

PARTIE 1

Étude théorique : CellDesign

1. Présentation générale de l'outil

CellDesigner est un logiciel libre de modélisation et de visualisation des réseaux biologiques. Il est principalement utilisé pour représenter les voies métaboliques, les interactions protéine-protéine et les réseaux de signalisation cellulaire.

Ce logiciel est développé dans le cadre du projet Systems Biology et est largement utilisé en biochimie et en biologie des systèmes pour comprendre le fonctionnement des processus biologiques complexes.

2. Fonctionnalités principales

CellDesigner permet :

- La création de diagrammes biologiques (pathways métaboliques et réseaux de signalisation).
- La représentation graphique des réactions biochimiques et des enzymes.
- L'annotation des modèles biologiques avec des informations détaillées.
- L'exportation des modèles au format SBML (Systems Biology Markup Language).
- L'intégration avec d'autres outils de simulation comme COPASI.

3. Aspects techniques

CellDesigner est :

- Un logiciel open source.
- Développé en langage Java.
- Compatible avec Windows, Linux et macOS.
- Conforme aux standards SBML pour la modélisation biologique.

4. Points forts

Les principaux avantages de CellDesigner sont :

- Interface graphique intuitive et facile à utiliser.
- Représentation visuelle claire des réseaux biologiques.
- Outil gratuit et largement utilisé dans la recherche scientifique.
- Compatible avec d'autres logiciels de bioinformatique.
- Articles scientifiques sur Systems Biology

5. Limites et points faibles

Cependant, CellDesigner présente certaines limites :

- Les capacités de simulation sont limitées par rapport à des logiciels comme COPASI.
- Nécessite des connaissances en biologie et en biochimie pour construire des modèles corrects.
- Peut-être lent pour des modèles très complexes.

6. Conclusion

CellDesigner est un outil puissant pour la visualisation et la modélisation des réseaux biologiques. Il est particulièrement utile en biochimie pour représenter les voies métaboliques et comprendre les interactions moléculaires. Son caractère open source et sa compatibilité avec les standards SBML en font un logiciel important dans le domaine de la biologie des systèmes.

PARTIE 2

1. Présentation de Zenodo

➤ Objectifs de la plateforme

Zenodo est une plateforme numérique créée pour permettre aux chercheurs de stocker, partager et préserver leurs productions scientifiques. Son objectif principal est de faciliter la diffusion libre des données de recherche et d'assurer leur accessibilité à long terme.

➤ Types de contenus hébergés

La plateforme Zenodo héberge différents types de ressources scientifiques, notamment :

- Des jeux de données (datasets)
- Des articles scientifiques
- Des logiciels et codes sources
- Des présentations et rapports
- Des images et fichiers multimédias

Elle accepte plusieurs formats de fichiers et fournit un identifiant DOI pour chaque dépôt.

➤ Intérêt de Zenodo pour la science ouverte et les sciences de la nature et de la vie

Zenodo joue un rôle important dans la promotion de la science ouverte (Open Science) en permettant un accès libre et gratuit aux données scientifiques.

Dans le domaine des sciences de la nature et de la vie, cette plateforme facilite le partage des données biologiques, génétiques et biochimiques, ce qui favorise la collaboration entre les chercheurs .

2. Description des étapes réalisées

Dans cette étude, nous avons effectué une recherche sur la plateforme Zenodo en utilisant le mot-clé “cell”.

Nous avons choisi comme thème l’analyse single-cell en oncologie, et le dataset sélectionné s’intitule : “Single-cell analysis of the tumor microenvironment in brain metastasis initiation”

Après avoir sélectionné ce dataset, nous avons consulté la page du dépôt, téléchargé les fichiers disponibles et récupéré les métadonnées associées. Des captures d’écran ont été réalisées pour illustrer les différentes étapes (recherche, sélection et téléchargement du dataset).

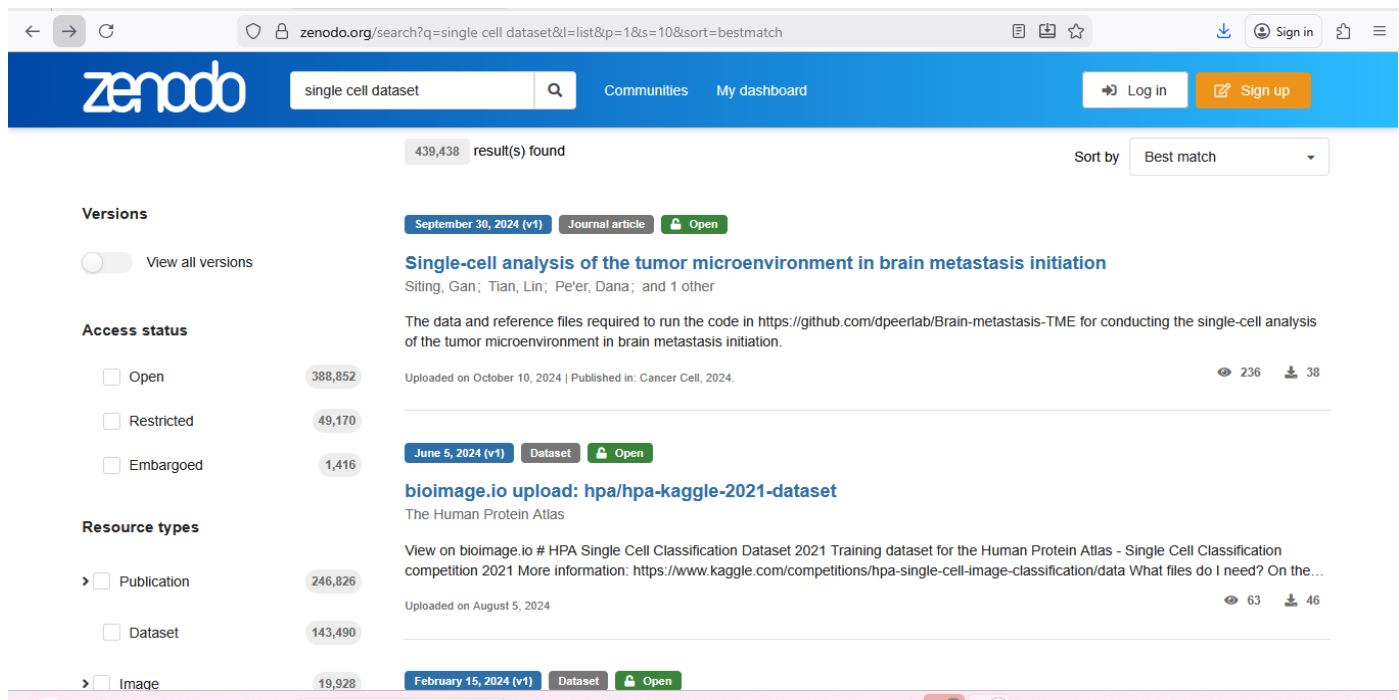


Figure 1 : Recherche d’un dataset sur la plateforme Zenodo

Cette figure montre la recherche effectuée sur Zenodo en utilisant le mot-clé “single-cell”. Plusieurs résultats sont affichés, et nous avons sélectionné un dataset pertinent dans le domaine de la biologie et du cancer.

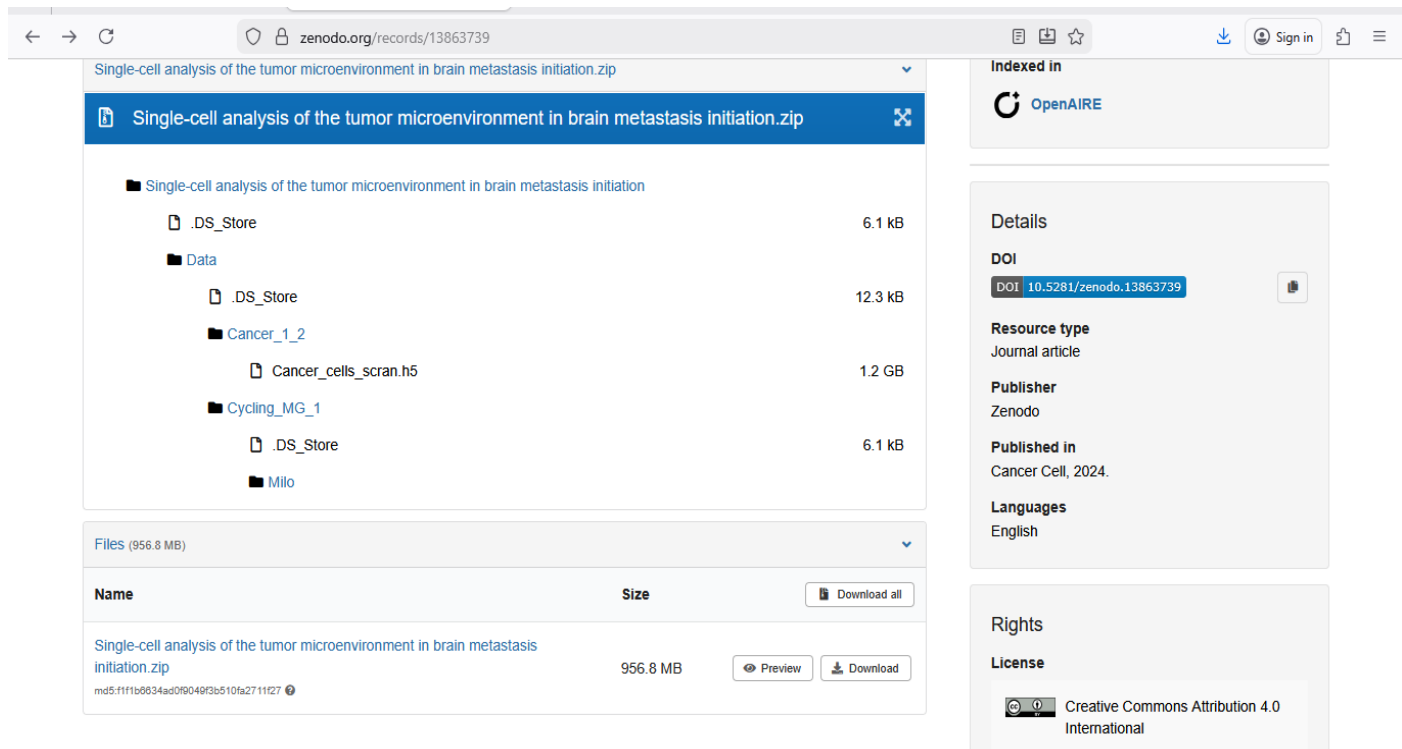


Figure 2 : Dataset sélectionné sur Zenodo

Cette figure présente le dataset intitulé “*Single-cell analysis of the tumor microenvironment in brain metastasis initiation*”. La page contient les informations principales telles que le titre, les auteurs, la date de publication, le DOI et les fichiers disponibles pour téléchargement.

3. Méthodologie du dataset

Le dataset choisi est basé sur la technologie single-cell, une approche permettant d’analyser les caractéristiques biologiques au niveau de chaque cellule individuellement. Cette technologie est largement utilisée pour étudier le microenvironnement tumoral et pour comprendre les interactions entre les cellules cancéreuses et les cellules du système immunitaire. Les métadonnées ont été extraites conformément à la norme Dublin Core et comprennent le titre, les auteurs, la date de publication, le DOI, le type de ressource, les mots-clés, le format des fichiers ainsi que la licence d’utilisation.

Tableau des métadonnées du dataset (Dublin Core) :

| Élément | Informations du dataset Zenodo |
|---------------------|---|
| Titre | Single-cell analysis of the tumor microenvironment in brain metastasis initiation |
| Créateurs (Authors) | Sting, Can ; Tan, Lin ; Peer, Dana |
| Éditeur (Publisher) | Zenodo |
| Date de publication | 30 septembre 2024 |
| Type de ressource | Article scientifique / Jeu de données (Dataset) |
| Identifiant (DOI) | 10.5281/zenodo.13863739 |
| Description | Jeu de données associé à une étude d’analyse single-cell du microenvironnement tumoral dans les métastases cérébrales du cerveau. |
| Format | Fichiers ZIP et fichiers H5 (données biologiques) |
| Sujet (Mots-clés) | Single-cell analysis, tumor microenvironment, brain metastasis, cancer |
| Langue | Anglais |
| Droits | Licence fournie par Zenodo |

Commentaire :

Les métadonnées présentées dans le tableau permettent d'identifier clairement le dataset et de comprendre son contexte scientifique. Elles fournissent des informations essentielles telles que le titre, les auteurs, la date de publication et le DOI, ce qui facilite la citation et la réutilisation des données par d'autres chercheurs. De plus, la description du type de données, du format des fichiers et de la licence garantit une utilisation correcte et conforme aux principes de la science ouverte.

Conclusion :

En conclusion, Zenodo permet le partage des données scientifiques en open Access. Le dataset étudié fournit des informations importantes sur le microenvironnement tumoral grâce à l'analyse single-cell, et les métadonnées Dublin Core facilitent son identification et sa réutilisation.

PARTIE 3

Conformément aux instructions de la Partie 3, j'ai mis en ligne mon rapport en format PDF sur GitHub. Vous pouvez y accéder via le lien suivant :

https://github.com/hamrichemarwa5-lab/Zenodo_report.gitt.

Le repository est public afin de garantir un accès direct et sans restriction. Je reste à votre disposition pour toute précision complémentaire.

