



الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية  
وزارة التعليم العالي و البحث العلمي  
République Algérienne Démocratique et Populaire  
Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique



جامعة محمد الصديق بن يحيى جيجل *Université Mohamed S.B Jijel*

كلية علوم الطبيعة و الحياة *Faculté des sciences de la nature et de la vie*

*Département de Microbiologie appliquée et sciences alimentaires*

*Niveau : 1ère année Master Microbiologie Appliquée*

*Module : Logiciels Libres et Open Source*

**DEVOIR :**

**ETUDE THÉORIQUE D'UN OUTIL DE BIOLOGIE « CELLDISIGNER »**

**EXPLORATION DE « ZENODO »**

*Réalisé et mise en page par :*

*Azieb Nesrine*

*L'année universitaire 2025/ 2026*

# SOMMAIRE

<b><u>Introduction</u></b>	page 03
<b><u>Partie 1</u></b> <b><u>Partie théorique</u></b>	page 03-07
<b><u>Etude théorique d'un outil de biologie « CellDesigner »</u></b>	
1. <b><u>Présentation de l'outil</u></b>	page 03-05
2. <b><u>Fonctionnalités principales</u></b>	page 05
3. <b><u>Aspect technique</u></b>	page 06-07
4. <b><u>Points forts</u></b>	page 07
5. <b><u>Limites et points faibles</u></b>	page 07
6. <b><u>Conclusion</u></b>	page 07
 <b><u>Partie 2</u></b> <b><u>Partie pratique</u></b>	 page 07-10
<b><u>Exploration de « Zenodo »</u></b>	
1. <b><u>Présentation de zenodo</u></b>	page 07-08
2. <b><u>Les étapes réalisés</u></b>	page 08-09
3. <b><u>Métadonnées de dataset</u></b>	page 09-10
4. <b><u>Le lien vers l'entrepôt de rapport</u></b>	page 10
<b><u>Conclusion</u></b>	page 11
<b><u>Références bibliographiques</u></b>	page 12
<b><u>Annexes</u></b>	page 12

## Introduction :

Les logiciels libres et open source occupent aujourd'hui une place essentielle dans le domaine scientifique, en particulier dans les sciences de la nature et de la vie. Ils offrent aux chercheurs et aux étudiants des outils accessibles, transparents et collaboratifs, favorisant le partage des connaissances et la reproductibilité des travaux scientifiques. Grâce à leur gratuité et à la possibilité de consulter et de modifier le code source, ces logiciels constituent une alternative efficace aux solutions propriétaires, tout en répondant aux exigences de la recherche moderne.

Dans ce contexte, l'utilisation de plateformes ouvertes et d'outils spécialisés permet non seulement de produire et d'analyser des données scientifiques, mais aussi de les diffuser selon les principes de la science ouverte. Ce devoir s'inscrit dans cette dynamique et vise à explorer l'intérêt des logiciels libres et open source à travers une étude théorique et une application pratique, tout en mettant en évidence leur rôle dans la recherche en sciences de la nature et de la vie.

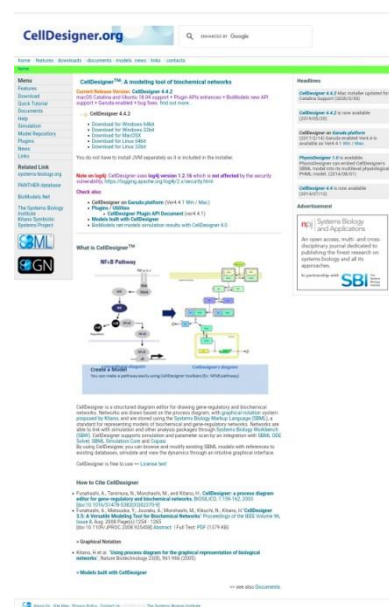
## Partie 3      Partie théorique

### Etude théorique d'un outil de biologie « CellDesigner »

#### 1. Présentation de l'outil

(<https://www.celldesigner.org/>) (Funahashi, A.2003.2008) ( Kitano .2005)

**CellDesigner** : c'est un éditeur de diagrammes structurés permettant de dessiner des réseaux de régulation génique et biochimiques.



**figure 1** : la page d'accueil de Celldesigner (capture d'écran)

Pour une meilleure compréhension de l'essence de ce programme, il n'y a pas mieux qu'avoir un aperçu sur l'historique

La fin des années quatre vingt dix, un flux énorme des études sur les réseaux de régulation géniques, les réseaux biochimiques ainsi que les voies métaboliques complexes ;

Pas seulement la complicité des données mais aussi que chaque équipe de recherche travail sur des logiciels différents et stocke leurs résultats séparément ;

Et comme c'est la nécessité qui fait naître l'innovation, elle a apparait une notion de « Biologie des systèmes » avec les travaux de Hiroaki Kitano qui consiste à comprendre l'intégralité de système biologique à travers le mélange théorie+modélisation informatique+expérimentation ;

L'application de cette notion nécessite des outils informatique et mathématiques, d'où viendraient les innovation suivantes :

- Développement de SBML ( system biology markup language ) par Michael Hucka et Hiroahi Kitano avec autres chercheurs, c'est une langue basée sur XML utilisée pour présenter les espèces, les réactions, les cinétique et les paramètres . Mais, ne fait ni dessins ni simulations, seulement une description.

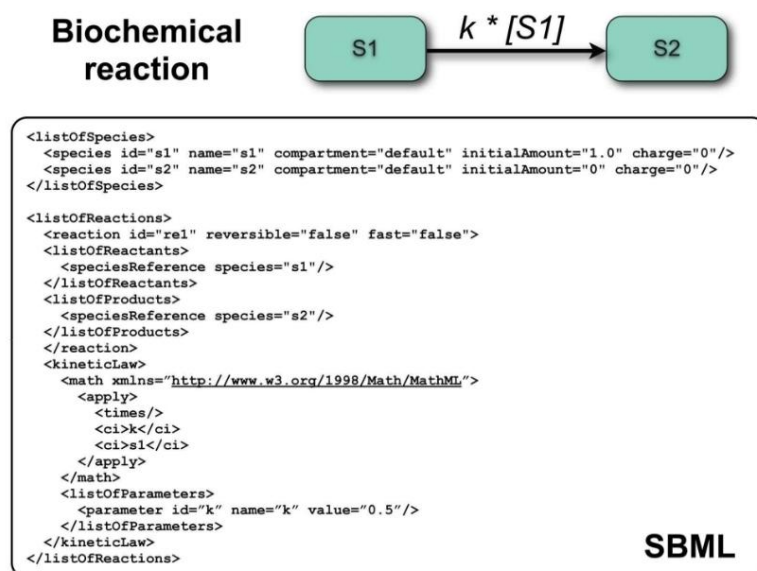


Figure 2 : exemple de représentation par SBML (Funahashi, A.2008)

- Kitano une autre fois proposa l'outil graphique standard SBGN (system biology graphical notation) mais c'est pas un logiciel, c'est juste un système de notation unifié, expressive, non ambiguë sémantiquement, claire visuellement et extensible.

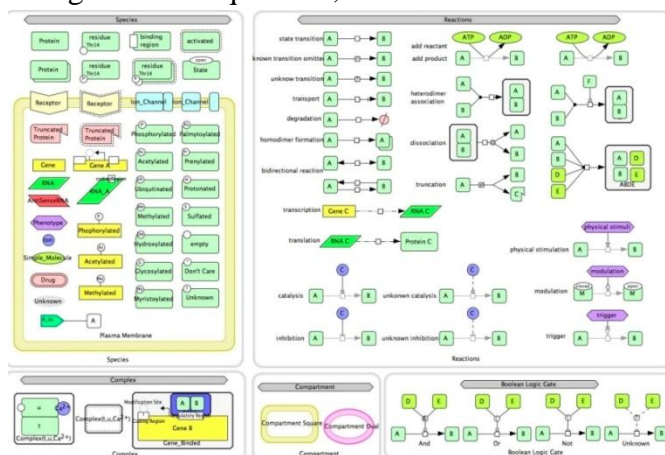


Figure 3 : exemples des signes de notation de SBGN  
(<https://celldesigner.org/documents/StartupGuide41.pdf>)

- Donc, l'analyse et description, la simulation et le dessin sont séparément disponibles, pour créer un pont entre les outils et les assembler ils ont développé un programme qui fonctionne comme un lien SBJW( system biology workbench) .
- Enfin, en 2003, Hiroaki Kitano avec Mineo Morahashi et Akira Funahashi pour assembler le précédent : notation graphique de Kitano+compatibilité SBML+ intégration SBW.

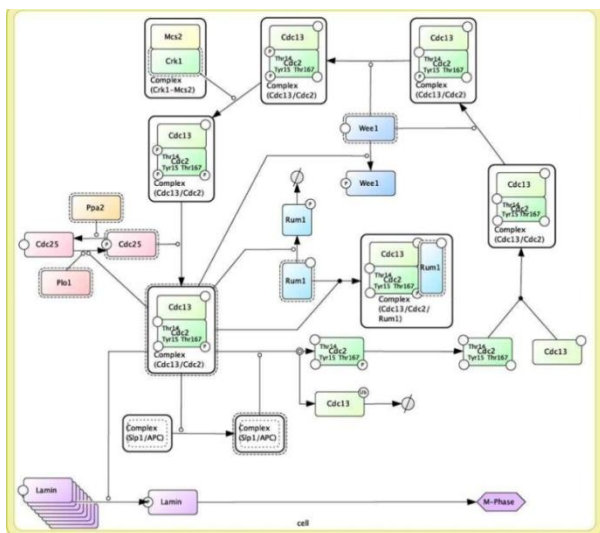


Figure 4 : présentation de diagramme de processus de cycle MPF (Funahashi, A.2008) .

## 2. Fonctionnalités principales

( <https://www.celldesigner.org/features.html> )

Les fonctionnalités de la version courante ( version 4.4.2) sont les suivants :

- Modélisation des réseaux de régulation génique biochimiques avec interface graphique
- Représentation visuelle de la sémantique biochimique
- Notation graphique complète : Diagramme de processus SBGN
- Conforme à la norme SBML
- Intégration directe avec SBML ODE Solver et Copasi
- Liaison fluide avec le module de simulation alimenté par SBW
- Connexions à la base de données
- Exporter l'image vers des fichiers image, y compris aux formats PDF et SVG.

## 3. Aspect technique

(<https://www.celldesigner.org/>) (Funahashi, A.2003.2008) ( Kitano .2005)

- En principe, **CellDesigner** est un logiciel de modélisation biologique pour les réseaux de régulation et signalisation géniques, biochimique et métaboliques. Il est à **accès libre** pour la recherche et l'emploi académique.
  - C'est un programme à installer sur l'ordinateur, et donc fonctionne **offline**.
  - Les systèmes d'exploitation les plus compatibles pour l'installer sont **Windows, macOS, Linux**. (<https://www.celldesigner.org/download.html>)
  - Ce programme est construit avec le langage **Java**, c'est pour cela qu'il soit compatible avec plusieurs systèmes. Il requière **Java Runtime Environment (JRV)**.
  - CellDesigner repose sur des normes internationales : **SBML** (Systems Biology Markup Language). Ce point là lui permet d'ouvrir et construire des documents **SBML**, et donc ouvre les portes au diffusion et échange des données avec d'autres programmes.
  - La structure de modèle construit par ce programme se constitue par des éléments : entités, compartiments et des réactions ; dont chaque élément comporte un nom et des caractéristiques conservés sous forme de **métadonnées** et appartient à un type.
  - **CellDesigner** permet la gestion et la modification de ces métadonnées (l'auteur, la date, les références..) ainsi que leur conservation dans un document **SBML**.
  - Ce logiciel possède une interopérabilité ; il est complémentaire de **COPASI** et BioModels Database, ainsi qu'il construit des modèles **SBML, PNG, SVG** (des images).
- Cette capacité est due à son chevauchement avec la plateforme **SBW**, qui est un intergiciel permettant l'importation, l'exportation et le partage des données et la communication entre les logiciels et les programmes.

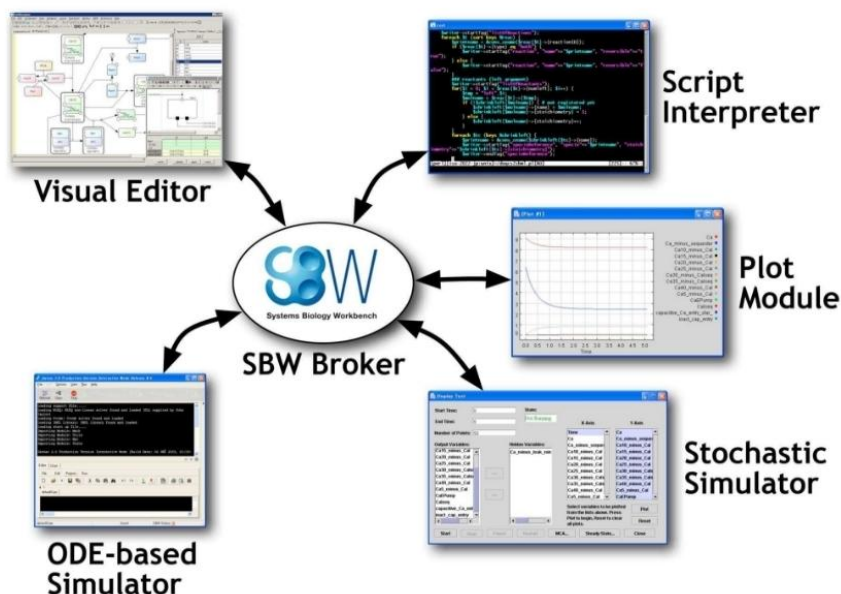


Illustration of the relationship between SBW broker and SBW modules

**Figure 5** : la relation entre SBW broker et SBW modules (Funahashi, A.2008)

- L'interface graphique de logiciel est une interface 2D, reposée sur le système Drag &Drop et les listes et les icônes techniques, dont chaque élément de cela est lié directement aux données stockées.
- L'aspect graphique de CellDesigner est standardisé et y repose sur SBGN-like notation (**signes, logique et relations standardisés**) un système de notation graphique proposé par Kitano.

- **SBGN** possède 3 langues : process description (**PD**), entity relationship (**ER**) et activity flow (**AF**) ; dont CellDesigner utilise principalement **SBGN-PD**.

#### **4. Points forts**

- Basé sur des standards internationaux ( compatible avec SBML)
- Notation graphique claire et non ambiguë.
- Intégration avec d'autres outils via SBW.
- Approche orientée biologistes ( conçu au biologistes même sans connaissances approfondie en informatique)
- Multiplateformes et portable ( car il est construit par Java)
- Logiciel libre et largement utilisé.

#### **5. Limites et points faibles**

- Absence de moteur de simulation intégré.
- Interface graphique parfois complexe pour les débutants.
- Fonctionnalités mathématiques limitées.
- Dépendance aux standards SBML/SBW seulement.
- Moins adapté aux très grands réseaux.

#### **6. Conclusion**

**CellDesigner** est un outil puissant et standardisé pour la modélisation et la représentation graphique des réseaux biologiques. Malgré l'absence d'un moteur de simulation intégré et une interface parfois exigeante pour les débutants, il reste une référence en biologie des systèmes grâce à sa compatibilité avec SBML, sa notation graphique rigoureuse et sa grande portabilité. Il constitue ainsi un excellent point de départ pour la construction et l'échange de modèles biologiques complexes.

## **Partie 4      Partie pratique**

### **Exploration de « Zenodo »**

#### **1. Présentation de Zenodo** ( <https://about.zenodo.org/> )

Zenodo est une plateforme numérique de dépôt et diffusion de ressources scientifiques en accès libre.

Elle a été créée en **2013** par le **CERN** ( Organisation Européenne pour la Recherche Nucléaire), en collaboration avec le projet **OpenAIRE** ; et y est soutenue par la **commission européenne**.

Elle est nommée sur le nom de premier bibliothécaire de l'ancienne bibliothèque d'Alexandrie  
« **Zenodotus** »

- Les objectifs principaux de cette plateforme peuvent se résulter en quelques points :
  - Permet une diffusion rapide des résultats des recherches et un accès libre aux connaissances scientifiques .



- Assure une conservation à
- Long terme des données.
- Permet à l'information d'arriver à une visibilité internationale.
- Fournit un DOI permettant une citation académique correcte.
- Le contenu de Zenodo est bien varié : des articles scientifiques, thèses de mémoires, datasets, présentations et poster, rapports techniques, logiciels, codes sources, vidéos et supports multimédias.
- Cette variété est favorisée plutôt par ses multiples fonctionnalités :
  - Moteur de recherche avancé ( avec filtre)
  - Attribution automatique d'un DOI à chaque dépôt.
  - Les outils des citation ( APA ? MLA BibTeX...)
  - Communautés scientifiques mises en avant sur Zenodo (elles sont sélectionnées par Zenodo pour leur qualités, activité et leur fiabilité)
  - Gestion des versions.
  - Accès libre ( Open access ).
- Pour bien comprendre l'utilité et la démarche de recherche sur cette plateforme, elle est réalisé une recherche.

## **2. Les étapes réalisés**

- Avant tout, l'accès au site officiel de Zenodo ( <https://zenodo.org> ) sur un moteur de recherche ( comme Google).
- Il possible mais pas obligatoire de créer un compte sur Zenodo.
- Cliquer sur l'icône de trois lignes superposés en haut droit de la page d'accueil ( home page).
- Après apparition d'une barre de recherche, taper les mots clés ou le titre de recherche. Pour l'exemple réalisé, il est recherché « non dairy Probiotics products ».
- Utiliser les filtres pour mieux préciser les résultats. Les filtres utilisés sont : open, publication, PDF.
- Un article qui est le plus pertinent est choisi « PROSPECTS FOR THE PRODUCTION OF ERUIT JUICES WITH PROBIOTICS » (Burak L. 2025). Cela c'est le dataset à exploiter.
- En accédant à la page de l'article, la plateforme fournira une version FDF de l'article à télécharger ainsi que des métadonnées ( metadata) de dataset .



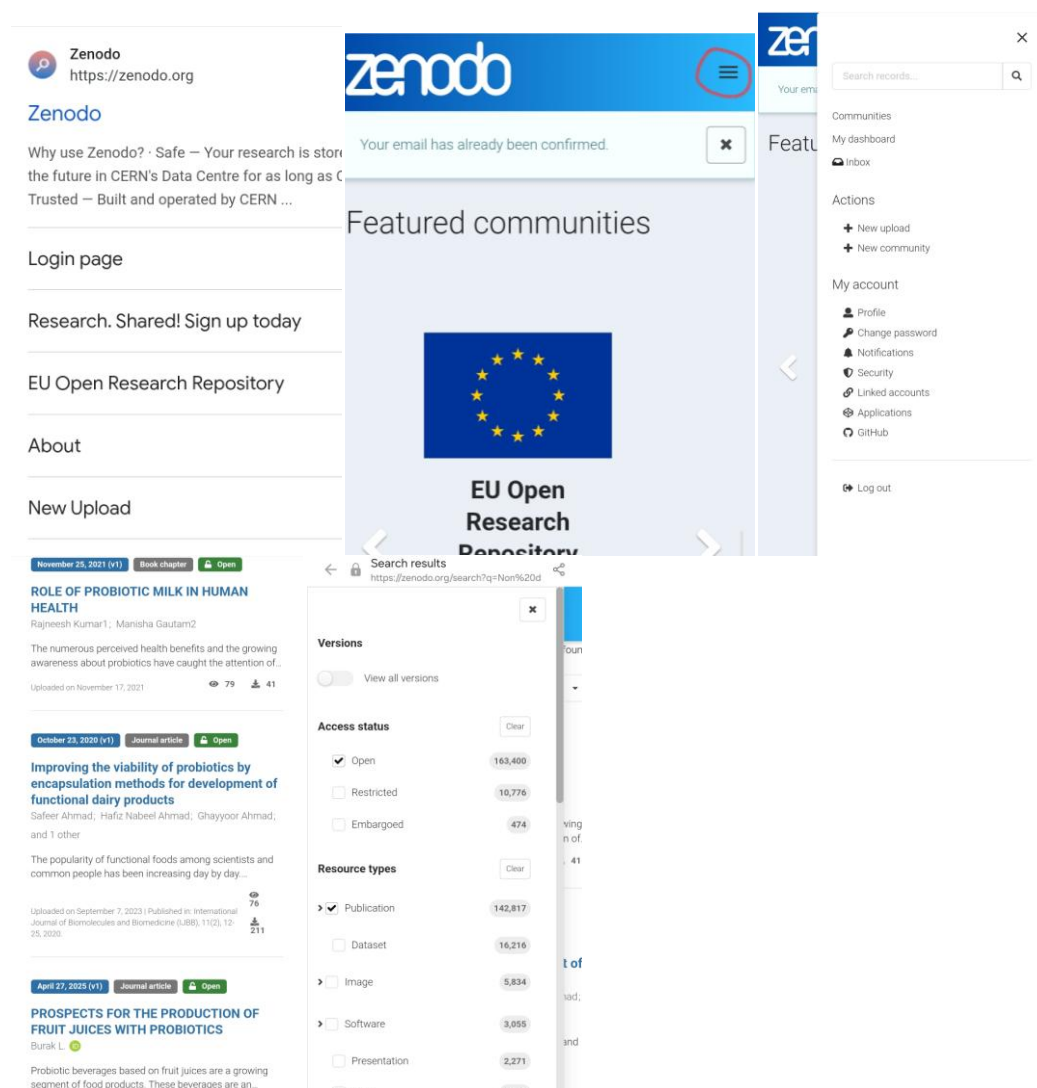


Figure 6 : les étapes de recherche sur Zenodo ( capture d'écran du site officiel <https://about.zenodo.org/>)

### 3. Métadonnées de dataset

Les métadonnées associées aux dataset selon la norme « **Dublin Core** » sont les suivants :

Tableau 1 : métadonnées de dataset

L'élément	Dans l'article
<b>Titre</b>	Prospects for the production of fruit juices with probiotics
<b>Auteurs</b>	Burak L
<b>Sujet (mots clés)</b>	Probiotics, drink, fruit juice, fuctional products, microorganism, biologically active substances .
<b>Description (résumé)</b>	Les boissons probiotiques à base de jus de fruits constituent un segment en pleine croissance des produits alimentaires. Ces boissons représentent une alternative aux produits probiotiques laitiers et sont particulièrement appréciées par les végétaliens, les personnes intolérantes au lactose ainsi que celles souffrant

	<p>d'allergies aux produits laitiers. L'objectif de cette étude est de passer en revue les méthodes modernes de production de ces boissons, y compris la fermentation utilisant différentes souches de probiotiques et leur impact sur la santé.</p> <p>Cette revue inclut des articles en anglais et en russe publiés entre 2015 et 2025. La recherche de la littérature scientifique internationale en anglais sur ce sujet a été réalisée à partir des bases de données bibliographiques « Google Scholar », « Scopus », « Web of Science », « Elsevier » et « ResearchGate ». Pour la sélection des articles scientifiques en russe, une recherche par mots-clés a été effectuée dans la « Bibliothèque Scientifique Électronique eLIBRARY.RU ».</p> <p>L'analyse des études scientifiques a montré que des technologies avancées, notamment l'encapsulation, le séchage par atomisation et les capsules à structure cœur-coquille, qui protègent les probiotiques contre les faibles valeurs de pH et les conditions de stockage, sont utilisées afin d'améliorer la stabilité et la viabilité des complexes probiotiques. Ces méthodes permettent de préserver l'activité cellulaire des probiotiques, assurant une stabilité suffisante pour procurer des bénéfices pour la santé, tels que la modulation du microbiote intestinal, le soutien du système immunitaire et l'activité antioxydante.</p> <p>La combinaison unique des jus de fruits et des probiotiques rend ces boissons attrayantes pour les personnes soucieuses de leur santé, appartenant à différents groupes d'âge et catégories sociales. Les résultats de cette revue peuvent intéresser aussi bien les chercheurs scientifiques que les fabricants de produits alimentaires, en contribuant à l'optimisation du choix des souches probiotiques et des procédés technologiques pour la production de boissons probiotiques à base de jus de fruits, de haute qualité et à coût abordable.</p>
<b>Editeur</b>	The scientific heritage
<b>Date</b>	27 Avril 2025
<b>Type</b>	Article de journal
<b>Format</b>	PDF
<b>DOI</b>	10.5281/zenodo.15292407
<b>Source</b>	The scientific heritage No 159 (159) (2025)-124-135.pdf
<b>Langue</b>	Russe ( titre et résumé traduits en anglais )
<b>Relations</b>	Versions
<b>Citation</b>	<p>Burak L. (2025). PROSPECTS FOR THE PRODUCTION OF FRUIT JUICES WITH PROBIOTICS. The Scientific Heritage, 159, 124- 135.</p> <p><a href="https://doi.org/10.5281/zenodo.15292407">https://doi.org/10.5281/zenodo.15292407</a></p>
<b>Droits</b>	License : Creative Commons Attribution 4.0 International

#### 4. Le lien vers l'entrepôt de rapport

Un compte est créé sur GitHub, puis le dossier est déposé dans l'entrepôt et y est associé à un DOI.

Voici le lien vers le dossier .

## **Conclusion :**

En conclusion, ce travail a permis de mettre en évidence l'importance des logiciels libres et open source dans le domaine scientifique. Leur accessibilité, leur flexibilité et leur contribution à la science ouverte en font des outils indispensables pour la recherche et l'innovation. À travers l'étude théorique d'un outil et l'exploration pratique d'une plateforme de diffusion de données scientifiques, ce devoir illustre concrètement comment ces solutions favorisent le partage, la réutilisation et la valorisation des données. L'adoption et la maîtrise de tels outils représentent ainsi un atout majeur pour les étudiants et les chercheurs en sciences de la nature et de la vie.

## **Références bibliographiques**

Burak L. (2025). PROSPECTS FOR THE PRODUCTION OF FRUIT JUICES WITH PROBIOTICS. The Scientific Heritage, 159, 124-135.

Funahashi, A., Matsuoka, Y., Jouraku, A., Morohashi, M., Kikuchi, N., & Kitano, H. (2008). CellDesigner 3.5: a versatile modeling tool for biochemical networks. *Proceedings of the IEEE*, 96(8), 1254-1265.

Funahashi, A., Morohashi, M., Kitano, H., & Tanimura, N. (2003). CellDesigner: a process diagram editor for gene-regulatory and biochemical networks. *Biosilico*, 1(5), 159-162.

Kitano, H. et al. "Using process diagram for the graphical representation of biological networks", *Nature Biotechnology* 23(8), 961-966 (2005)

## **Bibliographie numérique**

<https://about.zenodo.org/>

<https://doi.org/10.5281/zenodo.15292407>

<https://www.celldesigner.org/>

<https://celldesigner.org/documents/StartupGuide41.pdf>

<https://www.celldesigner.org/download.html>

<https://www.celldesigner.org/features.html>

<https://zenodo.org>

## **Annexes**

### **Table des figures :**

Figure	Titre	Page
01	la page d'accueil de Celldesigner	03
02	exemple de représentation par SBML	04
03	exemples des signes de notation de SBGN	04
04	présentation de diagramme de processus de cycle MPF	05
05	la relation entre SBW broker et SBW modules	06
06	les étapes de recherche sur Zenodo	09

### **Table des tableaux**

Tableau	Titre	Page
01	Métadonnées de dataset .	