DEPUIS LA PLATEFORME



NICOLAS ELIE¹, YANN GUITTON² ET DAVID TOUBOUL¹

¹ Institut de Chimie des Substances Naturelles, CNRS UPR 2301, Université Paris-Saclay, Avenue de la Terrasse, 91198 Gif-sur-Yvette, France ² Oniris, INRAE, LABERCA, 44300 Nantes

Réseaux moléculaires [1] :

- pleinement intégrés dans les démarches de déréplication de mélanges complexes
- accéder de manière visuelle et interactive à l'ensemble du jeu de données MS et MS/MS

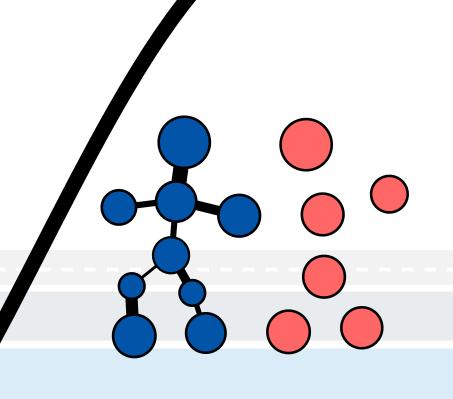
Plusieurs workflows disponibles pour extraire ou exporter les données MS et MS/MS :

- MzMine est actuellement l'outil le plus populaire dans ce domaine
- Worklow4Metabolomics (W4M) [2] offre de nombreux avantages en termes de programmation fine des opérations de traitement de données et la possibilité d'accès à un serveur dédié de calculs pour accélérer les tâches

Important d'explorer la possibilité d'interfacer W4M et MetGem [3] afin d'offrir une solution intégrée à la communauté scientifique en métabolomique.

- Mise à jour de **MetGem** vers la version **1.4**
- Ajout possible d'autant de visualisations que nécessaire
- Développement d'une version en ligne de commande
- Création d'un workflow W4M qui interface MetGem

MZmine 2 MZmine 3





msPurity

metgem Molecular networking based on MS/MS spectra (Galaxy Version 1.3.6+galaxy0) Please provide a value for this option. ▼ 🗁 No mgf or msp dataset available Input file to process. (--input) Data Read Options Cosine Score Computing Options Network → Insert Network Add Classical Network (GNPS-like) view. t-SNE ♣ Insert t-SNE Add t-SNE embedding based view. Execute

- Olivon, F., Elie, N., Grelier, G., Roussi, F., Litaudon, M., & Touboul, D. (2018). MetGem Software for the Generation of Molecular Networks Based on the t-SNE Algorithm. Analytical Chemistry, 90(23),

- Elie, N., Santerre, C., & Touboul, D. (2019). Generation of a Molecular Network from Electron Ionization Mass Spectrometry Data by Combining MZmine2 and MetGem Software. Analytical Chemistry,

metgem-cli (Version 1.3.6) • Intégration dans W4M permet de disposer d'un workflow complet pour générer des réseaux moléculaires

- Données brutes traitées par msPurity pour en extraire les features
- Features sont ensuite représentées sous la forme de réseaux moléculaires par MetGem

13900–13908. https://doi.org/10.1021/acs.analchem.8b03099 🗹

91(18), 11489–11492. https://doi.org/10.1021/acs.analchem.9b02802 🗹

Citations: [

Requirements: ?

- Accélération des calculs grace à la puissance de calcul des serveurs W4M
- Interactivité de MetGem, notamment modification rapide des paramètres de visualisation sans avoir à recalculer les scores de similarité









[3] 10.1021/acs.analchem.8b03099