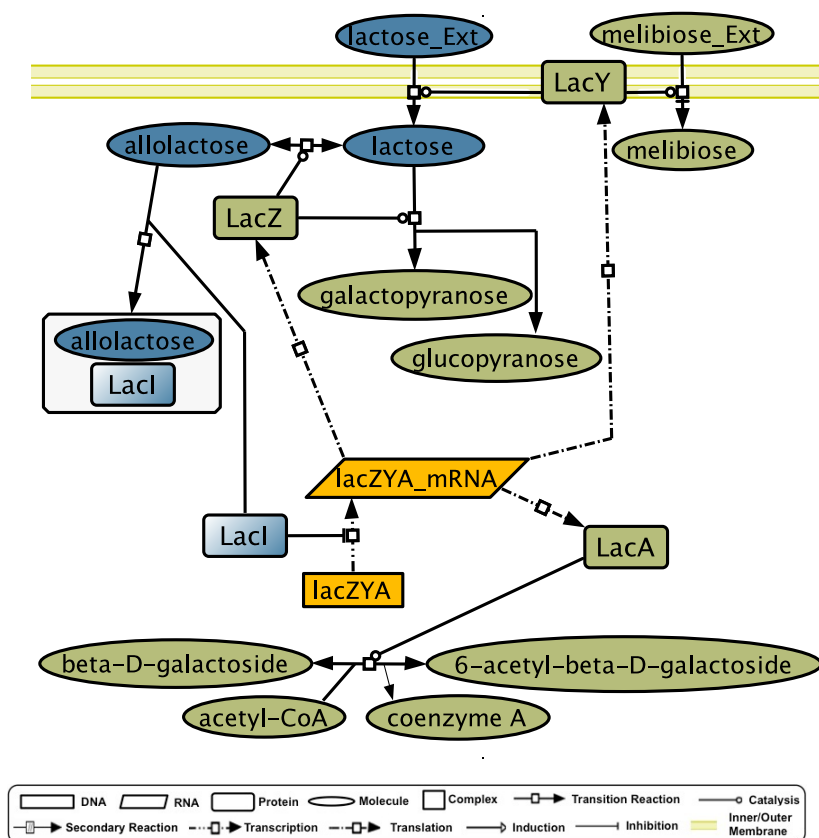
## Proyecto Colaborativo de Desarrollo de Software

**Nombre del proyecto:** Creación automática de redes en Cytoscape

**Responsable principal:** Dra. Daniela Ledezma Tejeda (dledezma@lcg.unam.mx)

### Breve planteamiento del problema:

RegulonDB es la base de datos más completa de Regulación Transcripcional de *Escherichia coli*<sup>1</sup> (<http://regulondb.ccg.unam.mx/>). Entre los datos que se incluyen en la base de datos se encuentran redes que contienen diversos tipos de objetos, como proteínas, genes, metabolitos, RNAs, así como diversas interacciones entre ellos. A la fecha, estas redes, denominadas GENSOR Units<sup>2</sup> (acrónimo de Genetic Sensory Response Unit), se construyen automáticamente convirtiendo un set de 5 tablas relacionales a un formato xml que puede alimentarse al software Cell Designer, el cual está optimizado para representaciones gráficas de componentes celulares (Figura 1).



**Figura 1.** Ejemplo de GENSOR Unit construida en el software Cell Designer

Una de las desventajas de utilizar CellDesigner es que las imágenes deben ser ordenadas a mano, lo que representa un cuello de botella para la actualización de la base de datos. Además, las GENSOR Units se exportan en formato PNG, por lo que los usuarios de RegulonDB no pueden interactuar con los objetos.

Cytoscape<sup>3</sup> es el software más utilizado para representar redes biológicas. Actualmente cuenta con un gran número de aplicaciones que permiten agregar funciones al software básico. El paquete RCy3 de R interactuar directamente con Cytoscape, abriendo la posibilidad de crear GENSOR Units en Cytoscape de forma totalmente automática con sólo un script de R. La ventaja añadida de esta automatización es que permitirá exportar las redes como una página web donde los usuarios puedan mover directamente los elementos, o aplicar un ordenamiento estándar.

**Objetivo del proyecto:**

Generar un paquete de R que, a partir de tablas relacionales en formato texto, produzca una red en formato Cytoscape utilizando el paquete RCy3.

**Datos con los que se cuenta:**

189 sets de archivos en formato texto que deben ser convertidos en 189 redes en formato Cytoscape.

**Resultado ideal que debe generar el software:**

Redes en formato Cytoscape listas para ser exportadas a página web.

**Referencias Útiles:**

1. Gama-Castro, S. *et al.* RegulonDB version 9.0: high-level integration of gene regulation, coexpression, motif clustering and beyond. *Nucleic Acids Res.* **44**, D133-43 (2016).
2. Ledezma-Tejeida, D., Ishida, C. & Collado-Vides, J. Genome-Wide Mapping of Transcriptional Regulation and Metabolism Describes Information-Processing Units in Escherichia coli. *Front. Microbiol.* **8**, 1–15 (2017).
3. Shannon, P. *et al.* Cytoscape: a software environment for integrated models of biomolecular interaction networks. *Genome Res.* **13**, 2498–504 (2003).

Documentación

<https://bioconductor.org/packages/release/bioc/html/RCy3.html>

RCy3: