

INRAE

**➤ Assemblée Générale du CATI
SysMics**

5 mars 2020 - Jouy-en-Josas

Programme

9h30 - 9h40 : introduction générale

9h40 - 12h : bilan & perspectives de chaque *workpackage*

12h - 12h30 : discussion autour de la vie du CATI

14h - 16h : discussion sous forme d'ateliers

- ★ atelier autour des besoins en visualisation de réseaux
- ★ atelier autour des fiches descriptives des données "omiques"

16h - 16h30 : conclusion & perspectives générales

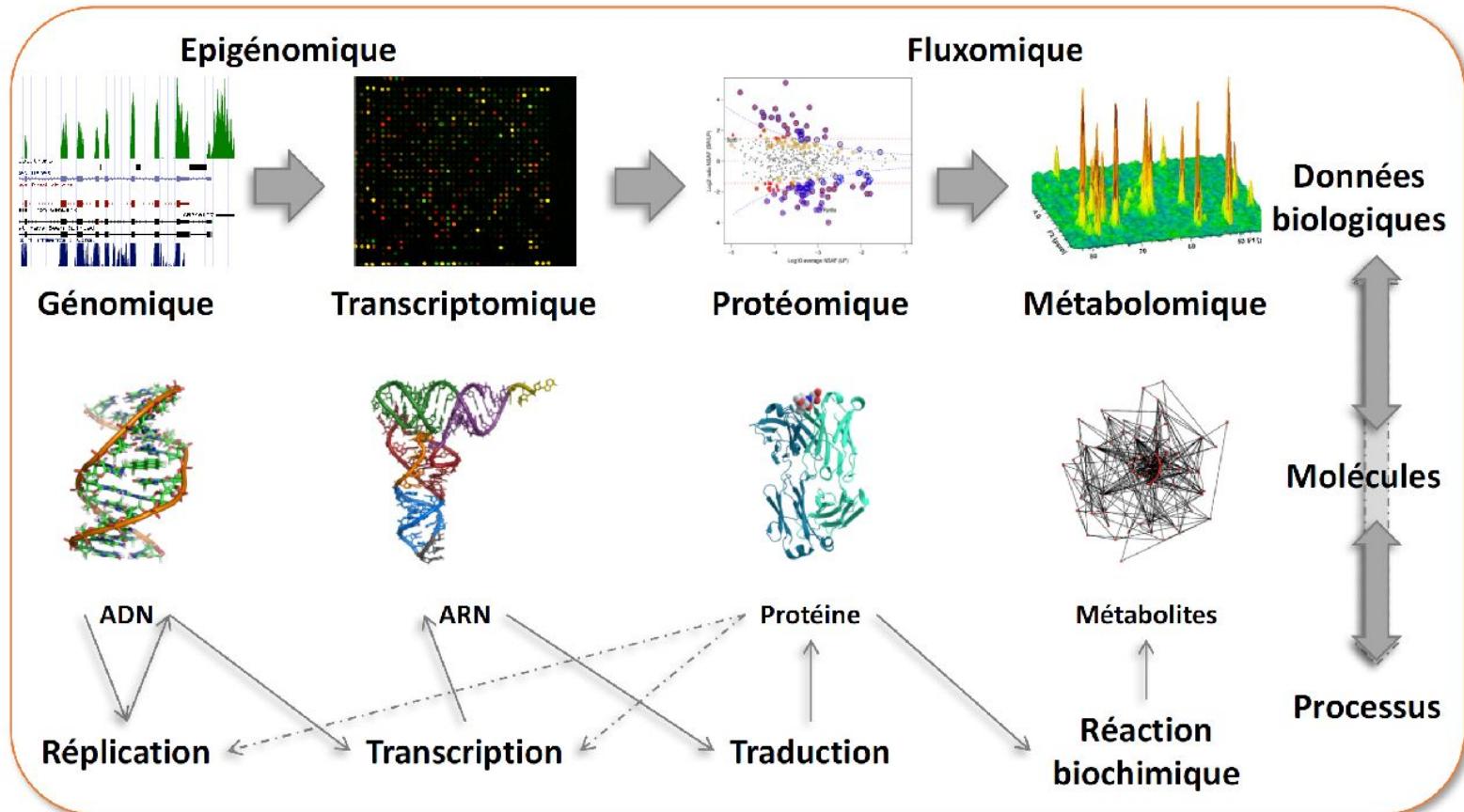


INRAE

➤ Introduction générale

5 mars 2020 - Jouy-en-Josas

Des données hétérogènes reliées par des processus biologiques



INRAE

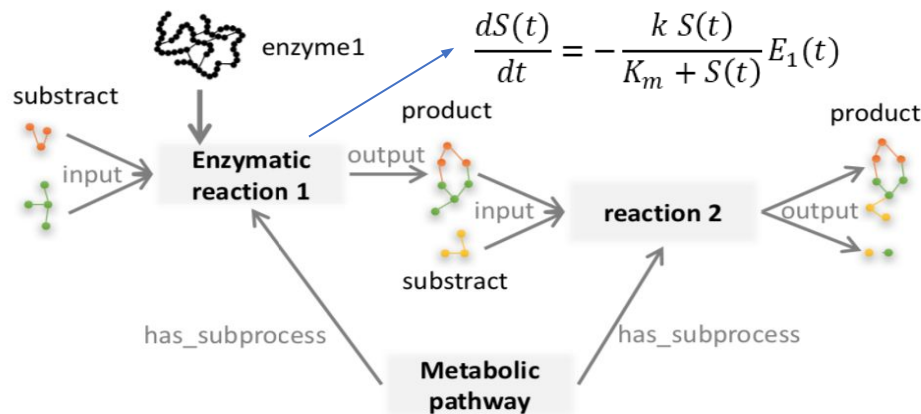
Assemblée Générale du CATI SysMics
5 mars 2020

Biologie des systèmes

La Biologie des Systèmes s'appuie sur une description « systémique » des objets biologiques manipulés, basée sur les approches systèmes en Science de l'Ingénieur

- ◆ Un système (au sens des SI) est formé de constituants (objets) en interaction. Un modèle mathématique est associé au système et décrit son comportement dynamique.
- ◆ Un processus biologique est constitué d'une ou plusieurs de réactions biochimiques impliquant des entités biologiques, et a un comportement dynamique.
 - peut être considéré comme un système au sens des SI
 - peut être décomposé en sous-système de granularité plus fine ou appartenir à un processus de plus haut niveau

Un exemple: La voie métabolique



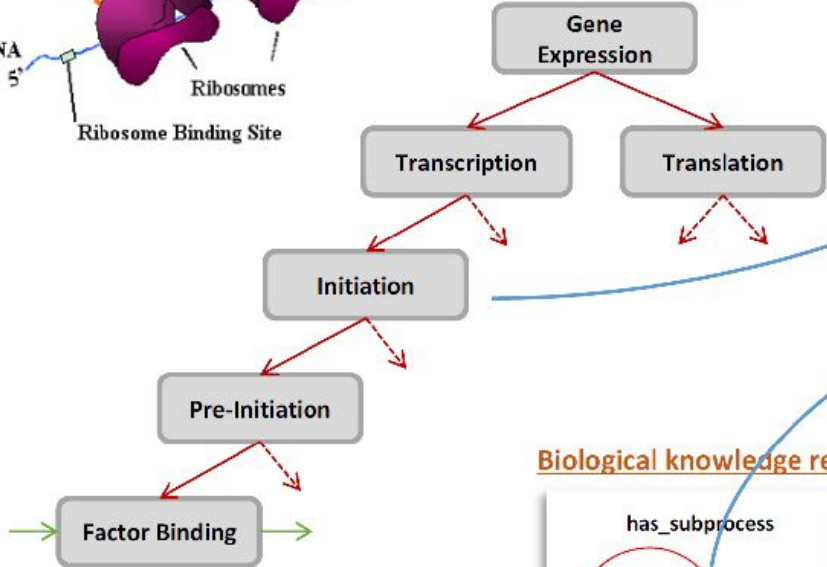
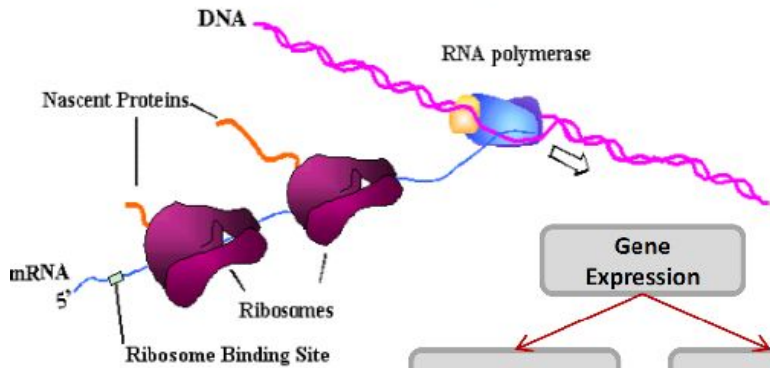
zoom-in

Granularité

zoom-out

- Multi-échelle**
- Moléculaire
 - Cellulaire
 - Organisme
 - Population

Modeling heterogeneous and multiscale processes of bacterial gene expression

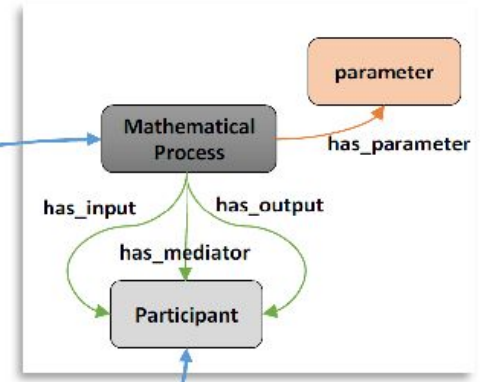


Données omiques

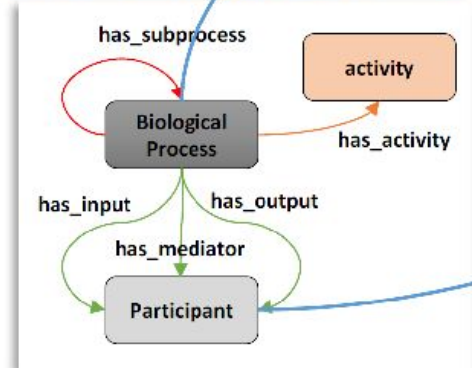
Paramètres
(mesurés, déduits d'un traitement sur des données omiques)

$$\frac{k_{1i} [P_{af}]}{k_{2i} + [P_{af}]} \times \frac{k_{1r}}{k_{1r} + [TE_{on}]}$$

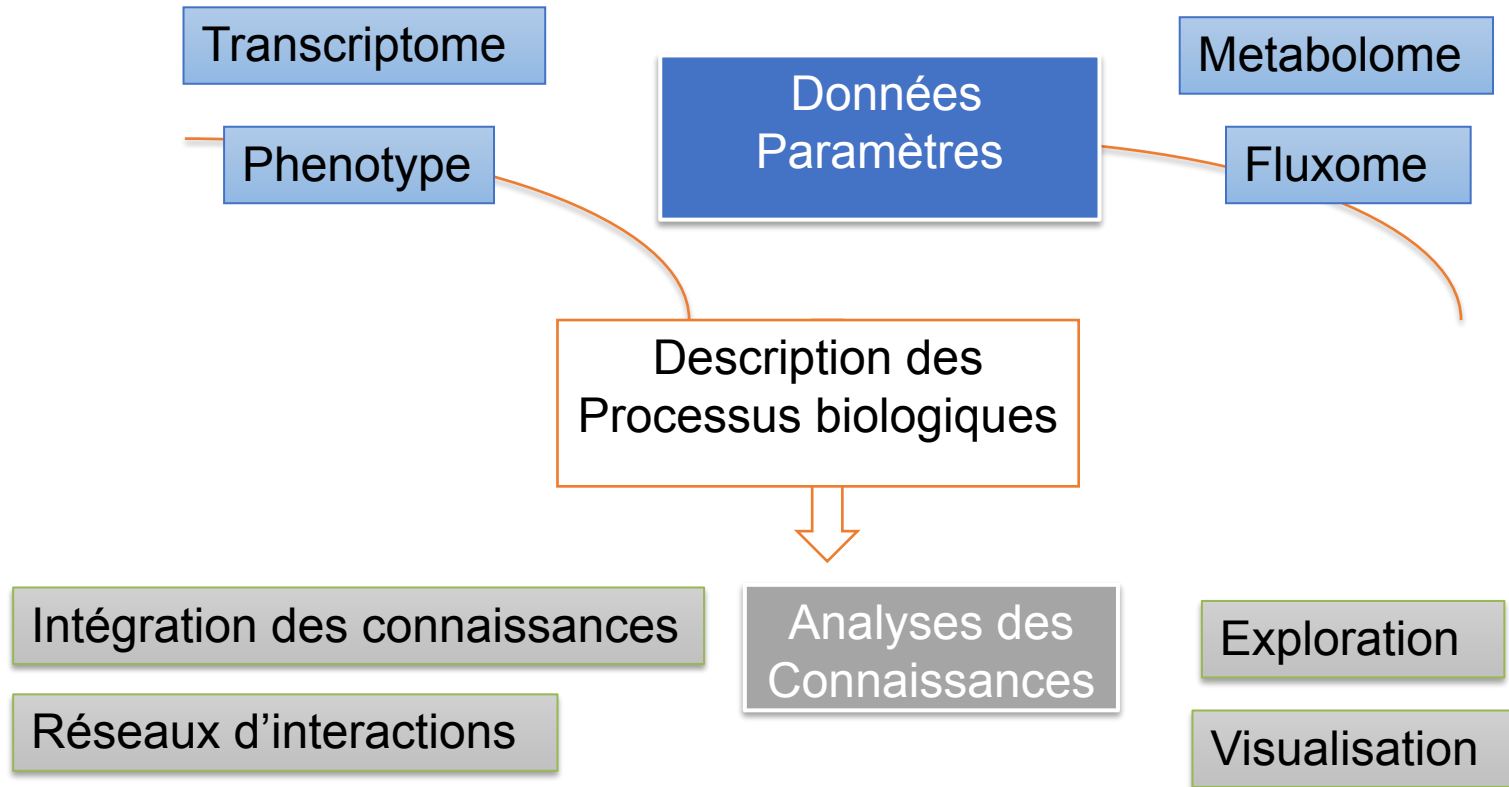
Mathematical modeling knowledge representation



Biological knowledge representation



Contexte du CATI SysMics



Pour répondre à des questions biologiques:

- ❖ Le fonctionnement observé du processus est-il en accord avec la connaissance disponible?
- ❖ Quel variabilité génotypique explique tel phénotype? Quel est l'impact de la variabilité génétique sur les paramètres biologiques ?
- ❖ Quel sont les mécanismes moléculaires ou processus intervenant dans une carence ?

Le CATI SysMics : 17 Agents

CATI 3G créée en 2019 et pilotée par les départements **NUMM**, **BAP** et **MICA**

9 agents BAP : GQE(2),
IPS2(3), IJPB(3), ENS Lyon(1)

6 agents NUMM : LaMMe(1),
MaIAGE(5)

2 agents MICA : MICALIS(1),
MaIAGE(1)

Intégration statistique
A. thaliana, Maïs,
transcriptome, métabolome,
phénotypes

Modélisation des processus
Biologiques multi-échelles
Bases de données

Connaissances et
organismes bactériens



Le CATI SysMics

Un CATI3G orienté « Recherche »

Objectifs :

- ❖ Modéliser les processus
- ❖ Développer un environnement informatique intégrant cette notion de processus
- ❖ Déployer des méthodes statistiques pour analyser et intégrer des données omiques hétérogènes
- ❖ En lien avec des projets en cours

Organisme(s) ciblé(s) en priorité:

- ❖ Preuves de concepts sur des organismes modèles *B. subtilis* et *A. thaliana*
- ❖ Transfert au maïs (projet Amazing) ou *R. solanacearum*

—————→ Objectifs, structure et tâches scientifiques rédigées dans une feuille de route



Structure du CATI SysMics

CATI
eMPREInTE

WP2 : Outils pour l'analyse
statistique intégrative de
données et connaissances



WP1 : Intégration systémique
des données et des
connaissances



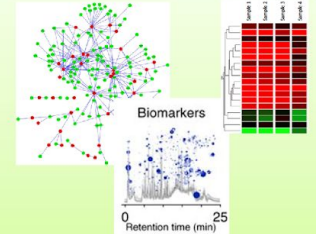
WP3 : Interfaces de
visualisation de données
hétérogènes

CATIs
eMPREInTE,
BARIC



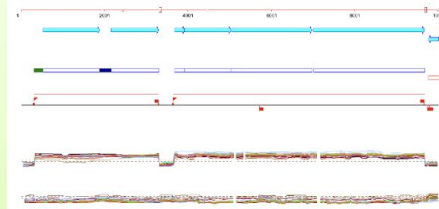
WP4 : Fédération d'une communauté
interdisciplinaire autour de l'intégration
des systèmes vivants

- ★ Etat de l'art sur les données omiques manipulées avec les ontologies et les méthodes statistiques utilisées (1 an)
- ★ Méthodes d'intégration statistiques pour les données hétérogènes (2 - 3 ans)
- ★ Méthodes de couplage d'analyses intégratives/ontologies systémiques (en // avec WP1)



- ★ Ontologies (systémiques) des processus biologiques majeurs bactéries/plantes
- ★ Environnement informatique pour *B. subtilis* (à 2 ans) et *A. thaliana* (à 5 ans)
- ★ Couplage processus biologiques (cellulaires) et biophysiques

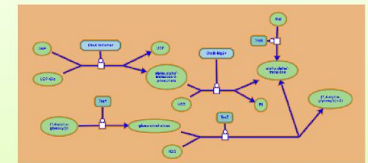
Visualisation le long des génomes



Existant sur *S. aureus*

- ★ Adaptation à *B. subtilis* (annotation, expression, ...)
- ★ Enrichissement : profils RNASeq, sites de fixation de facteurs de transcription, ...

Visualisation de réseaux



- ★ Veille sur les outils (processus, réactions, régulations, flux, ...)
- ★ Mise en place des outils sur des organismes modèles : *A. thaliana* et *B. subtilis*

- ★ Organisation de groupes de travail intra et inter-CATI
- ★ Formation/tutoriels sur les outils produits par le CATI
- ★ Réflexion sur l'extension du cadre aux autres règnes (ex: animaux)



INRAE

Assemblée Générale du CATI SysMics
5 mars 2020

INRAE

➤ **Bilan & perspectives
de chaque *workpackage***

5 mars 2020 - Jouy-en-Josas

INRAE

➤ *Workpackage 1*

Intégration systémique des données et des connaissances

Contexte

Deux « objets » d'intérêt :

1. Représentation formelle des processus biologiques (et les modèles mathématiques associés)
2. Entrepôt de données hétérogènes, structuré par l'ontologie, de la connaissance biologique, des données expérimentales (*e.g.* omiques), des prédictions bioinformatiques (*e.g.* motifs, phénotypes), des modèles et de données structurées (*e.g.* réseaux)

Pourquoi cet intérêt ?


1. Plusieurs exemples concrets d'intégration de données hétérogènes (fusion de données transcriptomique / métabolomique, métabolomique / réseau métabolique, RBA)
2. Faisabilité du projet : deux ontologies prototypes BiPON / BiPOM

WP (et le CATI dans son ensemble) de nature exploratoire

Rôle centrale des processus et de leur représentation (ontologie)

Objectifs et livrables

Objectifs :

- 
1. Développement pour *Bacillus subtilis*
 2. Preuve de concept pour *Arabidopsis thaliana*
 3. Faisabilité de transfert vers un organisme non modèle

sur deux axes :

1. Ontologie
2. Données

Tâche 1 : *B. subtilis*

Tâche 2 : *A. thaliana*

Tâche 3 : tâches transversales

Livrables à deux ans :

1. Document sur la description des données omiques hétérogènes
2. Ontologie systémique des processus bactériens identifiés
3. Environnement informatique pour *B. subtilis*
4. Processus biologiques garantissant le fonctionnement des cellules de plante

Livrables à 5 ans :

1. Environnement informatique *A. thaliana*
2. Document d'évaluation de transfert vers un autre organisme
3. Preuve de concept : couplage cellules et processus macroscopiques sur plante entière

Environnement informatique pour *Bacillus subtilis*

Description	Délai
(a) Représentation générique des processus sur la base de BiPON / BiPOM : (i) Faisabilité (ii) Construction	6 mois 21 mois
(iii) Outil de peuplement (iv) Peuplement	21 mois 24 mois
(b) Entrepôt de données structurée par l'ontologie : (i) Description des (meta) données omiques (ii) Faisabilité du lien entre données (BaSynTech & BaSysBio) et ontologie	9 mois 12 mois
(iii) Technologie et structure (iv) Peuplement à partir de base de données existantes (v) Interface de requête	21 mois 24 mois 24 mois
(c) Test de transfert vers une souche modifiée	24 mois

Faisabilité : fusion simple de BiPON et de BiPOM non adéquat.

Au vu du rôle centrale de l'ontologie : transfert d'effort vers sa construction.

Voir présentation suivante pour des détails.

Avancement global OK
Test du peuplement de BiPOM en cours

Environnement informatique pour *Arabidopsis thaliana*

Description	Délai
(a) Choix des processus biologiques à intégrer	6 mois
(b) Données liées aux processus choisis	15 mois
(c) Ontologie prototype	57 mois
(d) Existant dans les bases de données	18 mois
(e) Evolutions nécessaires de l'environnement informatique entre bactérie et plante	30 mois
(f) Prototype de l'environnement informatique	57 mois
(g) Test de transfert <i>A. thaliana</i> vers une variété différente	57 mois

Travail fourni important :

- Formation aux ontologies
- Pertinence d'une ontologie et motivation de la communauté des biologistes : voir WP4
- Avec la communauté des biologistes, choix des processus (transcription et assimilation de l'azote) : intérêt du processus et accessibilité des données

Avancement OK

Point d'attention : une personne absente pour une longue durée
Reconfiguration des personnes impliquées dans le WP : OK

Tâches transversales

Description	Délai
(a) Autres CATIs et organisation et stockage des données	60 mois ← Voir WP4
(b) Indicateur de qualité de l'environnement informatique	60 mois
(c) Test de transfert vers un organisme non modèle	60 mois

Conclusions et perspectives

Livrables à deux ans :

1. Document sur la description des données omiques hétérogènes
2. Ontologie systémique des processus bactériens identifiés
3. Environnement informatique pour *B. subtilis*
4. Processus biologiques garantissant le fonctionnement des cellules de plantes

Bonne dynamique !

Focus plus important à faire sur les données

Suivre la feuille de route : migrer les efforts sur la plante

INRAE

➤ *Workpackage 2*

Outils pour l'analyse statistique intégrative de données et connaissances

WP2 Outils pour l'analyse statistique intégrative de données et connaissances

Nadia Bessoltane, Delphine Charif, Eric Biot **IJPB Versailles**

Véronique Brunaud, Christine Paysant-Le-Roux **IPS2 Gif-sur-Yvette**

Johann Joets **GQE-le Moulon Gif-sur-Yvette**

Guillaume Cerutti **ENS, Lyon**

Génomique – Transcriptomique – Protéomique – Métabolomique - Imagerie



INRAE

Assemblée Générale du CATI SysMics
5 mars 2020

WP2 Outils pour l'analyse statistique intégrative de données et connaissances

- 1/ Décrire des données issues des « omiques » et d'imagerie.
- 2/ Décrire et implémenter des méthodes et outils d'analyse statistiques génériques pour ces données
- 3/ Explorer des méthodes et outils d'analyses statistiques intégratives

Ces objectifs s'affinent avec nos travaux.



WP2 Outils pour l'analyse statistique intégrative de données et connaissances

1/ Décrire des données issues des « omiques » et d'imagerie.

Réflexion engagée lors de la journée « omiques » inter-cati (10/2019)

Rédaction de fiches décrivant les données « omiques » et imagerie

- *Pour une personne d'une autre discipline*
- *Pour comprendre ce qu'elles représentent/mesurent*
- *Pour connaître leur nature mathématique (continue/discrète, dimensions, ...)*

=> Informations utiles pour choisir comment les analyser / les intégrer

A distinguer d'une fiche de traçabilité/métadonnées

Plutôt génériques qu'attachées aux données, mais déclinées par technique

3 phases : 1/ Développement en interne au CATI -> été 2020

2/ Présentation à un réseau d'expert en lien avec le CATI automne 2020

3/ Présentation aux autres CATI



WP2 Outils pour l'analyse statistique intégrative de données et connaissances

2/ Décrire et implémenter des méthodes et outils d'analyse statistiques génériques pour ces données.

RFLOMICS : R package + friendly user interface to perform omics-data analysis (*Nadia, Delphine, Christine*)

Multivariate statistics, differential analysis, co-analysis of omics data, results visualization and reports.

Designed to support up to 3 omics (RNAseq data, proteomics or metabolomics data) obtained in a same biological context (same experimental design).

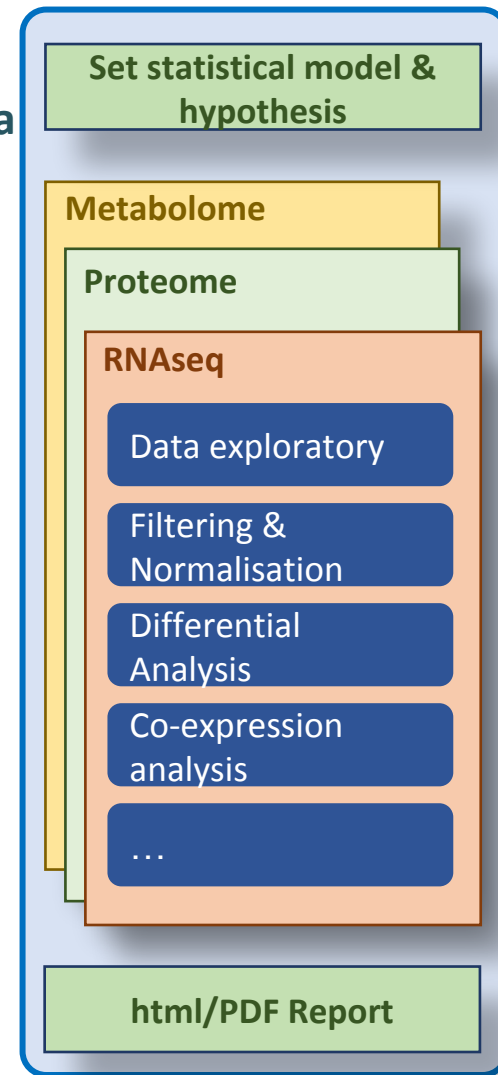
Support multi-factorial experimental design:

Help to translate biological questions into hypothesis (contrasts) for differential analysis (I. Lambert, C. Paysant-Le-Roux, MLMM).

Constraints :

Balanced and complete design

Limited to 2nd order interactions



INRAE

Assemblée Générale du CATI SysMics

5 mars 2020

WP2 Outils pour l'analyse statistique intégrative de données et connaissances

3/ Explorer des méthodes et outils d'analyses statistiques intégratives.

Plus tard !



INRAE

Assemblée Générale du CATI SysMics
5 mars 2020

WP2 Outils pour l'analyse statistique intégrative de données et connaissances

Gouvernance : Véronique succède à Johann à partir d'aujourd'hui !



INRAE

Assemblée Générale du CATI SysMics
5 mars 2020

INRAE

➤ *Workpackage 3*

Interfaces de visualisation de données hétérogènes

Description du *workpackage* 3

Personnes impliquées : Sandra, Thomas, Cyprien, Franck



INRAE

Assemblée Générale du CATI SysMics
5 mars 2020

Objectifs

Objectif général

Développer un ou plusieurs **outils** permettant de **visualiser** l'ensemble des **données “omiques” hétérogènes** disponibles mais également les **processus biologiques** décrits dans l'environnement structuré proposé à terme dans le *workpackage 1*.

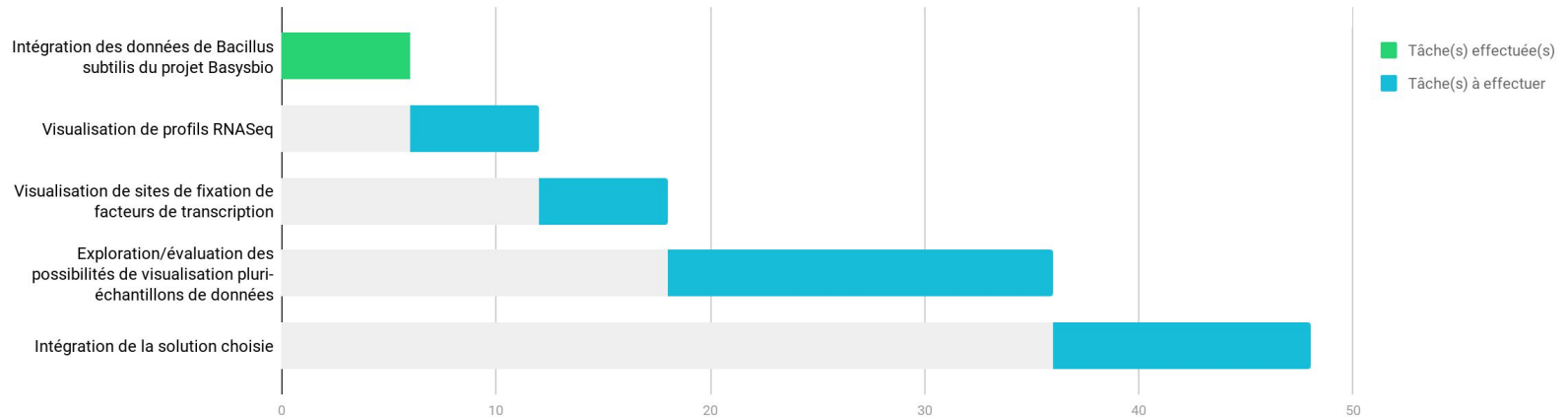
Missions

- **enrichir** et **adapter** les **outils existants** afin de visualiser les données “omiques” non visualisables actuellement le long du génome,
- **proposer** un outil permettant de **visualiser** les **processus biologiques** (réseaux métaboliques et/ou de régulation) à partir de données extraites du système informatique structuré du *workpackage 1*,
- **assurer** un **lien** entre les différents outils afin de **naviguer** entre les divers types de données (“omiques” et réseaux) ainsi que l'entrepôt de données.

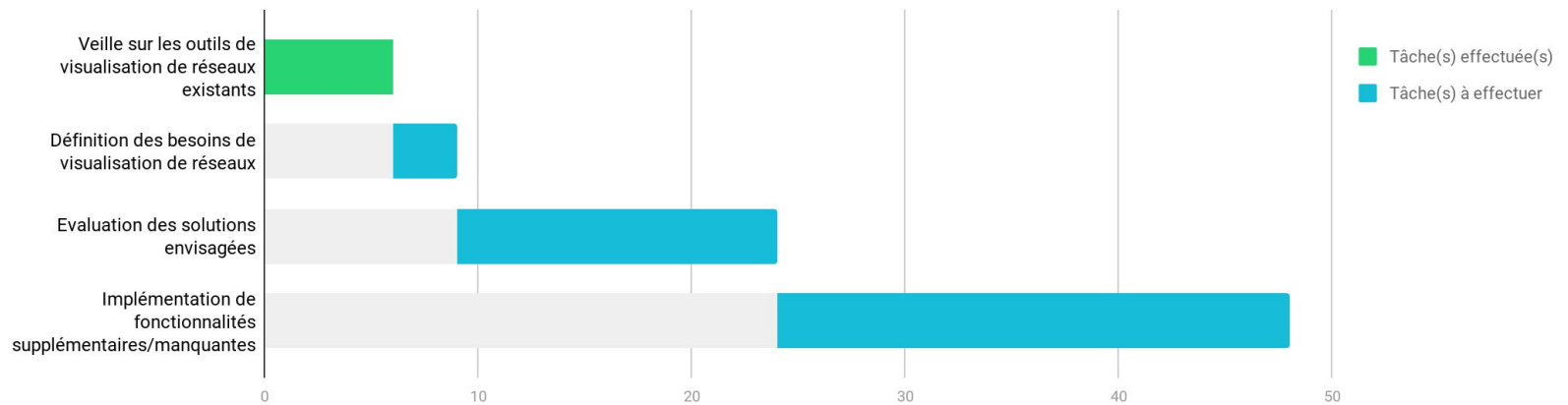


Planification des tâches

Visualisation le long du génome



Visualisation de réseaux



Interface de visualisation de données hétérogènes le long des génomes

Sandra Dérozier & Cyprien Guérin



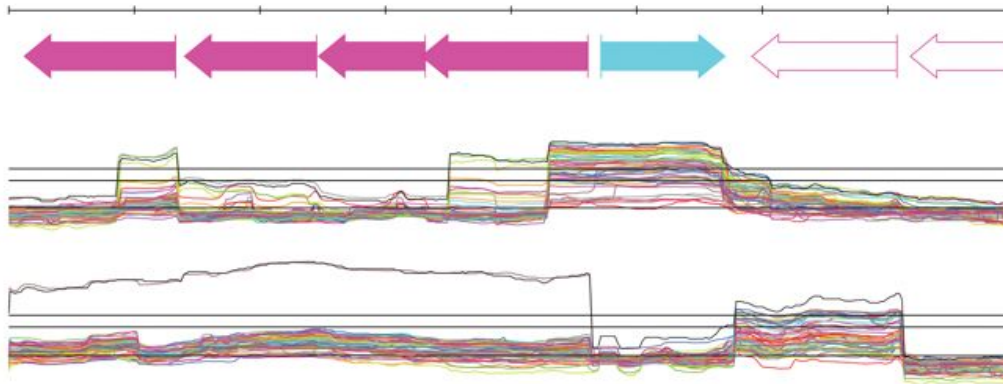
INRAE

Assemblée Générale du CATI SysMics
5 mars 2020

Contexte

Types de données

- transcription bactérienne sans a priori d'annotation structurale
- multiples conditions de culture avec répétitions
 - réannotation de *B. subtilis* : 104 conditions, 269 échantillons
- niveau de transcription le long du chromosome
 - réannotation de *B. subtilis* : ~380K sondes



Nicolas P. et al., Science, 2012

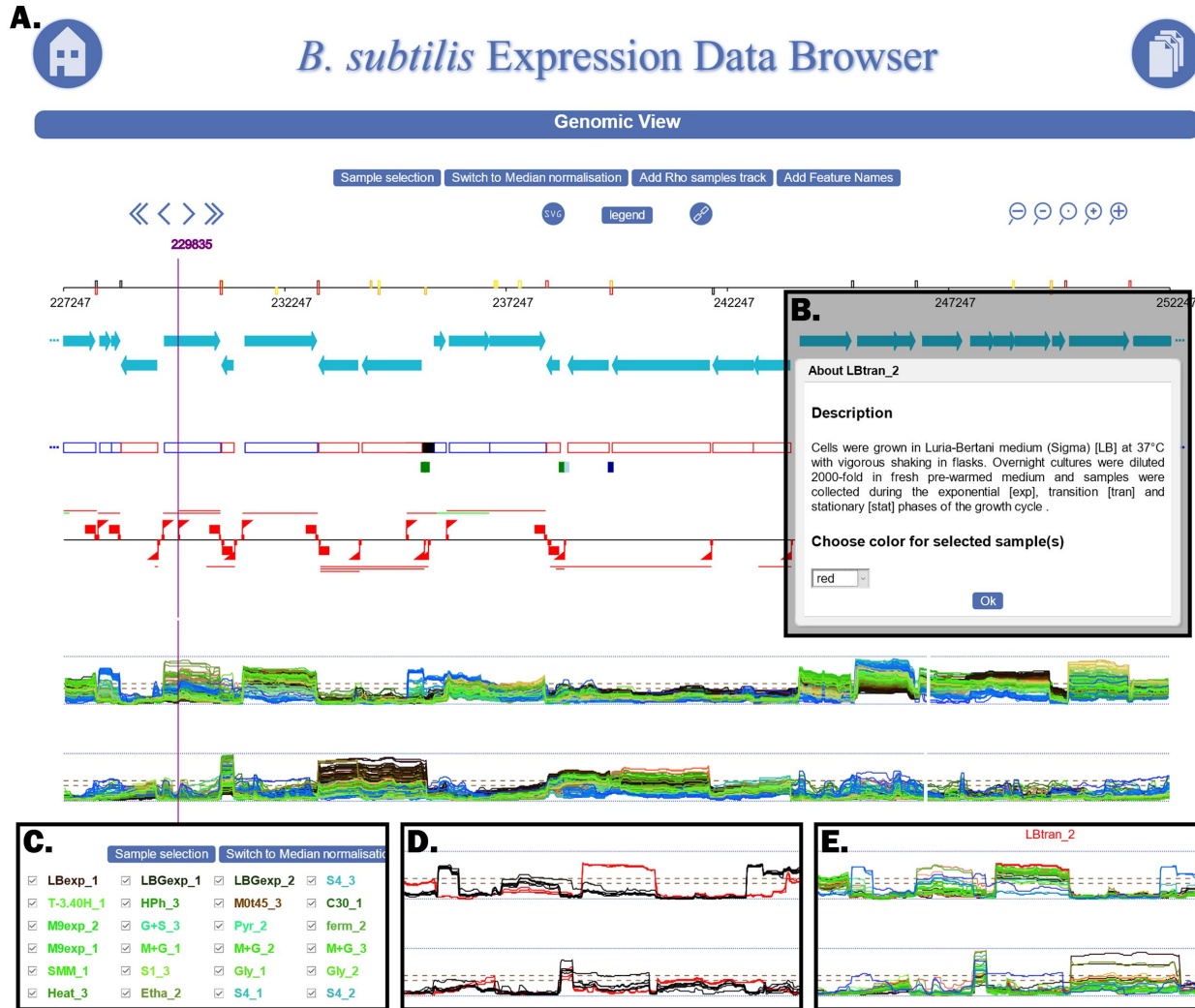
Contexte

Besoins

- Ne pas se limiter aux annotations canoniques pour l'affichage
- Découverte de nouveaux mécanismes liés à la transcription
 - départs de transcription alternatifs
 - terminaisons prématurées conditions-dépendantes
 - terminaisons partielles
 - transcription anti-sens
- Explorer plusieurs conditions/profils sur la même vue
- Personnaliser la vue pour faciliter l'exploration
- Accès et partage facile des vues



Interface web





B. subtilis Expression Data Browser



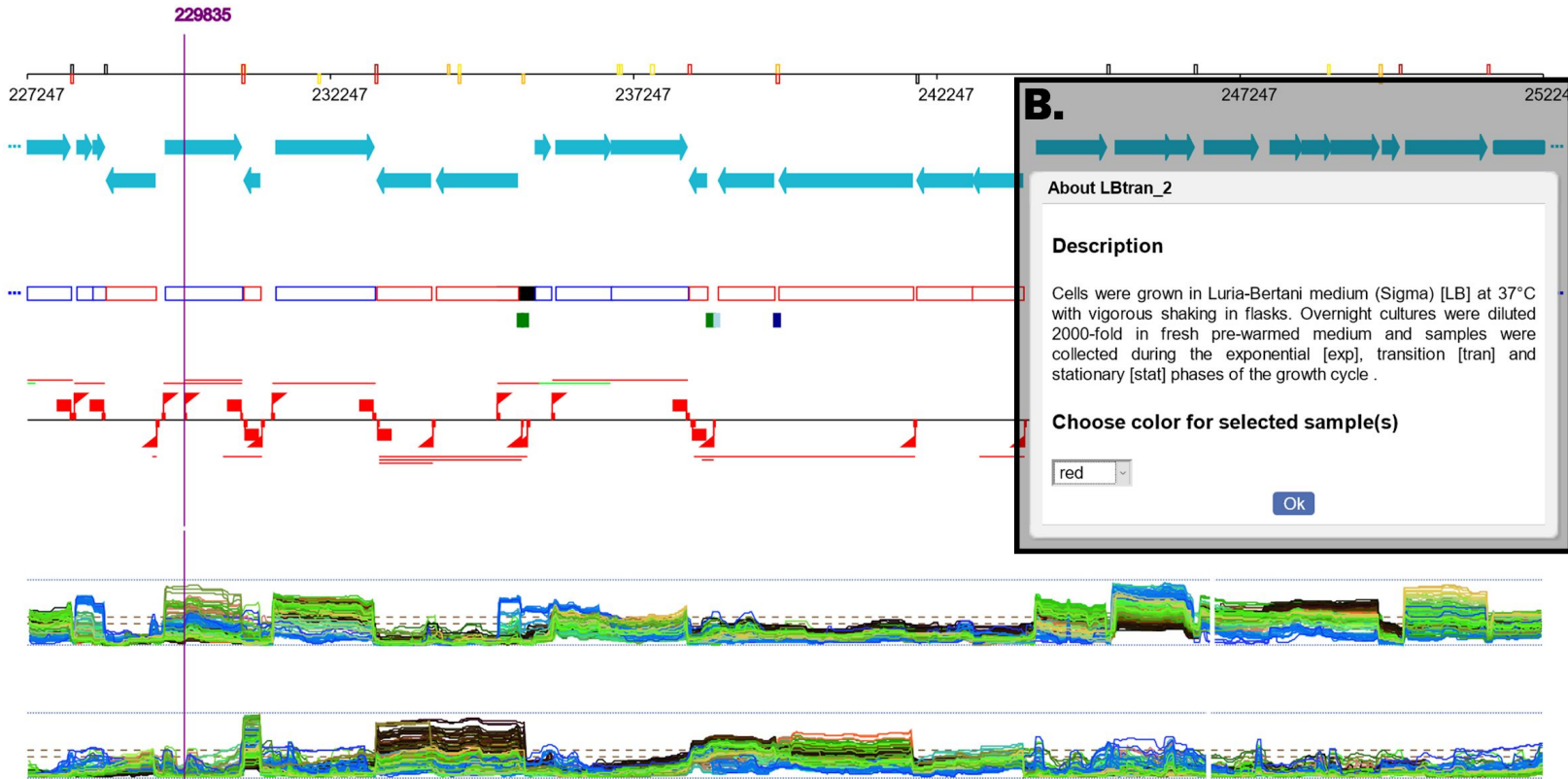
Genomic View

Sample selection Switch to Median normalisation Add Rho samples track Add Feature Names



SVG

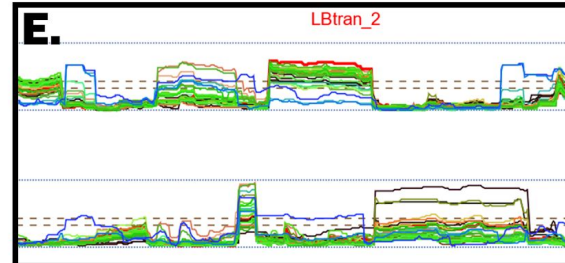
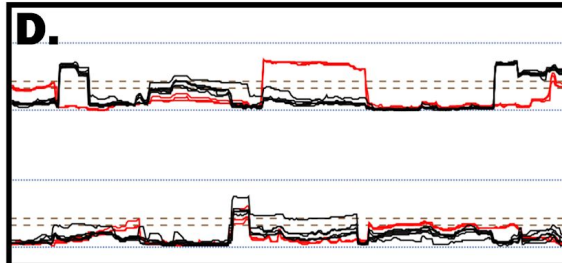
legend



C.

Sample selection Switch to Median normalisation

<input checked="" type="checkbox"/> LBexp_1	<input checked="" type="checkbox"/> LBGexp_1	<input checked="" type="checkbox"/> LBGexp_2	<input checked="" type="checkbox"/> S4_3
<input checked="" type="checkbox"/> T-3.40H_1	<input checked="" type="checkbox"/> HPh_3	<input checked="" type="checkbox"/> M0t45_3	<input checked="" type="checkbox"/> C30_1
<input checked="" type="checkbox"/> M9exp_2	<input checked="" type="checkbox"/> G+S_3	<input checked="" type="checkbox"/> Pyr_2	<input checked="" type="checkbox"/> ferm_2
<input checked="" type="checkbox"/> M9exp_1	<input checked="" type="checkbox"/> M+G_1	<input checked="" type="checkbox"/> M+G_2	<input checked="" type="checkbox"/> M+G_3
<input checked="" type="checkbox"/> SMM_1	<input checked="" type="checkbox"/> S1_3	<input checked="" type="checkbox"/> Gly_1	<input checked="" type="checkbox"/> Gly_2
<input checked="" type="checkbox"/> Heat_3	<input checked="" type="checkbox"/> Etha_2	<input checked="" type="checkbox"/> S4_1	<input checked="" type="checkbox"/> S4_2



Perspectives

- Autres types de données
 - profils RNA-Seq
 - sites de fixation de facteurs de transcription
 - demi-vie des ARNs
- Autres besoins
 - visualisation pluri-échantillons
 - généraliser la création de nouvelles visualisations



Perspectives

Focus sur les données RNA-Seq

- Types de données
 - couverture brutes (peu d'intérêt)
 - couverture en log, normalisée par librairies (équivalent rpkm)
- Premières pistes de réflexion
 - se baser sur des extractions bedGraph depuis les bam

gi		225184640		emb		AL009126.3		0	22	0
gi		225184640		emb		AL009126.3		22	30	1
gi		225184640		emb		AL009126.3		30	32	2
gi		225184640		emb		AL009126.3		32	51	3
gi		225184640		emb		AL009126.3		51	113	4
gi		225184640		emb		AL009126.3		113	128	5
gi		225184640		emb		AL009126.3		128	130	6
gi		225184640		emb		AL009126.3		130	152	8
gi		225184640		emb		AL009126.3		152	153	9

Interface de visualisation de réseaux

Thomas Duigou & Franck Samson



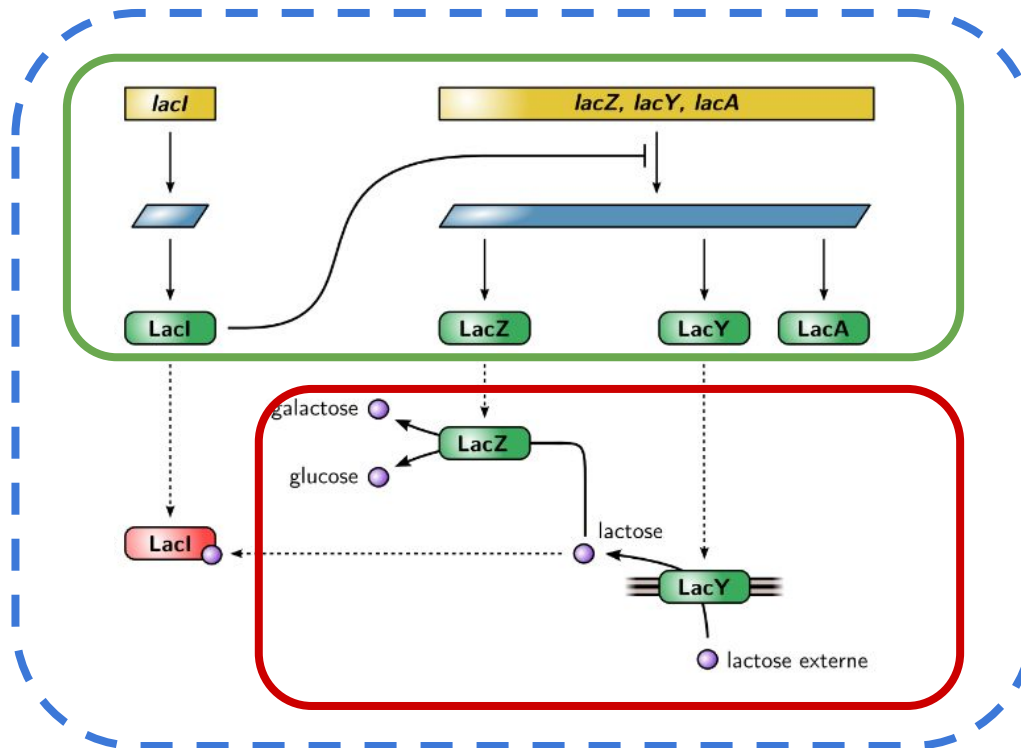
INRAE

Assemblée Générale du CATI SysMics
5 mars 2020

Contexte

Quels réseaux biologiques ?

→ réseaux métaboliques, réseaux de régulation, modules fonctionnels



Bilan

Veille sur les outils de visualisation

- Représentation des réseaux sous forme de graphes

- Énumération et caractérisation des outils existants
 - 19 outils référencés (dans la v1)
 - document de synthèse, v1: [export PDF](#)*

- Choix de l'approche, les critères :
 - exploitable via un **service web**
 - **license d'utilisation** pertinente
 - code **maintenu** et **documenté**
 - adapté pour (i) représenter les **réseaux** d'intérêt
 - adaptable pour (ii) représenter les **données** d'intérêt



Bilan

Identification des données et des entités à représenter (en cours)

- **Nécessaire** pour (i) le choix de l'outil et (ii) une implémentation adaptée

- Données et entités identifiées
 - données de type *-omics* issues des projets BaSysBio et Basynthec
 - entités, relations, processus issus de l'ontologie

- En lien avec le WP1 (Marc Dinh, Olivier Inizan, ...)



Perspectives

Implémenter un prototype pour la visualisation

→ Cas d'étude : deux réseaux simples

→ glycolyse (réseau métabolique)

→ opéron lactose (réseau de régulation)

→ proposition : implémentation basée sur la librairie "cytoscape.js"

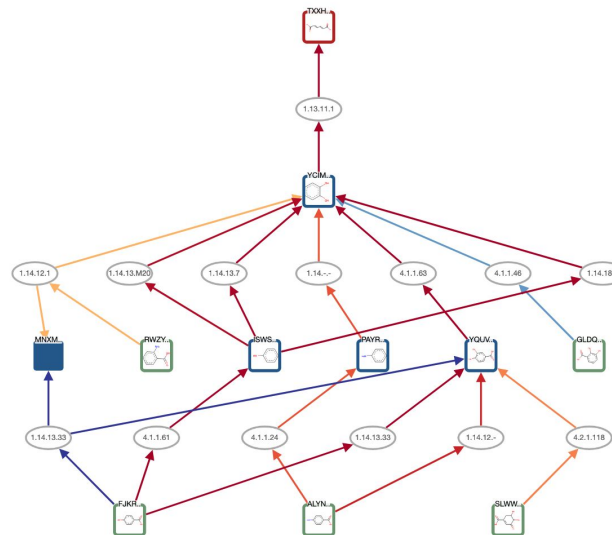
PATHWAY SELECTION

Pathway	Show	Info	Colour	Value
p_9_1	<input checked="" type="checkbox"/>		■	0.564
p_18_1	<input checked="" type="checkbox"/>		■	0.564
p_21_1	<input checked="" type="checkbox"/>		■	0.563
p_15_1	<input checked="" type="checkbox"/>		■	0.562
p_7_1	<input checked="" type="checkbox"/>		■	0.559
p_4_1	<input checked="" type="checkbox"/>		■	0.554
p_6_1	<input checked="" type="checkbox"/>		■	0.550
p_1_2	<input checked="" type="checkbox"/>		■	0.545
p_2_1	<input checked="" type="checkbox"/>		■	0.513
p_8_1	<input checked="" type="checkbox"/>		■	0.503

Show all cofactors Hide all cofactors

COFACTOR OPTIONS

Show cofactors Hide cofactors



LEGEND

How to

- 1/ Pass the mouse hover pathway IDs (the "Pathway" column in the left table) to emphasize a specific path.
- 2/ Click once on a pathway ID (in the left table) to "pin" a path. When at least one pathway is pinned, other pathways are faded. Click a second time on a pinned pathway ID to unpin it.
- 3/ Mark / unmark the checkboxes (the "Show" column in the left table) to select which pathways are visible.
- 4/ Cofactors are hidden by default. One can use the "Show cofactors" and "Hide cofactors" button to change this display.
- 5/ Click on the icon (in the left table) to visualise information about a pathway
- 6/ Click on a node to visualise information about chemicals and reactions

Node shape

- Chemical
- Transformation (in/outgoing arrows show direction)

Compound color

- Target
- Intermediate chemicals
- Precursors



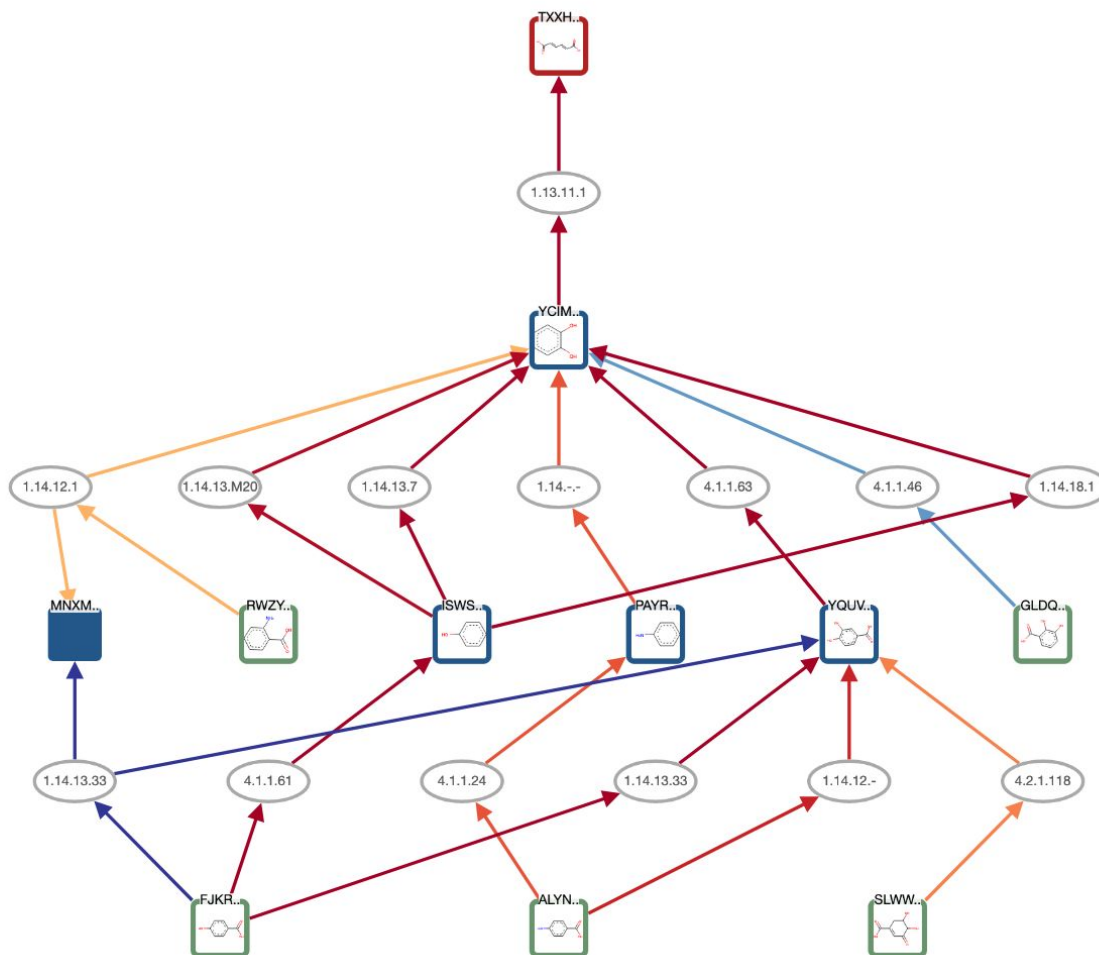
PATHWAY SELECTION

Pathway	Show	Info	Colour	Value
rp_9_1	<input checked="" type="checkbox"/>			0.564
rp_18_1	<input checked="" type="checkbox"/>			0.564
rp_21_1	<input checked="" type="checkbox"/>			0.563
rp_15_1	<input checked="" type="checkbox"/>			0.562
rp_7_1	<input checked="" type="checkbox"/>			0.559
rp_4_1	<input checked="" type="checkbox"/>			0.554
rp_6_1	<input checked="" type="checkbox"/>			0.550
rp_1_2	<input checked="" type="checkbox"/>			0.545
rp_2_1	<input checked="" type="checkbox"/>			0.513
rp_8_1	<input checked="" type="checkbox"/>			0.503

Show all pathways Hide all pathways

COFACTOR OPTIONS

Show cofactors Hide cofactors



LEGEND

How to

1/ Pass the mouse hover pathway IDs (the "Pathway" column in the left table) to emphasize a specific path.

2/ Click once on a pathway ID (in the left table) to "pin" a path. When at least one pathway is pinned, other pathways are faded. Click a second time on a pinned pathway ID to unpin it.

3/ Mark / unmark the checkboxes (the "Show" column in the left table) to select which pathways are visible.

4/ Cofactors are hidden by default. One can use the "Show cofactors" and "Hide cofactors" button to change this display.

5/ Click on the icon (in the left table) to visualise information about a pathway

6/ Click on a node to visualise information about chemicals and reactions

Node shape

Chemical

Transformation (in/outgoing arrows show direction)

Compound color

Target

Intermediate chemicals

Precursors



INRAE

Assemblée Générale du CATI SysMics
5 mars 2020

Perspectives

- **Définir comment visualiser les données “par-dessus” la topologie du réseau**
 - quelles données ? (les variables observées / mesurées)
 - à associer à quel(le)s entités ou processus ? (sur la “topologie” du réseau)
 - sous quelles formes ? (épaisseurs de flèches, graphiques, couleurs, ...)
- **Atelier “Besoins en visualisation de réseaux” cet après-midi**
 - identifier des “*use cases*” pour la visualisation
- **Implémentation pour les besoins de visualisation retenus**
- **Références croisées vers (i) l’outil de visualisation le long du génome et (ii) des bases de données publiques**



Conclusion

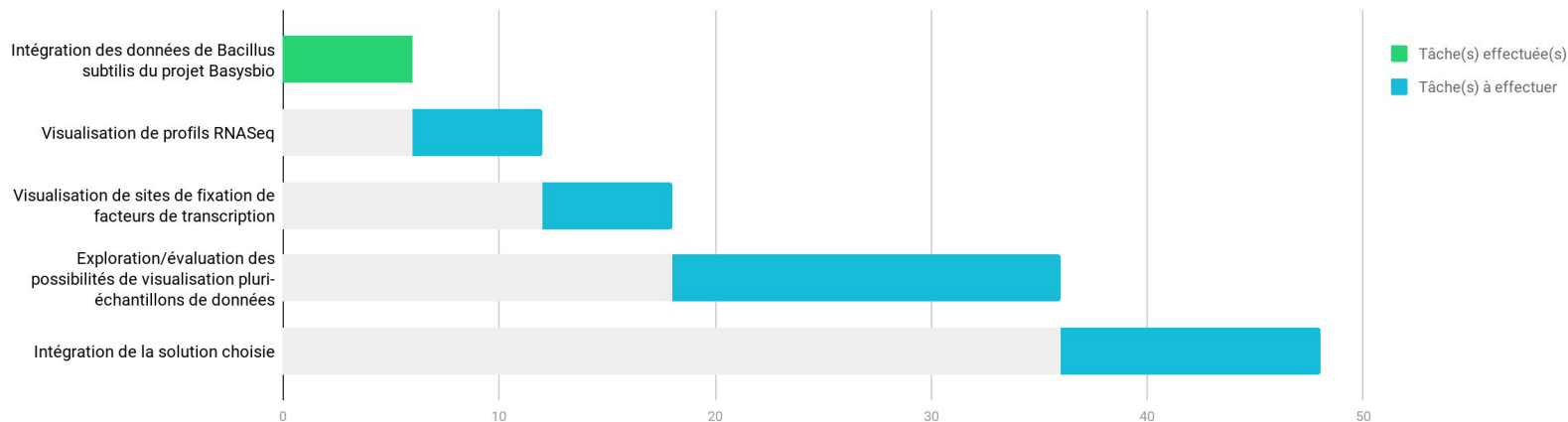


INRAE

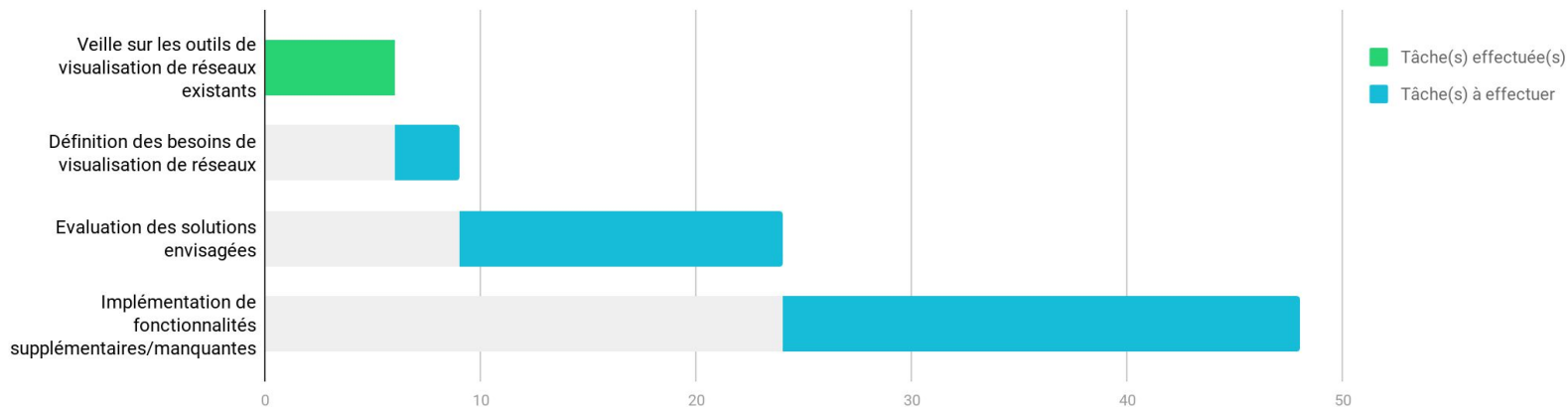
Assemblée Générale du CATI SysMics
5 mars 2020

En route pour la suite

Visualisation le long du génome



Visualisation de réseaux



INRAE

➤ *Workpackage 4*

Fédération d'une communauté interdisciplinaire
autour de l'intégration des systèmes vivants

WP4 : interactions interdisciplinaires et inter-CATI

Anne Goelzer et Véronique Brunaud
(+tous les agents SysMics)

Objectifs

Interactions avec les CATI eMPrEInTE, GREP, BOOM et BARIC sur la représentation, l'organisation et le stockage des données omics hétérogènes.

Actions

- ◆ Pas de réunion régulière mais des actions conjointes avec les autres WPs
- ◆ 1 journée organisée avec le CATI eMPrEInTE (financement via Ingenium 2019) sur la description des omics manipulés : environ 20 personnes, présentations des omics et exemples intégrations multi-omiques (intégration statistique, modélisation)
https://sysmics.cati.inra.fr/workshop_sysmics_empreinte_2019
- ◆ 1 présentation du CATI SysMics à l'IJPB – département BEAM afin de montrer les objectifs du CATI aux biologistes et d'échanger sur les projets/processus types qui pourraient être choisis prioritairement
<https://sysmics.cati.inra.fr/support-ijpb-2019>



WP4 : interactions interdisciplinaires et inter-CATI

Anne Goelzer et Véronique Brunaud
(+tous les agents SysMics)

Ré-actions

Sur la description des données omics:

- ◆ Fiches de chaque omic (en cours)
- ◆ En 2020, distribuer ces fiches aux différents CATI omics pour les faire évoluer, voire organiser une réunion d'échanges (via visio ou autre) pour finaliser ces fiches avant fin 2020 avec les agents relais pour ces CATIs

Sur les processus biologiques et données omics des plantes :

- ◆ Processus biologiques des plantes: métabolisme de l'azote, mécanismes de la traduction, régulation transcription, biosynthèse des phenylpropanoïdes
- ◆ Projet Amazing avec variétés génétiques + transcriptomes +phénotypes + biochimie et données environnementales

Perspectives à 2 ans Implications des WPs

WP1: sur la modélisation des projets

WP3: sur la représentation de ces données

WP2 : sur les fiches omics

WP4: organisation d'actions entre cati sur les thèmes partagés (omics, représentations, intégration)

WP4 : interactions interdisciplinaires et inter-CATI

Anne Goelzer et Véronique Brunaud
(+tous les agents SysMics)

Actions inter-CATI (envisagées)

Journée SysMics-eMPrEInTE sur l'intégration statistiques de données hétérogènes

Journée CODEX-GREP-PlantBreed-SysMics sur la représentation des liens génotypes-phénotypes des plantes

Journée CATI-omiques (GREP-PlantBreed-SysMics-BOOM) sur la représentation des génotypes et de leurs variants (ex : la « phylogénie » des souches)



INRAE

➤ Vie du CATI SysMics

5 mars 2020 - Jouy-en-Josas

Rappel des moyens de communication

Site web

- ★ <https://sysmics.cati.inra.fr>

Slack & liste de diffusion

- ★ catisysmics.slack.com
- ★ cati-sysmics@inrae.fr

Espace de stockage et de travail (serveur Migale)

- ★ espace de travail dédié

Forge MIA

- ★ <https://forgemia.inra.fr/cati-sysmics>

SharePoint

- ★ espace de partage dédié



Mode de fonctionnement actuel

Fonctionnement général

- ★ 1 assemblée générale par an (tous les membres)
- ★ réunion trimestrielle (animateurs de *workpackage* & porteurs du CATI)

Fonctionnement interne aux *workpackages*

- ★ discussion et point d'avancement mensuel pour le WP3

Diffusion de l'information

- ★ Slack
- ★ journées de restitution (ex. janvier 2020 sur les ontologies)

Question

- ★ le mode actuel vous convient-il ? Voyez-vous des améliorations à apporter ?



Actualités

Changement de responsable de CATI

- ★ Marc Dinh remplace Anne Goelzer à partir d'aujourd'hui
- ★ Johann Joëts reste

Changement de responsable du WP2

- ★ Véronique Brunaud remplace Johann Joëts



A vous la parole !

