



HAL
open science

BIOMODLAB : une plateforme de modélisation et d'analyse d'images 4D (espace + temps)

Yassin Refahi, Thibaut Viné, Anouck Habrant, Berangère Lebas, Christine Terryn, Gabriel Paës

► To cite this version:

Yassin Refahi, Thibaut Viné, Anouck Habrant, Berangère Lebas, Christine Terryn, et al.. BIOMODLAB : une plateforme de modélisation et d'analyse d'images 4D (espace + temps). 13èmes journées du Réseau Français des Parois, May 2022, Versailles, France. 1p. hal-03670664

HAL Id: hal-03670664

<https://hal.inrae.fr/hal-03670664>

Submitted on 17 May 2022

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Intitulé de session : Outils et méthodes de caractérisations, acquisition et traitements des données, modélisation

BIOMODLAB : une plateforme de modélisation et d'analyse d'images 4D (espace + temps)

Auteur(s)/Autrice(s) :

Yassin Refahi¹, Thibaut Viné¹, Anouck Habrant¹, Berangère Lebas¹, Christine Terryn², Gabriel Paës¹

Affiliations :

¹Laboratoire de fractionnement des AgroRessources et Environnement (FARE) , INRAE, Université de Reims Champagne Ardenne, Reims, France

²Plateforme en Imagerie Cellulaire et Tissulaire de l'Université de Reims Champagne Ardenne, Reims, France.

Résumé :

Comprendre les principes sous-jacents des mécanismes biochimiques nécessite généralement l'acquisition de données spatiales. L'imagerie 4D (espace + temps) est un outil puissant pour étudier ces mécanismes dans l'espace et dans le temps. Le traitement des images générées nécessite des outils mathématiques et des algorithmes adaptés. Dans ce contexte, nous avons développé une plate-forme de manipulation et d'analyse d'images 4D, appelée BIOMODLAB, qui intègre divers composants pour visualiser, segmenter, manipuler et analyser des jeux de données 4D. Développée avec les langages de programmation C++, Python3 et PyQt5, l'interface graphique de BIOMODLAB, dispose d'un interpréteur Python intégré. BIOMODLAB a été initialement développée pour étudier la division et la croissance cellulaire [1, 2]. BIOMODLAB est maintenant adapté pour étudier la déconstruction de la biomasse lignocellulosique lors de l'hydrolyse enzymatique dont l'impact sur la structure cellulaire peut être vu comme étant l'inverse de celui de la croissance [3]. En bref, BIOMODLAB fournit une interface unique intégrant des outils mathématiques et informatiques de traitement d'images pour obtenir des données quantitatives précises nécessaires à la modélisation des mécanismes biochimiques.

[1] Willis, L., Refahi Y., et al. "Cell size and growth regulation in the Arabidopsis thaliana apical stem cell niche." *Proceedings of the National Academy of Sciences* 113.51 (2016): E8238-E8246.

[2] Refahi, Y., et al. "A multiscale analysis of early flower development in Arabidopsis provides an integrated view of molecular regulation and growth control." *Developmental Cell* 56.4 (2021): 540-556.

[3] Zoghalmi, A., et al. "Multimodal characterization of acid-pretreated poplar reveals spectral and structural parameters strongly correlate with saccharification." *Bioresource Technology* 293 (2019): 122015.