

CATI SysMics

3 octobre 2023



Sommaire

- ❑ brève présentation générale du CATI
- ❑ bilan des activités du CATI par *workpackage*
- ❑ événement (co-)organisés par le CATI



INRAE

➤ Brève présentation générale du CATI

Sandra Dérozier

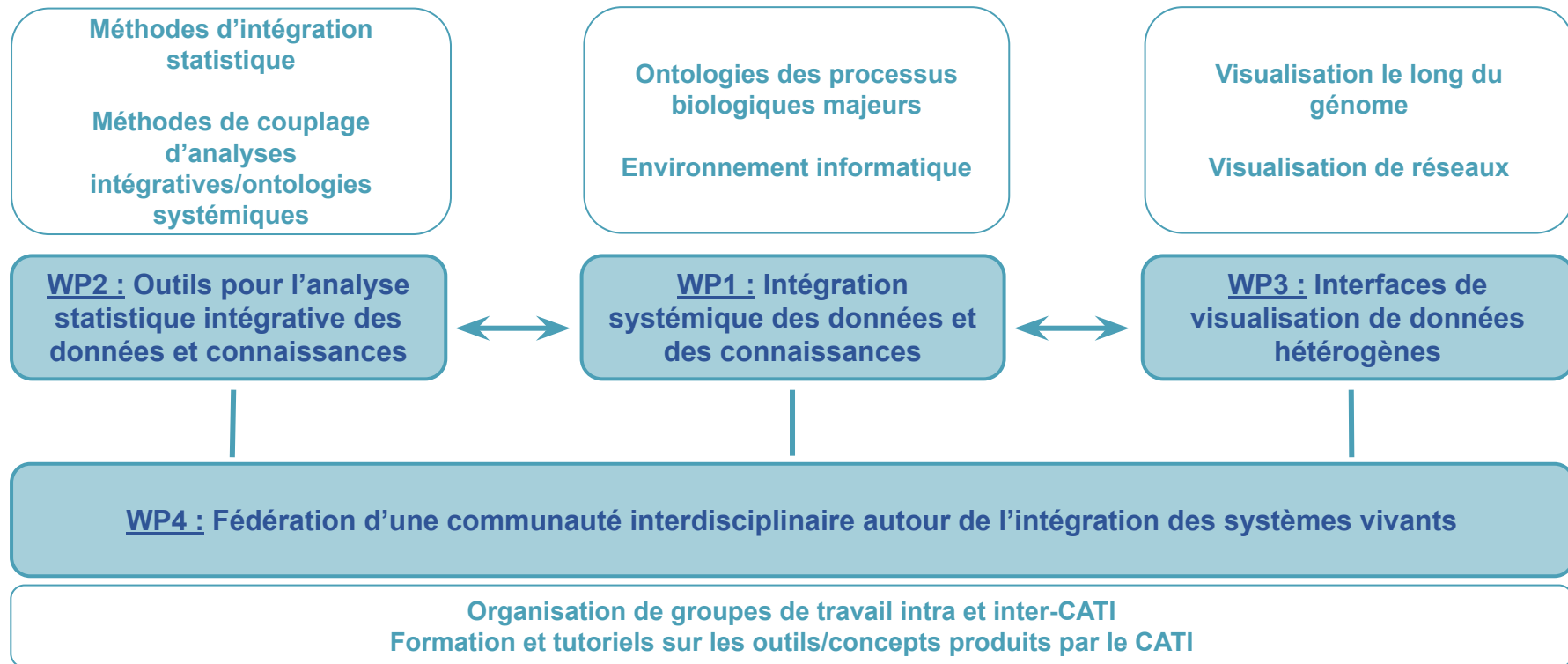
Approches de Biologie des Systèmes pour l'analyse intégrative des données "multi-omiques"

Objectifs

- développer un **environnement informatique** intégrant la **notion de processus** (dynamiques) afin de **représenter un organisme vivant et son fonctionnement**,
- déployer des **méthodes statistiques** exploitant les **données "omiques" hétérogènes** (génotype, transcriptome, protéome, fluxome, métabolome, phéno, imageries, ...) à l'aide des **processus**.

Missions

- **consolider** et/ou **établir** une preuve de concept de l'**environnement informatique** pour des organismes modèles,
- **élaborer** et **déployer** une 1^{ère} **stratégie de transfert** pour un ou des organismes d'intérêt agricole,
- **contribuer à l'émergence** d'une **communauté interdisciplinaire** autour de l'**intégration systémique** des données et des connaissances biologiques.



Les membres du CATI SysMics

<https://sysmics.cati.inrae.fr/qui-sommes-nous>

4 départements scientifiques

- BAP,
- MathNum,
- MICA,
- PHASE

8 unités

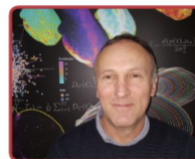
- GQE,
- IJPB,
- IPS2,
- LaMME,
- MaIAGE,
- MICALIS,
- RDP,
- UMRH



Harry Belcram
GQE



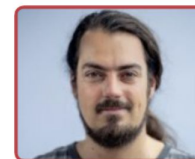
Nadia Bessoltane
IJPB



Eric Biot
IJPB



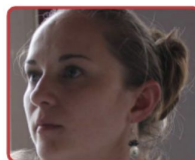
Véronique Brunaud
IPS2



Guillaume Cerutti
RDP



Delphine Charif
IJPB



Sandra Dérozier
MaIAGE



Marc Dinh
MaIAGE



Thomas Duigou
MICALIS



Anne Goelzer
MaIAGE



Guillaume Gricourt
MICALIS



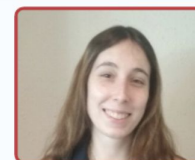
Cyprien Guérin
MaIAGE



Cécile Guichard
IPS2



Audrey Hulot
IJPB



Alyssa Imbert
UMRH



Olivier Inizan
MaIAGE



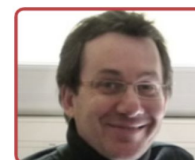
Johann Joets
GQE



Sandrine Lefranc
IJPB



Christine Paysant-Le-Roux
IPS2



Franck Samson
LAMME



INRAE

Bilan du CATI SysMics
3 octobre 2023

INRAE

➤ Bilan des activités du CATI



> WP1

Intégration systémique des données et des connaissances

Marc Dinh et Anne Goelzer

WP1

Ontologie et graphe de connaissances

Ontologie BiPOM

Description des processus métaboliques
comme des sous-systèmes imbriqués

Plus d'infos :

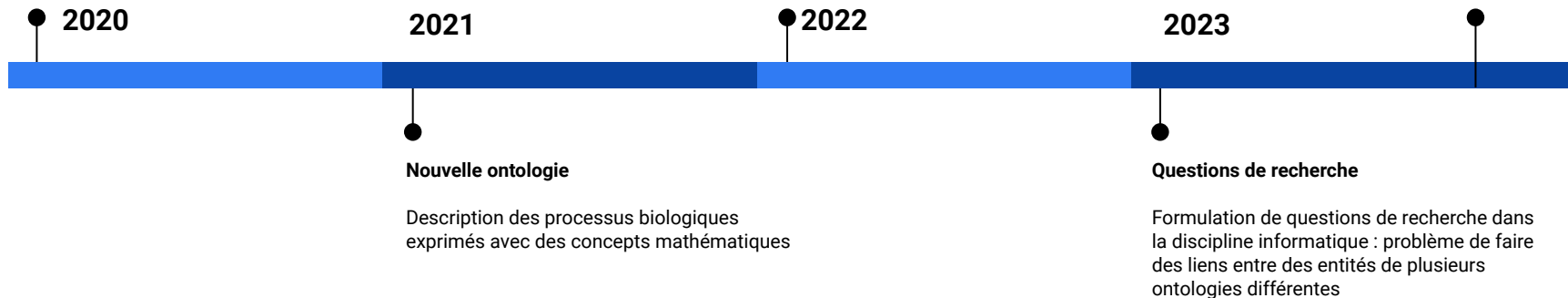
http://maiage.jouy.inra.fr/sites/maiage.jouy.inra.fr/files/files/BiPOM_0.owl

Vocabulaire RDF

Définition d'un vocabulaire RDF afin de
traduire les modèles mathématiques

Entity matching

Extension d'une méthode "d'Entity Matching"
pour le problème de liens



WP1

Ontologie et graphe de connaissances

Ontologie

- représentation des processus biologiques selon l'approche systémique
- suffisamment générique pour représenter des processus biologiques présents dans différentes sources
 - ◆ modèles mathématiques (ex. : modèle de la glycolyse chez *E. coli*)
 - ◆ modèles de réseaux métaboliques (ex. : réseau métabolique de *E. coli*)
- intérêt : apport d'informations spécifiques par chaque source (ex. : informations sur les régulations biologiques à partir des modèles mathématiques ; informations absentes des modèles de réseaux métaboliques) → ontologie pour l'intégration de données
- Construction de deux graphes de connaissances avec l'ontologie
 - ◆ processus biologiques issus du réseau métabolique d'*E. coli* : 2758 processus, 1775 métabolites
 - ◆ processus biologiques issus de la glycolyse chez *E. coli* : 47 processus, 24 métabolites
- Question : comment savoir automatiquement si deux entités de graphes de connaissances sont les mêmes, différentes (problème de liage)

WP1

Problématique de liage des données

Problématiques typiques du problème de liage dans les graphes de connaissances

- méthodes actuelles de liage répondent-elles aux problématiques posées par ce graphe de connaissances ? Partiellement.
 - ◆ Propriétés spécifiques aux instances peu considérées. Ex : avec les méthodes actuelles de liage, les régulations biologiques ne sont pas détectées
 - ◆ Propriétés communes aux instances partiellement considérées. Ex. : les propriétés à valeur multiple sont comparées sur l'ensemble des valeurs et non un sous ensemble
- approches :
 - ◆ sur quelles propriétés se baser afin de déclarer 2 (ou +) processus similaires ? Recherche de propriété qui identifie de façon unique une entité
 - ◆ quelles sont les propriétés spécifiques à une source ?

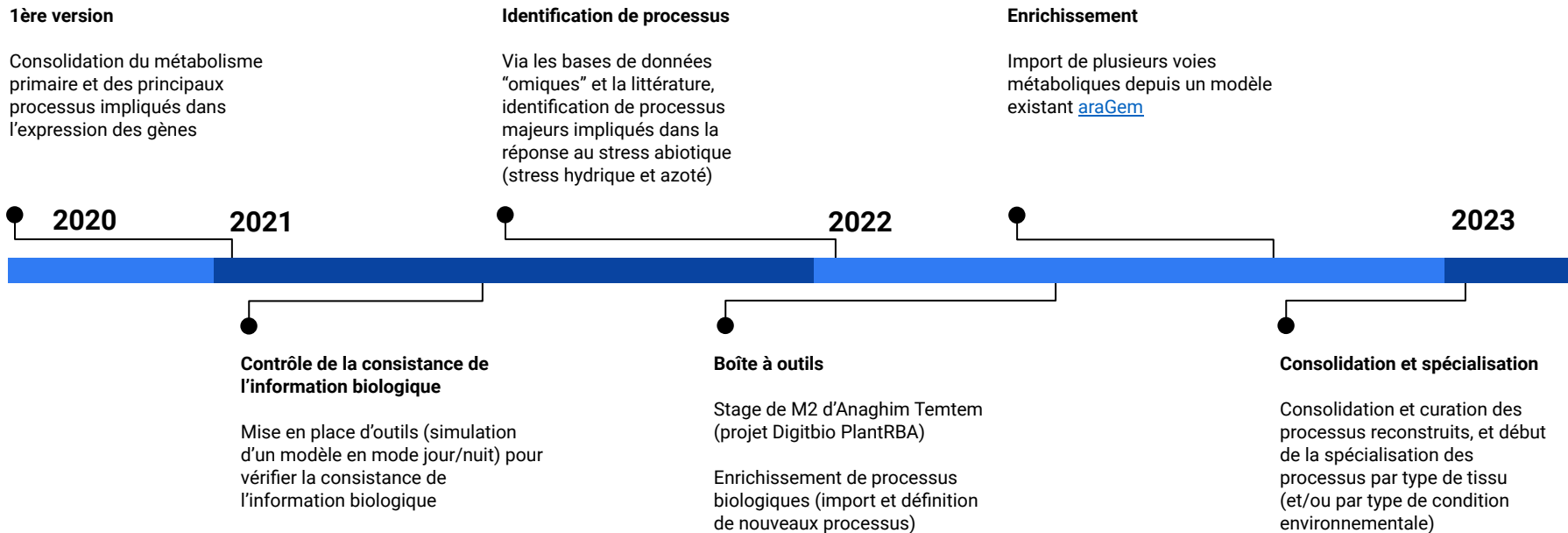
Nécessité d'affiner les méthodes existantes d'entity matching afin de considérer les propriétés spécifiques

- par pair de graphes de connaissances, prise en compte des propriétés communes et non communes
- test sur graphes de connaissances non biologiques
- test sur les deux graphes de connaissances biologiques construits

WP1

Reconstruction des processus biologiques chez les plantes

Ici: un PB est vu comme une machine moléculaire transformant des entrées en sorties + un modèle mathématique décrivant l'activité de la machine



WP1

Reconstruction des processus biologiques chez les plantes

Description d'un organe (ex. : feuille)

- population homogène de cellules
- processus biologiques actifs et spécialisés dans ces cellules

Stratégie

1. reconstruction des processus biologiques génériques pour tout type de cellules
2. spécialisation par type de cellules/tissus/organes grâce aux données "omiques"
3. estimation des paramètres du modèle associé aux processus biologiques sur la base des données omiques (e.g. activités des machines moléculaires)

Obj (moyen terme): développement d'une boîte à outils

- standardisation des modèles de plantes existants
- aide à la reconstruction de nouveaux processus métaboliques et non métabolique d'intérêt (ex. : stockage vacuole, synthèse des lipides, dégradation des protéines ...)
- vérification de la consistance des informations biologiques (compatibilité avec la croissance et la survie d'une cellule)
- spécialisation des processus par type de cellules/tissus/organes grâce aux données "omiques"
- estimation des paramètres

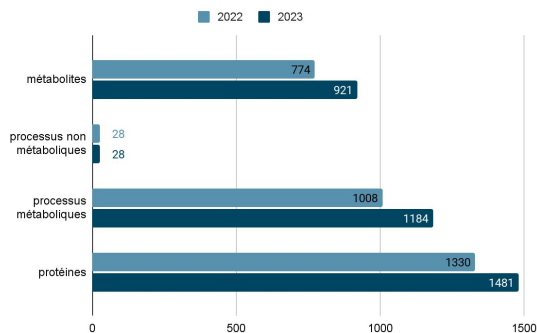


WP1

Reconstruction des processus biologiques chez les plantes

Bilan

→ curation des processus reconstruits en collaboration avec l'IJPB



Perspectives

- spécialisation des processus biologiques pour des organes d'intérêt pour les modélisateurs et les biologistes ; priorité aux feuilles, racines et graines (en cours)
- reconstruction des processus métaboliques pour la feuille mise à disposition des utilisateurs dans la base de données [BiGG](#) courant 2023 (en cours, après publication)
- estimation des paramètres (en cours)





> WP2

Outils pour l'analyse statistique intégrative des données et des connaissances

Véronique Brunaud

WP2

Intégration de données “omiques”

Fiches descriptives des données manipulées en “omiques”

Transcriptomique, imageries et variants génétiques :

<https://sysmics.cati.inrae.fr/productions>

Échange avec M-L. Martin-Magniette et G. Rigail

Ne pas multiplier les questions biologiques, vérifier la qualité des données et faire de la sélection de variables.

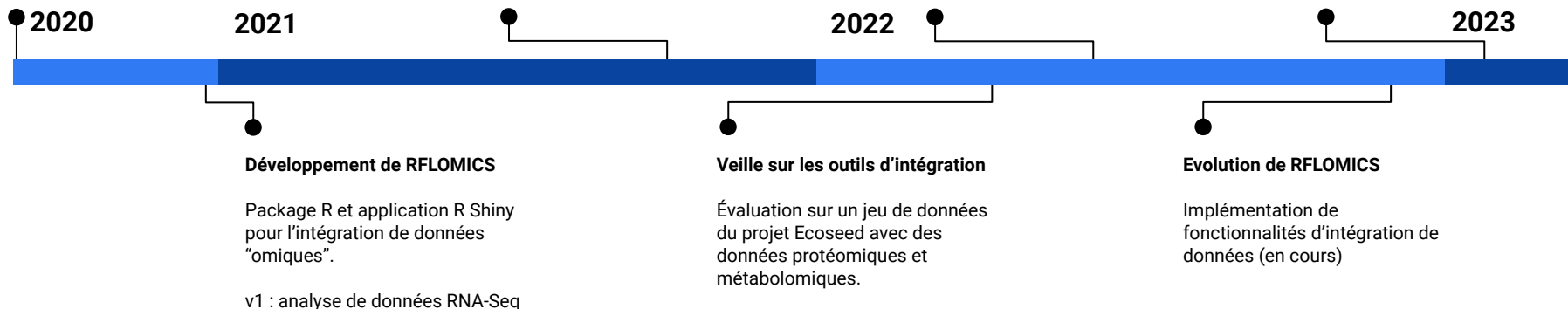
Evolution de RFLOMICS

v2 : analyse de données protéomiques, transcriptomiques et métabolomiques

Déploiement de RFLOMICS

Solutions d'hébergement envisagées : [SK8](#) (en cours de test) ou plateforme Migale

Tests et stabilité de l'application



INRAE

Bilan du CATI SysMics
3 octobre 2023

WP2

Evaluation d'outils d'intégration sur le jeu de données Ecoseed

Jeu de données

- données transcriptomiques, **protéomiques** et **métabolomiques**

Evaluation

- fiches sur chaque outil évalué résumant les méthodes, leur intérêt et un exemple d'utilisation disponibles en ligne : <https://sysmics.cati.inrae.fr/productions>

Sélection

- sélection préliminaire des méthodes multi-variées : mixOmics (block.(s)plsda = **Diablo**), **MOFA**, **AFM**, MClA, Jive et iCluster+
- critères de sélection : facilité d'utilisation, qualité des sorties (fonctions graphes), maintien des *packages* et utilisation dans le monde scientifique
- candidats finaux : **Diablo** (supervisé) et **MOFA** (non supervisé)



WP2

Intégration de données “omiques”

Fiches descriptives des données manipulées en “omiques”

Transcriptomique, imageries et variants génétiques :

<https://sysmics.cati.inrae.fr/productions>

Échange avec M-L. Martin-Magniette et G. Rigail

Ne pas multiplier les questions biologiques, vérifier la qualité des données et faire de la sélection de variables.

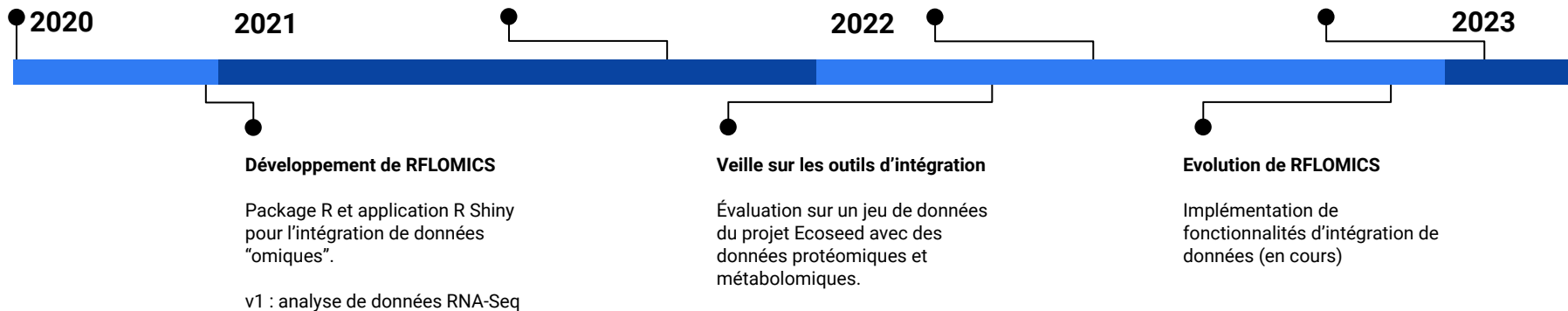
Evolution de RFLOMICS

v2 : analyse de données protéomiques, transcriptomiques et métabolomiques

Déploiement de RFLOMICS

Solutions d'hébergement envisagées : [SK8](#) (en cours de test) ou plateforme Migale

Tests et stabilité de l'application

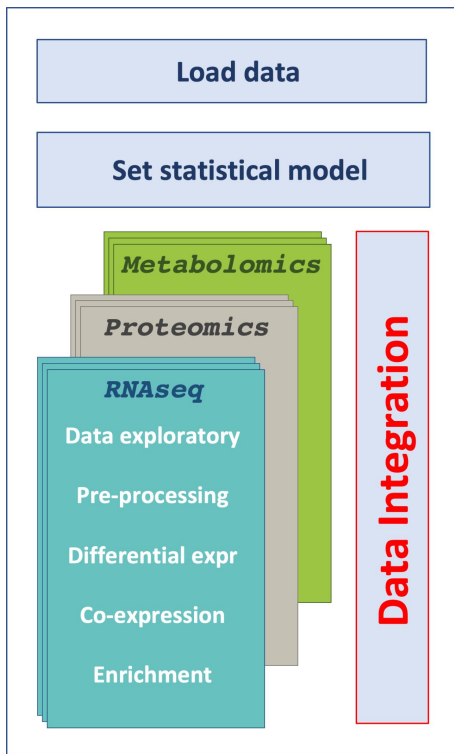


INRAE

Bilan du CATI SysMics
3 octobre 2023

WP2

RFLOMICS : package R et application Shiny pour l'analyse de données multi-omiques (RNAseq, Protéome, Métabolome)



Objectifs

- Effectue une analyse complète et guidée de projets multi-omiques
- Prend en charge des designs multifactoriels (3 facteurs bio)
- Garantit la pertinence des méthodes utilisées
- Réduit le temps d'analyse sur les étapes inévitables
- Assure la reproductibilité
- Accessible via une interface unique et conviviale

Déploiement

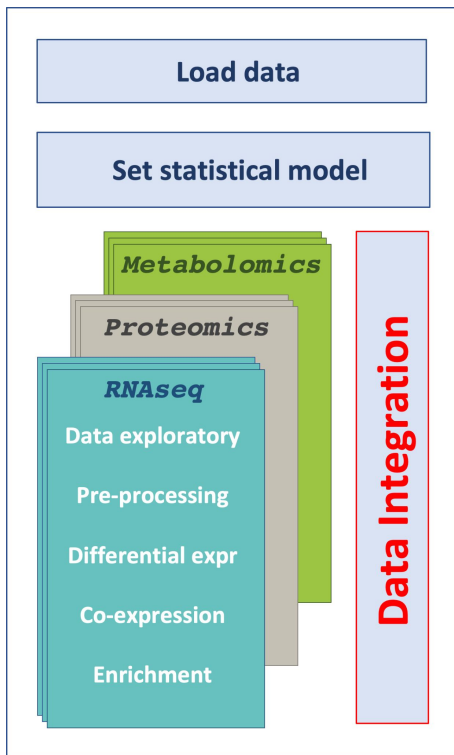
- Installation en local
- Docker : faciliter le partage de l'application
- Hébergement : solution [SK8](#)

Communication

- Posters : JOBIM 2022, rencontres R 2023, journée IJPB 2022 & 2023
- Présentations : IPS2 2021, Jouy-en-Josas 2021, séminaire IJPB 2023
- Formations : IJPB 2021-2023

WP2

RFLOMICs : package R et application Shiny pour l'analyse de données multi-omiques (RNAseq, Protéome, Métabolome)



Jeux de test

- Projet EcoSeed “ Etude de la germination de la graine chez Arabidopsis thaliana
 - ◆ données : RNAseq, protéomiques et métabolomiques
 - ◆ 2 facteurs biologiques (température, stade de développement)

Perspectives

- Finaliser le développement de l'application
- Dépôt du package sur Bioconductor
- Publication
- Intégrer les données phénotypiques
- Proposer un guideline d'utilisation des méthodes d'intégration de données

WP2

Perspectives

Guide d'utilisation de RFLOMICS & formation (2024)

L'utilisation de l'outil va dépendre :

- de la question biologique à laquelle l'utilisateur va vouloir répondre (exploratoire ou non)
- des contraintes liées aux données : Diablo (pas de données manquantes) / MOFA2 (plus de 15 échantillons conseillés)

Outils d'intégration et Jeux de données

Proposer des jeux de données avec une description des avantages/inconvénients pour l'exécution des différents outils

- Faire un "vrai" benchmarking des méthodes d'intégration de données :

- Gwendal Cueff (ancien membre CATI) a comparé les sorties graphiques et la facilité d'utilisation des outils mais pas les résultats
- Il serait intéressant de comparer les sorties en terme de marqueurs, voies, processus bio...
- Mettre en place un guide d'utilisation de ces méthodes (avantage/inconvénient, limites)
- Guide sur des jeux de données spécifiques: définir les questions biologiques, types de données, avantages/inconvénients/limites

- Pour cela il va falloir identifier des "beaux" jeux de données :

- à l' IJPB il y a des données multi-omiques hétérogènes qui pourraient être intéressantes mais qui ne sont pas publiées!
- Les données Peersim (transcriptome, métabolome, protéome) jeu de données IPS2 avec 22 réplicats et étude des stress combinés stress CO2 et sécheresse.





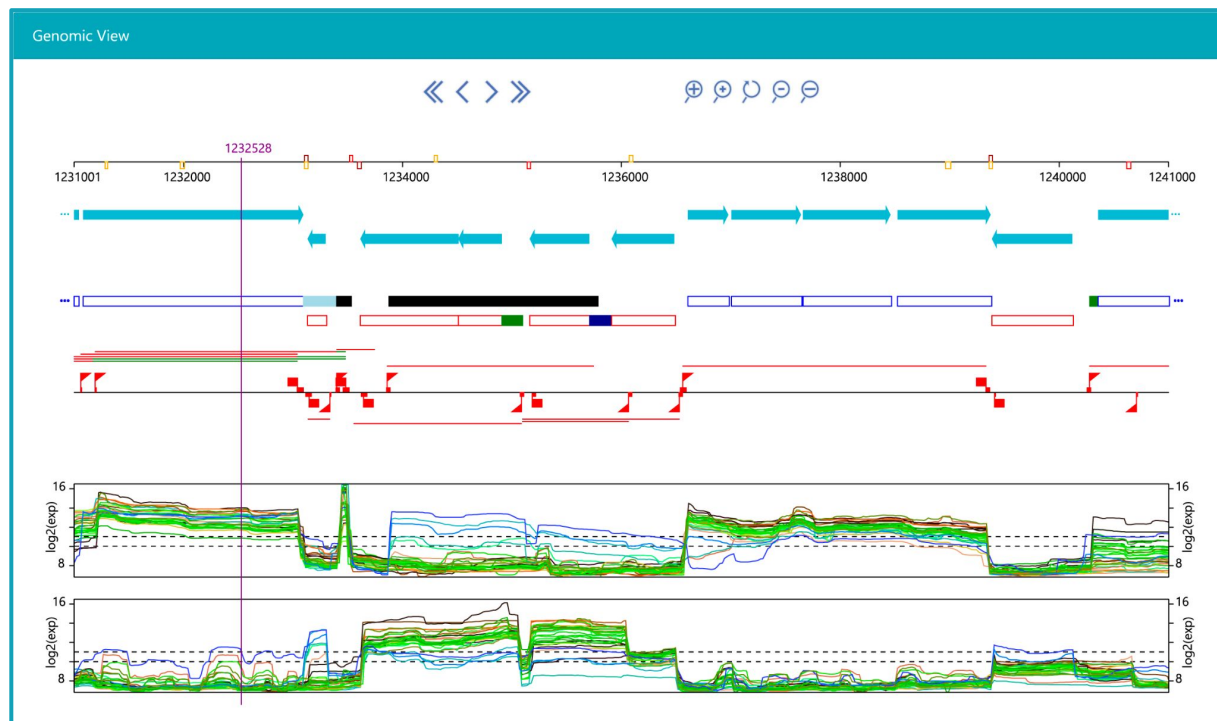
➤ WP3

Interfaces de visualisation de données hétérogènes

Sandra Dérozier & Thomas Duigou

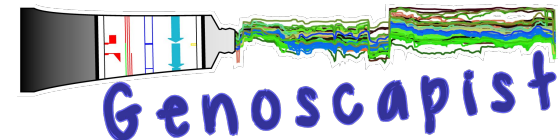
WP3

Genoscapist^[1] - Visualisation de grandes quantités de données hétérogènes le long du génome



WP3

Évolutions de Genoscapist



Données *tiling-array*

Données de ré-annotation de *B. subtilis* et *S. aureus*

Dérozier et al., *Bioinformatics*, 2021

Modifications génomiques

Réduction du génome de *B. subtilis*

Dervyn et al., *Nucleic Acids Research*, 2023

Données ½ vie ARNm

Données de *tiling-array* et de ½ vie de *B. subtilis*

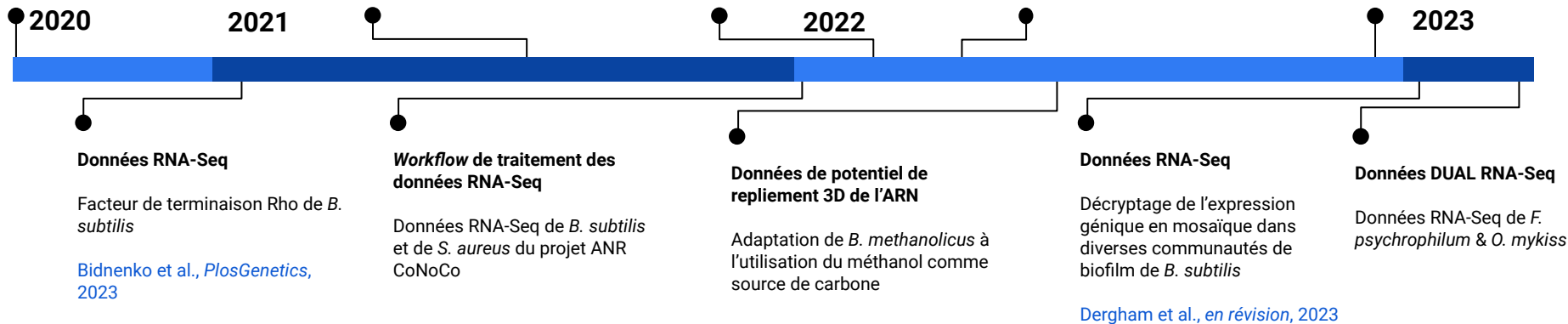
Personnalisation de la représentation & instance standalone

Stages de Master 1 S. Atia & R. Beghin

Personnalisation des éléments graphiques côté client & Chargement de données à la volée

Données +1 de transcription

Données RNA-Seq de *B. subtilis*



INRAE

Bilan du CATI SysMics
3 octobre 2023

WP3

Évolutions et perspectives pour Genoscapist

Visualisation d'autres types de données

- RIP-Seq, SNP, indels, ...
- utilisation de glyphes personnalisés en SVG

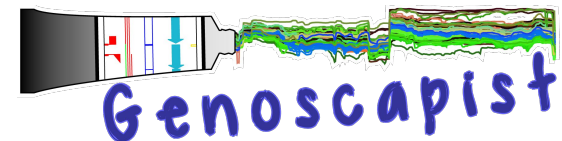
Personnalisation et gestion des “pistes de données” côté utilisateur

Chargement et visualisation de données à la volée

Exploitation de TimescaleDB

Portail agrégateur de visualisation inter-projet par génome de référence

Poursuite des déploiements associés à des projets de recherche



WP3

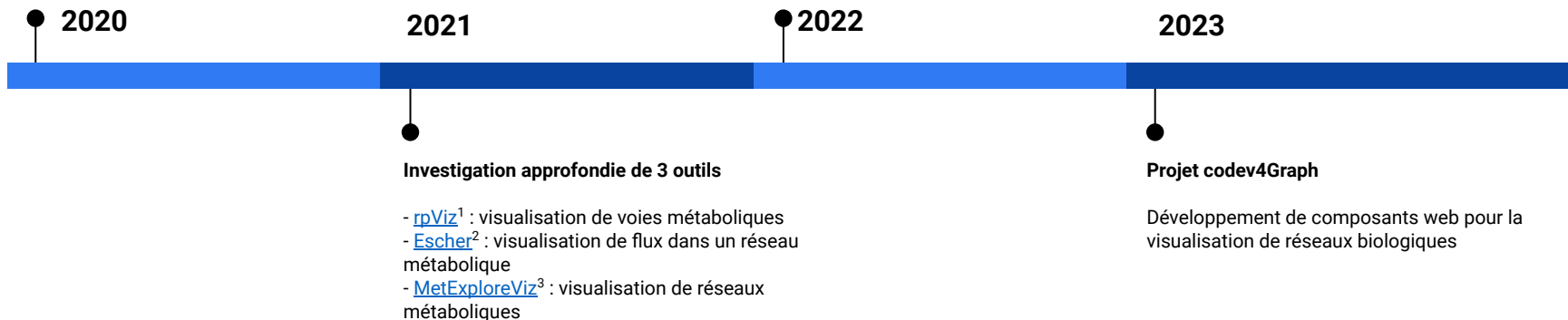
Visualisation de données via le prisme du réseau métabolique

Veille sur les outils de visualisation de graphes

[Document](#) répertoriant les outils de visualisation de graphes existants :
<https://sysmics.cati.inrae.fr/productions>

Échanges avec le CATI BARIC et Toxalim

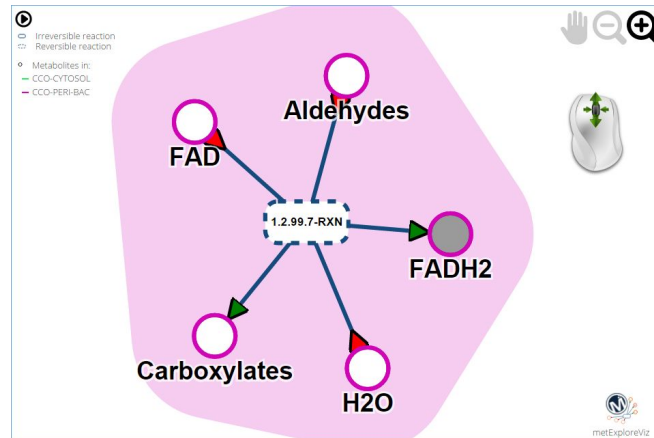
Développements et évolutions prévus autour de MetExplore et MetExploreViz



WP3

Adaptation autour de MetExploreViz

- Outil de visualisation de réseaux métaboliques, possible de visualiser des données « omiques », développé à INRAE (Toxalim, Toulouse)



Visualisation d'une réaction avec MetExploreViz

WP3

Adaptation autour de MetExploreViz

- Outil de visualisation de réseaux métaboliques, possible de visualiser des données « omiques », développé à INRAE (Toxalim, Toulouse)

Limitations actuelles

- Outil *standalone* mais malgré tout développé en combinaison avec le portail MetExplore^[1] (service web, base de données)
- Nécessite des ajustements pour fonctionner avec d'autres portails ou outils

WP3

Adaptation autour de MetExploreViz

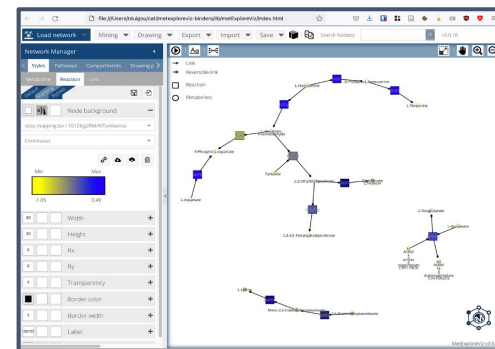
- Outil de visualisation de réseaux métaboliques, possible de visualiser des données « omiques », développé à INRAE (Toxalim, Toulouse)

Limitations actuelles

- Outil *standalone* mais malgré tout développé en combinaison avec le portail MetExplore^[1] (service web, base de données)
- Nécessite des ajustements pour fonctionner avec d'autres portails ou outils

Actions

- Discussions avec le CATI BARIC sur les développements et évolutions prévus autour de MetExplore et MetExploreViz
- Développement d'un *wrapper* pour générer des vues des voies métaboliques du modèle de *B. subtilis* avec MetExploreViz
- Définition de styles en fonction du type de données à visualiser



Test avec un sous-réseau extrait du modèle iYO844 (*B. subtilis*) et des données de transcriptomique

WP3

Visualisation de données via le prisme du réseau métabolique

Veille sur les outils de visualisation de graphes

[Document](#) répertoriant les outils de visualisation de graphes existants :
<https://sysmics.cati.inrae.fr/productions>

Echanges avec le CATI BARIC et Toxalim

Développements et évolutions prévus autour de MetExplore et MetExploreViz

● 2020

2021

● 2022

2023

Investigation approfondie de 3 outils

- [rpViz](#) : visualisation de voies métaboliques
- [Escher](#) : visualisation de flux dans un réseau métabolique
- [MetExploreViz](#) : visualisation de réseaux métaboliques

Projet codev4Graph

Développement de composants web pour la visualisation de réseaux biologiques



INRAE

Bilan du CATI SysMics
3 octobre 2023

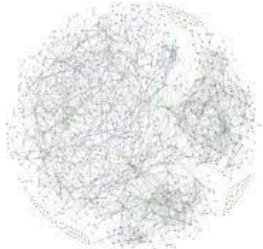


➤ **Projet inter WP**

Nadia Bessoltane

Aide à l'interprétation de données multi-omiques en intégrant un modèle métabolique

Réseaux métaboliques
(SBML)

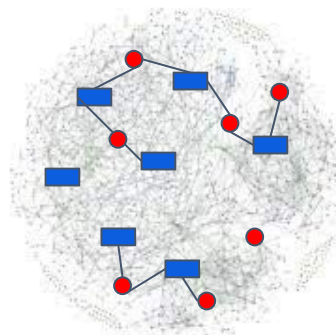


Résultat d'une analyse
multi-omics

Listes de variables
(transcrit, protéine,
métabolite)

Identification de sous-réseaux qui
relie les variables d'intérêt avec la
notion du plus court chemin.

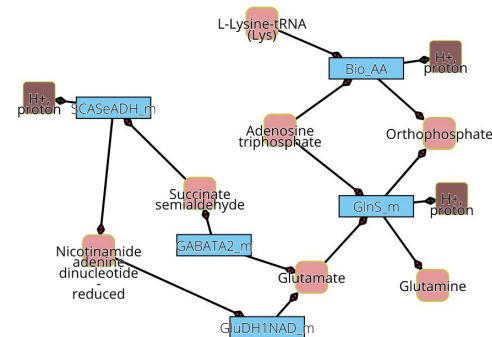
package R sbml.utils



smb12json



Visualisation interactive des
sous-réseaux sélectionnés
MetExploreViz



Aide à l'interprétation de données multi-omiques en intégrant un modèle métabolique

Stage M2, Clara Sidhoum (Projet Digibio PlantRBA)

- Développement du package R sbml.utils
- Jeu de test : projet EcoSeed (RNAseq, Métabolome, Protéome)

Perspectives

- Identifier et implémenter une méthode pour tester l'enrichissement (multi-omique) des sous-réseaux sélectionnés
- Appliquer à d'autres projet multi-omiques
- Améliorer les fonctionnalités du package

INRAE

➤ **Evènements (co-)organisés par le CATI**

Sandra Dérozier

Les événements (co-)organisés par le CATI SysMics

Beaucoup de liens avec les CATI BARIC, GREP et eMPREINTE sur les aspects Intégration et Visualisation de données.

2020	2021	2022	2022	2023-2024	2023-2024
Workshop Work4Graph	Workshop Work4GraphInt'	Formation Docker	Formation & Bootcamp Neo4J	Projet Semantic linked data	Projet Codev4Graph
Thématique : visualisation de réseaux sous forme de graphes	Thématique : intégration et visualisation de réseaux sous forme de graphes	Formation Docker - Mise en oeuvre et déploiement de conteneurs virtuels	Formation à Neo4J + accompagnement d'un ingénieur Neo4J sur divers projets ciblés	Préparer un <i>data book</i> : reconnaissance des réalisations INRAE, faciliter le partage des données, et recommandations	Fédérer une communauté de développeurs autour de la mise à disposition de composants web pour la visualisation de réseaux biologiques
Plus d'infos : https://sysmics.cati.inrae.fr/work4graph	Plus d'infos : https://work4graph.pages.mia.inra.fr/work4graph-integration/	Plus d'infos : fiche M2i Formation	Plus d'infos : https://work4graph.pages.mia.inra.fr/bootcamp-neo4j-2022/	Plus d'infos : https://pepi2g.wiki.inrae.fr/doku.php/communaute:sapi:sapis2023	Plus d'infos : https://codev4graph.pages.mia.inra.fr/codev4graph-site/

Bootcamp Neo4J

01	Graph traversal : exploration des voisins d'un noeud ancre par des relations spécifiques	<ul style="list-style-type: none">• modélisation de la synténie compatible avec une traversée de graphe• ensemble de requêtes permettant d'obtenir l'ensemble des gènes orthologues synténiques partagés par n espèces• ensemble de fonctions R pour l'extraction puis la visualisation des blocs synténiques pour les n espèces
02	Visualisation de voies métaboliques	<ul style="list-style-type: none">• importation d'un modèle métabolique (SBML) et d'un <i>pathway</i> hétérologue (SBML) dans une base de données Neo4J via une procédure en créant un <i>plugin</i> Neo4J• visualisation d'un <i>pathway</i> métabolique contenant la molécule ciblée (ex. : butanol) et ses précurseurs
03	Intégration et export de données "omiques" et RDF via Neosemantics	<ul style="list-style-type: none">• <i>dump</i> de données et documentation sur les méthodes pour l'import/export• guide des bonnes pratiques d'import/export de données RDF (convention de nommage des noeuds)



Bootcamp Neo4J

01	Graph traversal : exploration des voisins d'un noeud ancre par des relations spécifiques	<ul style="list-style-type: none">• modélisation de la synténie compatible avec une traversée de graphe• ensemble de requêtes permettant d'obtenir l'ensemble des gènes orthologues synténiques partagés par n espèces• ensemble de fonctions R pour l'extraction puis la visualisation des blocs synténiques pour les n espèces
02	Visualisation de voies métaboliques	<ul style="list-style-type: none">• importation d'un modèle métabolique (SBML) et d'un <i>pathway</i> hétérologue (SBML) dans une base de données Neo4J via une procédure en créant un <i>plugin</i> Neo4J• visualisation d'un <i>pathway</i> métabolique contenant la molécule ciblée (ex. : butanol) et ses précurseurs
03	Intégration et export de données "omiques" et RDF via Neosemantics	<ul style="list-style-type: none">• <i>dump</i> de données et documentation sur les méthodes pour l'import/export• guide des bonnes pratiques d'import/export de données RDF (convention de nommage des noeuds)

Bootcamp Neo4J - Visualisation de voies métaboliques

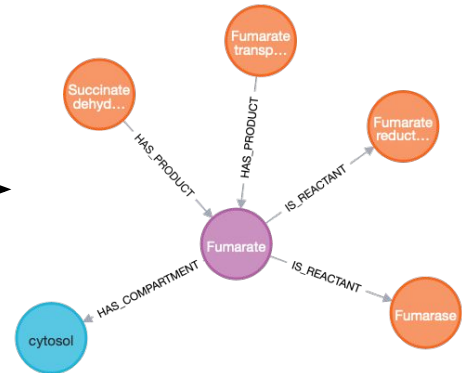
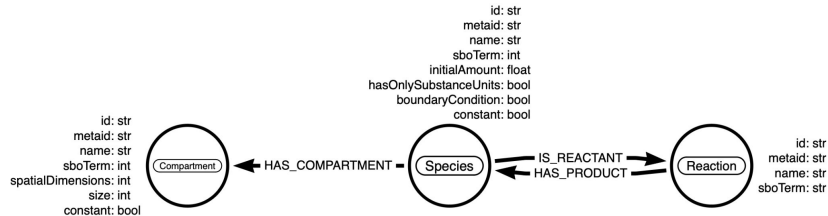
neo4jsbml (en cours revue dans Peer J)

Production

Outil pour importer les données de modèles métaboliques au format SBML dans une base de données Neo4j

Fonctionnement

1. création de la modélisation avec l'application Arrows (<https://arrows.app>)
2. importation des données avec **neo4jsbml**
3. manipulation des données avec Neo4j



Les événements (co-)organisés par le CATI SysMics

Beaucoup de liens avec les CATI BARIC, GREP et eMPREINTE sur les aspects Intégration et Visualisation de données.

2020	2021	2022	2022	2023-2024	2023-2024
Workshop Work4Graph	Workshop Work4GraphInt'	Formation Docker	Formation & Bootcamp Neo4J	Projet Semantic linked data	Projet Codev4Graph
Thématique : visualisation de réseaux sous forme de graphes	Thématique : intégration et visualisation de réseaux sous forme de graphes	Formation Docker - Mise en oeuvre et déploiement de conteneurs virtuels	Formation à Neo4J + accompagnement d'un ingénieur Neo4J sur divers projets ciblés	Préparer un <i>data book</i> : reconnaissance des réalisations INRAE, faciliter le partage des données, et recommandations	Fédérer une communauté de développeurs autour de la mise à disposition de composants web pour la visualisation de réseaux biologiques
Plus d'infos : https://sysmics.cati.inrae.fr/work4graph	Plus d'infos : https://work4graph.pages.mia.inra.fr/work4graph-integration/	Plus d'infos : fiche M2i Formation	Plus d'infos : https://work4graph.pages.mia.inra.fr/bootcamp-neo4j-2022/	Plus d'infos : https://pepi2g.wiki.inrae.fr/doku.php/communaute:sapi:sapis2023	Plus d'infos : https://codev4graph.pages.mia.inra.fr/codev4graph-site/

Objectif

Organisation d'un nouveau séminaire dédié aux méthodes et aux outils du Web Sémantique et du "Linked data" basé sur les expériences et projets conduits à INRAE.

Résultats attendus

- la montée en compétence du collectif (technique, scientifique),
- la consolidation et l'extension de la communauté,
- la préparation d'un *data book* pour faire connaître à l'échelle internationale les réalisations de la communauté INRAE, faciliter le partage des données, algorithmes et codes produits dans ce périmètre et faire des recommandations basées sur les retours d'expérience.

Les événements (co-)organisés par le CATI SysMics

Beaucoup de liens avec les CATI BARIC, GREP et eMPREINTE sur les aspects Intégration et Visualisation de données.

2020	2021	2022	2022	2023-2024	2023-2024
Workshop Work4Graph	Workshop Work4GraphInt'	Formation Docker	Formation & Bootcamp Neo4J	Projet Semantic linked data	Projet Codev4Graph
Thématique : visualisation de réseaux sous forme de graphes	Thématique : intégration et visualisation de réseaux sous forme de graphes	Formation Docker - Mise en oeuvre et déploiement de conteneurs virtuels	Formation à Neo4J + accompagnement d'un ingénieur Neo4J sur divers projets ciblés	Préparer un <i>data book</i> : reconnaissance des réalisations INRAE, faciliter le partage des données, et recommandations	Fédérer une communauté de développeurs autour de la mise à disposition de composants web pour la visualisation de réseaux biologiques
Plus d'infos : https://sysmics.cati.inrae.fr/work4graph	Plus d'infos : https://work4graph.pages.mia.inra.fr/work4graph-integration/	Plus d'infos : fiche M2i Formation	Plus d'infos : https://work4graph.pages.mia.inra.fr/bootcamp-neo4j-2022/	Plus d'infos : https://pepi2g.wiki.inrae.fr/doku.php/communaute:sapi:sapis2023	Plus d'infos : https://codev4graph.pages.mia.inra.fr/codev4graph-site/

Objectifs

- création d'une **communauté de développeurs** autour de la visualisation de graphes (réseaux) et des *web components*,
- fournir une **bibliothèque de *web components*** dédiés à la visualisation de réseaux.

Technologies ciblées

Framework **VueJS 3** (<https://vuejs.org/>) et langage **TypeScript** (<https://www.typescriptlang.org/>)

Calendrier du projet

- 2023 : partage des connaissances et formation sur ces sujets
- 2024 : production de composants web pour la visualisation de réseaux

Nombre de participants

- 24 inscrits, 7 CATI, 10 centres, 16 unités



CATI SysMics

3 octobre 2023



INRAE

Bilan du CATI SysMics
3 octobre 2023