

# Masterarbeit: Extending a graph modelling tool by supporting new data exchange standard

## Problemstellung:

Im Rahmen dieser Arbeit soll ein R Paket bzw. eine Erweiterung eines R Paketes implementiert werden, welches die Konvertierung des CX-Standards mittels der Pakete mully und RCX leistet. Ziel ist es, Interoperabilität zwischen dem Modell zur Datenmodellierung und Datenaustauschformaten zu gewährleisten. Dabei sollen Funktionen implementiert werden, die die existierenden mully Modelle in RCX Objekte und umgekehrt übersetzen.

mully ist ein R Paket, womit multilägige Netzwerke erstellt werden können. In diesen Graphen gibt es nicht nur Knoten und Kanten, sondern auch Layers worauf Knoten bzw. Kanten gruppiert werden können. Das Multipath R Paket liefert mittels mully integrierte, reproduzierbare, multilägige Signalwege Modelle.

Um die Unterstützung dieser Modelle in anderen Tools wie Cytoscape zu ermöglichen, wird der Standard CX, Cytoscape exchange data format, benutzt.

Hier bieten sich zwei Möglichkeiten an:

- ein R Paket mully2RCX zu implementieren, indem die Konvertierung der Modelle geschafft wird
- das mully Paket mit den betroffenen Funktionen zu erweitern

Anschließend sollen die Ergebnisse auf ein Paar Anwendungsfälle getestet und validiert werden.

## Anforderungen:

- Gute R Kenntnisse oder die Bereitschaft sich diese anzueignen
- Selbstständiges und organisiertes Arbeiten
- Fähigkeit sich in neuen Arbeitsumgebungen und Datenformaten einzuarbeiten

## Vorab Literatur:

- <https://github.com/frankkramer-lab/mully>
- <https://bioconductor.org/packages/devel/bioc/html/RCX.html> oder <https://github.com/frankkramer-lab/RCX>
- <https://github.com/frankkramer-lab/Multipath>
- <https://bioconductor.org/packages/release/bioc/html/ndexr.html> oder <https://github.com/frankkramer-lab/ndexr>
- <https://home.ndexbio.org/data-model/>
- Hammoud Z, Kramer F. mully: An R Package to Create, Modify and Visualize Multilayered Graphs. Genes (Basel). 2018 Oct 23;9(11). Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6267209/>

- Auer F, Kramer F. RCX – an R package adapting the Cytoscape Exchange format for biological networks, doi: <https://doi.org/10.1101/2021.10.26.466001>
- Hammoud Z, Kramer F. Multilayer networks: aspects, implementations, and application in biomedicine. *Big Data Analytics*. 2020 Jul 6;5(1):2.
- Hammoud Z, Kramer F. Multipath: An R Package to Generate Integrated Reproducible Pathway Models. *Biology*. 2020 Dec;9(12):483.
- Pratt D, Chen J, Welker D, Rivas R, Pillich R, Rynkov V, et al. NDEx, the Network Data Exchange. *Cell Syst*. 2015 Oct 28;1(4):302–5.
- Auer F, Hammoud Z, Ishkin A, Pratt D, Ideker T, Kramer F. ndexr-an R package to interface with the network data exchange. *Bioinformatics*. 2018 15;34(4):716–7.

**Schwierigkeitsgrad:** Master

Arbeit/Betreuung auf Deutsch oder Englisch möglich.

**Kontakt:** [zaynab.hammoud@informatik.uni-augsburg.de](mailto:zaynab.hammoud@informatik.uni-augsburg.de) und [florian.auer@informatik.uni-augsburg.de](mailto:florian.auer@informatik.uni-augsburg.de)