



Atelier 4

14 avril 2026

Les outils d'IA pour la recherche bibliographique

Amanda Cruguel, Marjorie Domergue, Olivier Martin et Marie-Laure Martin

Objectif de l'atelier

Présenter plusieurs outils gratuits d'intelligence artificielle dédiés à la recherche bibliographique, et les découvrir ensemble sur un thème de votre choix

- Un cours pour définir les concepts (40 minutes)
- Une session pratique avec restitution et évaluation des outils (1h20)

Sources :

<https://drane-versailles.region-academique-idf.fr/spip.php?article845>

[Les IA pour la synthèse des connaissances - Intelligences artificielles - Guides thématiques at Université de Sherbrooke](#)

[Workshop PPT \(Mar 2026\) - Emerging AI Tools for Literature Review - LibGuides at Hong Kong University of Science and Technology Library](#)

[Guide du bon usage des assistants à base d'intelligences artificielles génératives | La science ouverte à INRAE](#)

<https://scispace.com/help/en/articles/10706821-how-scispace-search-works>

Les Grands Modèles de Langage auto-régressifs

Enter text:

One, two, three,



3198 11 734 11 1115 11

Prediction

#	probs	next token ID	predicted next token
0	46.44%	1440	four
1	7.48%	290	and
2	7.31%	1936	five
3	2.66%	393	or
4	2.54%	2237	six

Les GPT (*Generative Pre-trained Transformer*) prédisent statistiquement le mot suivant en s'appuyant sur ceux qui les précèdent

Ils connaissent les relations statistiques entre les mots et répondent sur la probabilité d'apparition du mot suivant

-> pas suffisant pour faire de la recherche bibliographique où l'objectif est de chercher des informations dans un corpus de documents donné



RAG : Retrieval-augmented generation

UTILISATION D'UN RAG POUR LA RECHERCHE BIBLIOGRAPHIQUE

(Retrieval-Augmented Generation)

CONSTRUCTION & NUMÉRISATION DE LA SOURCE

1 COLLECTE DES SOURCES



Articles
scientifiques



Livres



Bases en ligne
(PubMed,
Google Scholar)



Thèses / Mémoires



2 INDEXATION & VECTORISATION



Extraction du texte
(PDF → Texte)



Découpage en segments
(chunks)



Encodage vectoriel
(Embeddings)

UTILISATION D'UN RAG POUR LA RECHERCHE BIBLIOGRAPHIQUE

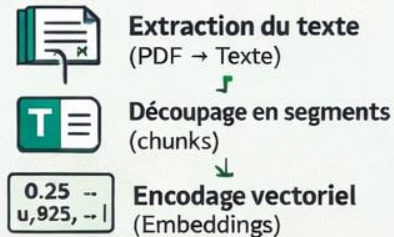
(Retrieval-Augmented Generation)

CONSTRUCTION & NUMÉRISATION DE LA SOURCE

1 COLLECTE DES SOURCES



2 INDEXATION & VECTORISATION



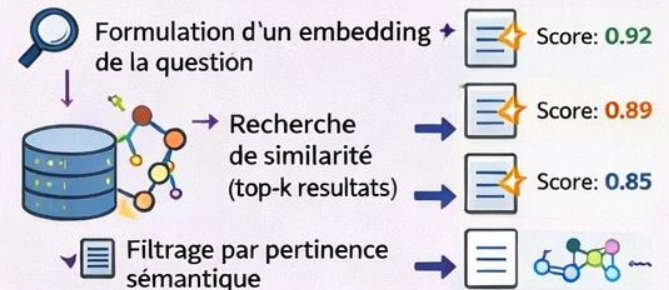
REQUETE

3 QUESTION DE L'UTILISATEUR



Trouve moi les publications qui font référence pour la normalisation des données bulk-RNAseq

4 RÉCUPÉRATION DES DOCUMENTS ÉVIDENTS



UTILISATION D'UN RAG POUR LA RECHERCHE BIBLIOGRAPHIQUE

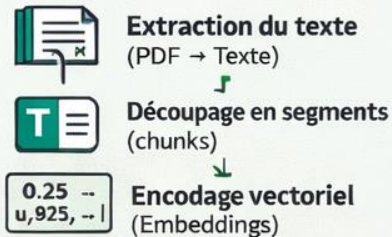
(Retrieval-Augmented Generation)

CONSTRUCTION & NUMÉRISATION DE LA SOURCE

1 COLLECTE DES SOURCES



2 INDEXATION & VECTORISATION



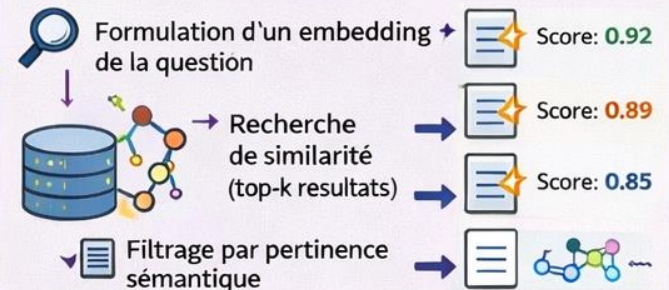
REQUETE

3 QUESTION DE L'UTILISATEUR



Trouve moi les publications qui font référence pour la normalisation des données bulk-RNAseq

4 RÉCUPÉRATION DES DOCUMENTS ÉVIDENTS



5 GÉNÉRATION DE LA RÉPONSE AUGMENTÉE

Trouve moi les publications qui font référence pour la normalisation des données bulk-RNAseq

CONTEXTE FOURNI

- Passage 1 | Score: 0.92
- Passage 2 | Score: 0.85
- Passage 3 | Score: 0.85

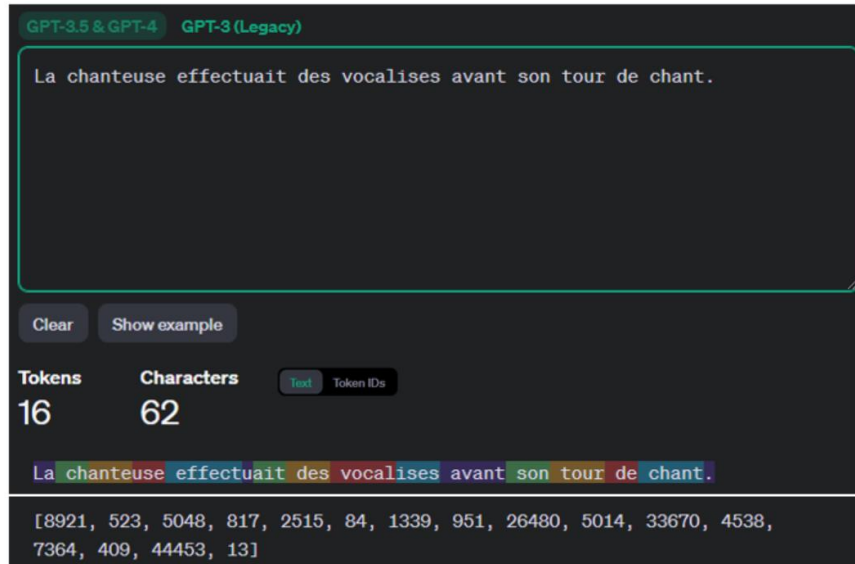


RÉPONSE GÉNÉRÉE

Robinson and Oshlack, 2010,
Dillies et al., 2012,
Singh V et al. 2024

La tokenisation

Token (jeton) := unité de base utilisée dans le traitement automatique du langage pour modéliser un texte



Cette phrase comportant 10 mots pour un total de 62 caractères. Elle est composée de 16 tokens, qui possèdent un "Id" unique.

La manière dont les mots sont divisés en tokens dépend de la langue. Pour un texte en anglais courant, un *token* correspond à environ 4 caractères (100 mots $\approx$ 130 tokens).

Un chunk est un groupe de tokens, regroupés pour former des blocs qui apportent du sens et une information claire

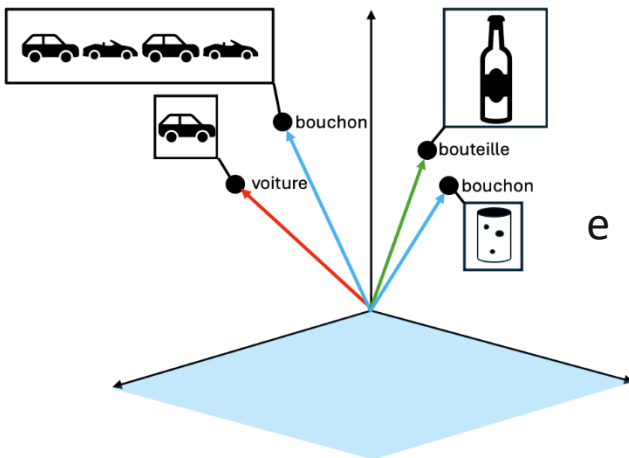
Sémantique vectorielle

Les vecteurs, ou embeddings, sont des représentations numériques de mots, d'entités, de documents, d'images ou de vidéos

Les vecteurs identifient les relations sémantiques entre les éléments, permettant un traitement efficace par les LLMs

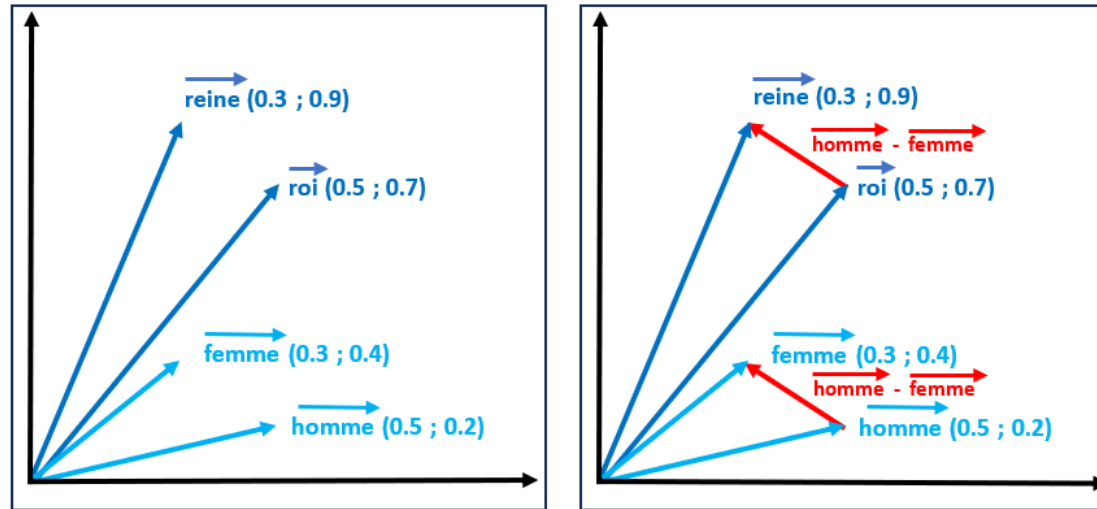
Ceci est différent d'une recherche par mots-clés :

- Une recherche par mots-clés utilise juste les mots
- Une recherche vectorielle sémantique essaie de comprendre le sens et l'intention derrière la requête



Dans cet exemple, le mot « bouchon » est représenté par deux vecteurs pour tenir compte des deux utilisations

Son fonctionnement



La **vectorisation** permet de **capturer des relations sémantiques** complexes dans l'espace vectoriel en utilisant des additions et des soustractions, sur les **vecteurs de mots**.

Par exemple, la réponse a « **roi + (homme - femme)** » est le mot **reine** car la **soustraction vectorielle homme - femme** permet d'extraire la **différence sémantique** entre ces deux mots à savoir le **genre**.

UTILISATION D'UN RAG POUR LA RECHERCHE BIBLIOGRAPHIQUE

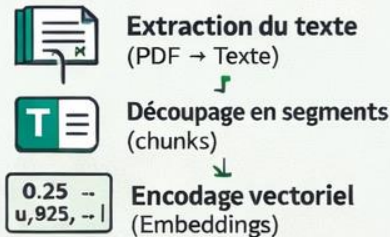
(Retrieval-Augmented Generation)

CONSTRUCTION & NUMÉRISATION DE LA SOURCE

1 COLLECTE DES SOURCES

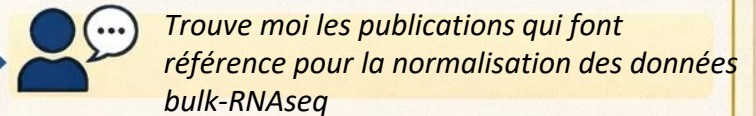


2 INDEXATION & VECTORISATION

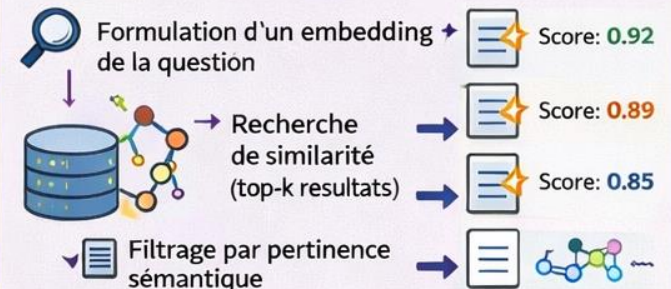


REQUETE

3 QUESTION DE L'UTILISATEUR



4 RÉCUPÉRATION DES DOCUMENTS ÉVIDENTS



5 GÉNÉRATION DE LA RÉPONSE AUGMENTÉE

Trouve moi les publications qui font référence pour la normalisation des données bulk-RNAseq

CONTEXTE FOURNI

Passage 1	Score: 0.92
Passage 2	Score: 0.85
Passage 3	Score: 0.85

REPONSE GENEREE

Robinson and Oshlack, 2010,
Dillies et al., 2012,
Singh V et al. 2024

EXEMPLE DE FLUX COMPLET





Les limites & bonnes pratiques

Forces et limites

Forces

- Permet d'interagir comme avec un.e bibliothécaire
- Synthèses rapides et retours structurés
- Différentes activités possibles : dégrossir une question large, préparer une revue

Limites

- Couverture non exhaustive
- Les résumés ont tendance à simplifier les propos
- Les réponses sont souvent basées sur seulement des abstracts
- Sources mal décrites
- Surreprésentation de certaines références récentes

Techniquement ne pas oublier que les performances d'un outil va dépendre

- du nombre de token
- de la manière dont sont fait les chunks (ensemble de tokens)
- de la mémoire du LLM

Précautions

- Bien formuler la question, de préférence en anglais
- Les IA bibliographiques sont une aide
- Leurs utilisations ne dispensent pas de poursuivre une recherche bibliographique avec des mots-clés et de vérifier les résultats
- S'il y a un enjeu important, demander plus de justifications, tenter de lui dire qu'il a tort, consulter les articles en entier...
- Panorama d'outils disponibles : <https://paperguide.ai/blog/ai-tools-for-scientific-research/>

Société	Produit	Modèle(s) utilisé(s) (LLM)	Description	Politique tarifaire	Sensibilité des données
Consensus Entreprise américaine	Consensus	LLM de ChatGPT	Synthèse des consensus scientifiques	Free, Premium, Teams, Enterprise	Public
Elicit Research, PBC Entreprise américaine	Elicit	Non précisé ¹²	Recherche avancée d'articles, synthèse automatique d'études. Moins efficace pour articles très récents	Basic (free), Plus, Pro, Team, Enterprise	Public
Perplexity AI, Inc. Entreprise américaine	Perplexity	Plusieurs modèles possibles comme Claude, GPT, Gemini, Grok, etc.	Moteur de recherche alimenté par l'IA qui combine la puissance de plusieurs modèles avec des recherches en temps réel pour fournir des réponses précises et sourcées Recherches autonomes approfondies, création de rapports, tableaux ou d'applications web Personnalisation pour projets spécifiques (« Spaces »)	Free, Pro, Enterprise Pro	Public
PubGenius Inc. Entreprise américaine	SciSpace AI	Non précisé	Recherche avancée et extraction d'informations clés	Basic (free), Premium, Advanced, Teams	Public
Scite, LLC Entreprise américaine, filiale du groupe Research Solutions	Scite	Io3-mini	Analyse des citations et impact des articles Moins performant pour la recherche documentaire globale	Personal (payant), Organization	Public
Elsevier Entreprise néerlandaise, filiale du groupe britannique RELX	Scopus AI	LLM de ChatGPT	Recherche approfondie dans une base de données scientifiques Uniquement en anglais	Payant	Public
Clarivate Entreprise britannique	Web of Science Research Assistant	Non précisé	Analyse avancée des citations et métriques d'impact	Payant	Public

12. Non précisé = lorsque les modèles utilisés ne sont pas communiqués par l'éditeur, il est difficile de vérifier le droit d'auteur sur les données d'entraînement ou encore la transparence du modèle.

	Société	Produit	Modèle(s) utilisé(s) (LLM)	Description	Politique tarifaire	Sensibilité des données	
	Consensus Entreprise américaine	Consensus	LLM de ChatGPT	Synthèse des consensus scientifiques	Free, Premium, Teams, Enterprise	Public	
	Elicit Research, PBC Entreprise américaine	Elicit	Non précisé ¹²	Recherche avancée d'articles, synthèse automatique d'études. Moins efficace pour articles très récents	Basic (free), Plus, Pro, Team, Enterprise	Public	
	Perplexity AI, Inc. Entreprise américaine	Perplexity	Plusieurs modèles possibles comme Claude, GPT, Gemini, Grok, etc.	Moteur de recherche alimenté par l'IA qui combine la puissance de plusieurs modèles avec des recherches en temps réel pour fournir des réponses précises et sourcées Recherches autonomes approfondies, création de rapports, tableaux ou d'applications web Personnalisation pour projets spécifiques (« Spaces »)	Free, Pro, Enterprise Pro	Public	
	PubGenius Inc. Entreprise américaine	SciSpace AI	Non précisé	Recherche avancée et extraction d'informations clés	Basic (free), Premium, Advanced, Teams	Public	
	Scite, LLC Entreprise américaine, filiale du groupe Research Solutions	Scite	lo3-mini	Analyse des citations et impact des articles Moins performant pour la recherche documentaire globale	Personal (payant), Organization	Public	
	Elsevier Entreprise néerlandaise, filiale du groupe britannique RELX	Scopus AI	LLM de ChatGPT	Recherche approfondie dans une base de données scientifiques Uniquement en anglais	Payant	Public	
	Clarivate Entreprise britannique	Web of Science Research Assistant	Non précisé	Analyse avancée des citations et métriques d'impact	Payant	Public	

12. Non précisé = lorsque les modèles utilisés ne sont pas communiqués par l'éditeur, il est difficile de vérifier le droit d'auteur sur les données d'entraînement ou encore la transparence du modèle.

Limites et risques à connaître

Biais de sélection et d'algorithme

- Les outils d'IA privilégient certains corpus (revues majeures, articles très cités, publications anglophones), ce qui peut exclure des études pertinentes (notamment littérature grise, travaux non anglophones, recherches provenant de régions sous-représentées).
- **Stratégie** : combiner plusieurs bases de données, inclure des recherches manuelles et des recherches ciblées de littérature grise.

Surreprésentation des études récentes ou « visibles »

- Certains outils valorisent les textes récents ou très cités, au détriment d'études historiques ou moins visibles mais fondamentales.
- **Stratégie** : utiliser la recherche par boule de neige dans Scopus, Pubmed et Research Rabbit, et vérifier la présence des études clés déjà connues.

Gestion difficile de la littérature grise

- Les IA généralistes repèrent mal les rapports gouvernementaux, documents d'ONG, rapports techniques, etc.
- **Stratégie** : planifier une stratégie dédiée pour la littérature grise (bases spécialisées, sites d'organismes, dépôts institutionnels).

Confusion des méthodologies et résumés approximatifs

- Les modèles peuvent mal distinguer études qualitatives/quantitatives/mixte, ou simplifier à outrance les méthodes et limites des études.
- **Stratégie** : utiliser l'IA seulement pour la *pré-synthèse*, mais vérifier systématiquement méthodes et résultats dans le texte intégral.

Hallucinations et citations inventées

- Les modèles génératifs peuvent inventer des références ou déformer les résultats ; ce phénomène est bien documenté.
- **Stratégie** :
 - vérifier chaque référence dans les bases (Sofia, Scopus, Pubmed, etc.) ;
 - ne jamais accepter des « références IA » sans validation.

Emerging AI Tools for Literature Review: Workshop PPT (Mar 2026)

This guide consolidates the teaching materials for library workshop Emerging AI Tools for Literature Review.

Search this Guide

Search

Overview

Comparison of GenAI Tools

Comparison of LLMs

Limitations of GenAI

Citing GenAI

Prompting Tips

Workshop PPT (Mar 2026)

Other Presentations

The Evolution of "Searching"

Internet & Search Engines (1990s+)

Search engines

Google yahoo! • Keyword search
• List of webpages

Academic Search Tools (2000s)

Google Scholar • Keyword search
• Scholarly content

Scholarly databases

Web of Science • Keyword search
• Peer-reviewed literature
• Citation chaining
Scopus

Open databases

SEMANTIC SCHOLAR • Keyword search
• More types of research content (beyond articles)
OpenAlex
LENS.ORG

GenAI Tools (2020s)

General AI chatbots

ChatGPT • Semantic search (natural language, search by meaning)
• Direct answer
Claude
Gemini Poe

AI search engines

perplexity • Semantic search
• Direct answer (with sources)
• Real time web search
Copilot

GenAI Research Tools

RAG-based research tools

scite_ • Semantic search
• Direct answer with citations
Elicit
Consensus
SCISPACE
Web of Science RA
Scopus AI
Primo Research Assistant

Deep Research (2024+)

General AI chatbots

ChatGPT • Deep search +/- Reasoning mode
• "Agentic" workflows
• Long report with citations/sources
deepseek
Grok
perplexity
Gemini

Academic deep research tools

Undermind • Iterative search
• "Agentic" workflows
• Long report with citations/sources
Asta
Elicit
Consensus
SCISPACE

Agentic Workflows (2025+)

Truly autonomous AI agents

Claude <Computer Use>
ChatGPT <Operator>
manus OPENCLAW
perplexity computer
Notion AI Agent

"Vibe coding" tools

CURSOR Claude Code/Cowork
Windsurf OpenAI Codex

General LLM + MCP for research

• Search library subscribed content directly on LLM via MCP
ChatGPT + Wiley MCP
Claude + PubMed MCP
scite_ MCP
Consensus MCP

Ask a Librarian



Aster Zhao

Email Me

Contact:
2358-6767

Social:
in

Subjects:
Engineering, Environment, Research
& Data Support



Caractéristiques d'IA bibliographiques

Jeux de données de recherche

Vous pouvez rechercher dans deux ensembles de données dans Consensus :

- **Tous** : Notre base de données complète de **220+ millions d'articles évalués par des pairs**.
- **Medical Mode** : Un sous-ensemble sélectionné de **~8 millions d'articles** et **50 000 guides cliniques** issus des **1 000 principales revues médicales**, axé exclusivement sur la recherche clinique et biomédicale de haute qualité.

Choisissez votre jeu de données préféré à l'aide du menu déroulant des sources dans la barre de recherche avant de lancer votre requête.

Partenariats avec les éditeurs

Consensus a des partenariats avec les éditeurs suivants :

- **Wiley**
- **Taylor & Francis (T&F)**
- [Sage](#)
- [ACS \(Société Américaine de Chimie\)](#)
- **APA (Association américaine de psychologie)**

Grâce à ces partenariats, Consensus peut accéder au texte intégral des articles participants pour une analyse alimentée par l'IA au sein de la plateforme.

Veuillez noter : bien que notre système puisse utiliser le contenu intégral pour générer des résumés, tableaux et analyses, les articles eux-mêmes peuvent rester derrière le paywall de l'éditeur. L'accès pour consulter ou télécharger l'article complet dépend de l'abonnement institutionnel ou personnel de l'utilisateur.

Partenaires d'édition de Semantic Scholar

Semantic Scholar s'approvisionne dans plus de 50 partenariats directs avec des éditeurs, des fournisseurs de données et des agrégateurs. Cela couvre plus de 500 revues académiques, presses universitaires et sociétés savantes à travers le monde. [Lisez-en plus ici.](#)

OpenAlex

OpenAlex est une base de données open source qui indexe des recherches du monde entier en reliant articles, auteurs, institutions, revues, sujets et bien plus encore. Il collecte des données académiques issues de sources en libre accès, facilitant la découverte et l'analyse de la recherche à grande échelle. Consensus utilise OpenAlex comme l'une de ses sources de données pour garantir une couverture large et fiable de la littérature évaluée par des pairs.

PubMed dans son intégralité

Grâce à Semantic Scholar et à des partenaires d'édition associés, Consensus donne accès à l'intégralité du [corpus PubMed](#) dans notre base de données.

PubMed contient plus de 37 millions de dossiers biomédicaux et des sciences de la vie, et ceux-ci sont consultables dans Consensus.

Comment Consensus gère-t-il les articles rétractés ?

Tout papier rétracté est clairement marqué par un badge «  **RÉTRACTÉ** » afin qu'il soit facile à identifier.

Tout aussi important, **les articles rétractés ne sont jamais utilisés dans nos analyses ou résumés**, ils n'influencent donc pas les réponses fournies par Consensus.

Introduction

SciSpace utilise une **combinaison de méthodes de recherche sémantique et textuelles** pour fournir des articles de recherche très pertinents. Notre classement privilégie la pertinence au détriment du nombre de citations, garantissant ainsi des résultats impartiaux.

Comment fonctionne notre recherche

- **Recherche sémantique** : compréhension contextuelle pilotée par l'IA.
 - **Recherche basée sur le texte** : Concentrez-vous sur **les titres et résumés** pour une correspondance précise.
 - **Pertinence par rapport au classement basé sur les citations** : Garantit l'impartialité des résultats pour les résultats initiaux.
-

Sources de données

Nous faisons des recherches sur :

- **OpenAlex**
- **Érudit sémantique**
- **Google Scholar**
- **et autres dépôts de confiance**

Nous avons sélectionné un corpus de plus de 200 millions d'articles provenant de diverses sources. Notre base de données est continuellement mise à jour pour inclure les dernières recherches.

Disponible sur tous les forfaits, les recherches Find Papers sont illimitées sur tous les forfaits d'Elicit. Nous recommandons de commencer par ici afin de vous familiariser avec le fonctionnement d'Elicit ainsi que de découvrir les tableaux, colonnes, filtres, discussions et autres fonctionnalités d'Elicit.

La boîte de recherche Trouver des articles vous permet de poser une question de recherche pour chercher des articles et des articles de revues liés à cette question. Avec le moteur de recherche sémantique d'Elicit, vous pouvez poser une question en langage naturel, et Elicit trouvera des documents pertinents, sans que vous ayez à penser à tous les mots-clés possibles à rechercher. Entrez simplement votre question de recherche et commencez à trouver les articles les plus pertinents.

Recherche d'articles sur notre corpus de plus de 138 millions d'articles provenant de [Semantic Scholar](#) et d'autres sources, en accès libre et fermé.

Elicit vous renverra un résumé des 8 articles les plus pertinents trouvés sur votre sujet ainsi qu'un tableau contenant les articles.



Atelier 4 : partie pratique

14 avril 2026

Recherche bibliographique: Prise en main de 3 outils gratuits

Amanda Cruguel, Marjorie Domergue, Olivier Martin et Marie-Laure Martin

Objectif de cette partie “pratique”

Apprendre en faisant...

Une session d'exercices avec restitution et évaluation des outils (1h20)

Partie 0 : Généralités

Partie 1 : Utilisation de **Elicit**

Partie 2 : Utilisation de **Consensus**

Partie 3 : Utilisation de **SciSpace.ai**

Pour conclure que :

- **Elicit** permet de survoler un thème large
- **Consensus** permet d'extraire un consensus sur une question
- **SciSpace.ai** donne des explications sur une partie ou l'entièreté d'un article ou d'un ensemble d'articles

Vos premières impressions

Nous vous proposons un questionnaire d'évaluation des 3 outils testés, à remplir après la découverte de chacun d'eux.

=> Lien vers le questionnaire <https://form.jotform.com/260961301704349>

A garder ouvert pendant toute la durée du TP (pas de retour possible après validation finale)



Partie 0: généralités

Les 3 outils :

- permettent une interaction en langage naturel
- font beaucoup plus qu'une recherche par mots clefs, ils tiennent compte du contexte (sémantique)
- ont une version gratuite assez performante
- travaillent avec un corpus de millions d'articles, servant de front end à **Semantic Scholar** (qui donne rapidement des résumés en passant par une recherche par mots clefs)
- fournissent de vrais sources alors que les outils comme ChatGPT inventent des références

Vous pouvez utiliser la langue de votre choix mais rappelez-vous que presque toutes les publications sont en anglais donc si la requête est dans une autre langue, l'outil passera par une étape de traduction interne.



Partie 1: Elicit

<http://elicit.com>

- Exige la création d'un compte
- Recommandé pour l'exploration de questions générales et pour survoler une discipline qui n'est pas votre spécialité
- Produit des résumés, permet un retour structuré de données sur multiples articles et une comparaison associée

-> Vous allez tester Elicit en utilisant une question où vous êtes expert.

Mode 1: "Research agent"

Mode 2: "Report"

Pour en savoir plus sur l'ensemble des multiples modes, rdv ici:

<https://support.elicit.com/en/categories/123777-getting-started>

Mode 1: “Research agent”

Accéder à son compte (<http://elicit.com>)

Choisir dans les menus sous la boîte de dialogue “Research agent” et “General”

The screenshot displays the Elicit web application interface. On the left is a sidebar with navigation options: WORKFLOWS (Research agent, Report, Systematic review), TOOLS (Find papers, Chat with papers, Extract data), and RECENTS (Plant Microbiome and Drought Tol..., Normalisation des Données Bulk R...). The top header includes the Elicit logo, navigation links (Recents, Library, Alerts), an Upgrade button, a Help dropdown, and a user profile for Marie-Laure Martin. The main content area features a dialog box titled 'Meilleures méthodes de normalisation pour donnés'. This dialog has a red border around its menu bar, which contains 'Research agent' and 'General' dropdowns, a clock icon, a plus icon, and a right arrow button. Below the dialog, there are three cards: 'Jump back in' (Plant Microbiome and Drought Tolerance, Mar 31), 'Suggested based on your work' (Meilleures méthodes de normalisation pour données bulk RNAseq), and another 'Research agent' card (Comparaison des algorithmes de normalisation bulk RNAseq 2020-2026).

Mode 1: “Research agent”

- > Rend un texte répondant à la question et un ensemble de références, chacune avec son résumé IA
- > possibilité de raffiner par itération

Chronométrer le temps que mettra Elicit pour répondre à votre question.

Exemple de question d'expert: (on pourra aussi essayer en *français*)

“In Arabidopsis, what are the cellular processes occurring during the initiation of lateral roots?”

Exploration de ce premier mode:

- > L'onglet “Share” (en haut à droite)
- > L'onglet “Bibliothèque” (en haut à gauche; revenir en choisissant le thème courant)
- > Regarder le préambule de la réponse : “Ran analysis”
- > Lire la réponse elle-même structurée en paragraphes thématiques et citant des articles.

Trouvez-vous qu'il y ait des pans thématiques manquants dans ces réponses ?

Les paragraphes suivent-ils une logique ou est-ce que les articles trouvés conduisent chacun

à un paragraphe indépendant ?

- > Evaluer l'intérêt des “Follow-ups”
- > Cliquez sur une des citations -> “pop-up”

Le texte mis en avant est l'extrait qui a servi à inscrire les phrases citant cet article.

En cliquant sur cet extrait on voit son contexte (par ex l'ensemble de l'abstract).

On voit si l'IA a utilisé seulement l'abstract vs l'article entier et on a le lien vers l'article (DOI).

Fermer cette citation.

The screenshot shows a research article titled "Plant Microbiome and Drought Tolerance". The page includes a header with a search icon, the title, and a "Share" button. The main text discusses the role of arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) in drought tolerance, mentioning aquaporins and rhizosphere microbial communities. A section titled "Follow-ups" is visible at the bottom. Annotations with arrows point to various elements: "Bibliothèques personnelles" points to the top left; "Bibliothèque courante" points to the top left; "Citation cliquable" points to a citation in the text; "Partager avec autrui le contenu via un lien http" points to the "Share" button; "Récupérer par téléchargement le contenu en format simple texte" points to a download icon; "Récupérer le contenu en format simple texte via couper-coller" points to a copy icon; and "Les suggestions de l'IA pour continuer : sont-elles pertinentes ?" points to the "Follow-ups" section.

Bibliothèques personnelles

Bibliothèque courante

Citation cliquable

Partager avec autrui le contenu via un lien http

Récupérer par téléchargement le contenu en format simple texte

Récupérer le contenu en format simple texte via couper-coller

Les suggestions de l'IA pour continuer : sont-elles pertinentes ?

Maintenant cliquez sur l'onglet "View Sources"

Pour un accès rapide, placez vos marque-pages ici, sur la barre personnelle. [Gérer vos marque-pages...](#)

Autres marque-pages

Lateral Root Initiation in Arabidopsis

In Arabidopsis, what are the cellular processes occurring during the initiation of lateral roots?

I'll search for research on cellular processes during lateral root initiation in Arabidopsis.

Ran analysis ▾
4 searches

- Arabidopsis lateral root initiation cellular processes
- lateral root primordia formation cell division auxin Arabidopsis
- pericycle founder cell specification lateral root Arabidopsis
- Arabidopsis lateral root emergence cell wall remodeling signaling

Sources considered: Lateral Root Initiation in Arabidopsis >
Papers on cellular processes during lateral root initiation

Lateral root initiation in Arabidopsis is a well-studied developmental process involving several tightly coordinated cellular events, all centered on xylem pole pericycle cells. Here's how the process unfolds based on the literature I found.

Pericycle cell priming and founder cell specification. The process begins well before any visible division. A periodic gene expression program called the "root clock" operates in the oscillation zone near the root tip, creating pre-branch sites where pericycle cells receive a priming auxin signal. [Torres-Martinez 2024](#) Local auxin accumulation then acts as the instructive signal that specifies a small number of xylem pole pericycle cells into lateral root founder cells — Dubrovsky et al. (2008, *PNAS*) demonstrated that local auxin production in single pericycle cells is both necessary and sufficient for founder cell identity. [Dubrovsky et al. 2008](#) The transcription factor GATA23, regulated by an Aux/IAA28-dependent auxin signaling module, was identified by De Rybel et al. (2010, *Current Biology*) as a key molecular controller of this specification step. [Rybel et al. 2010](#) Clonal analyses suggest that founder cell recruitment is gradual, often beginning with just one or two cells that are then joined by neighbors.

Cell cycle reactivation and asymm [Jump to latest](#) The first visible cellular event is simultaneous nuclear migration in neighbouring founder cells, followed by coordinated cell

Ask about anything you see, update your analysis, or explore a new direction

+

Sources (14)

Search... Sort: Most relevant Filters Download Save to library ▾

Sources (14)	Summary
☐ Two auxins are better than one: BiAux joins forces with auxin to enhance lateral root formation H. H. Torres-Martinez Plant Physiology · 2024 DOI	The iterative formation of lateral roots (LRs) during plant life span allows the exploration of new sources of nutrients and water. Auxin plays a key role in all major stages of lateral root formation. Auxin signal is required for priming pericycle cells into LR founder cells (FC), LR primordium initiation, morphogenesis and emergence. In Arabidopsis thaliana, LR are set along the primary root by a mechanism known as "root clock," where a periodic gene expression in phase of antiphasis with an auxin signal peak oscillates in a...
☐ Auxin acts as a local morphogenetic trigger to specify lateral root founder cells J. G. Dubrovsky, M. Sauer, and 6 more Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America · 2008 · 601 citations DOI	Plants exhibit an exceptional adaptability to different environmental conditions. To a large extent, this adaptability depends on their ability to initiate and form new organs throughout their entire postembryonic life. Plant shoot and root systems unceasingly branch and form axillary shoots or lateral roots, respectively. The first event in the formation of a new organ is specification of founder cells. Several plant hormones, prominent among them auxin, have been implicated in the acquisition of founder cell identity by differentiated cells, but...
☐ A Novel Aux/IAA28 Signaling Cascade Activates GATA23-Dependent Specification of Lateral Root Founder Cell Identity B. Rybel, V. Vassileva, and 20 more Current Biology · 2010 · 468 citations DOI	BACKGROUND Lateral roots are formed at regular intervals along the main root by recurrent specification of founder cells. To date, the mechanism by which branching of the root system is controlled and founder cells become specified remains unknown. RESULTS Our study reports the identification of the auxin regulatory components and their target gene, GATA23, which control lateral root founder cell specification. Initially, a meta-analysis of lateral root-related transcriptomic data identified the GATA23 transcription...
☐ Lateral Root Initiation and the Analysis of Gene Function Using Genome Editing with CRISPR in Arabidopsis N. Vangheluwe and T. Beeckman Genes · 2021 · 16 citations DOI	Lateral root initiation is a post-embryonic process that requires the specification of a subset of pericycle cells adjacent to the xylem pole in the primary root into lateral root founder cells. The first visible event of lateral root initiation in Arabidopsis is the simultaneous migration of nuclei in neighbouring founder cells. Coinciding cell cycle activation is essential for founder cells in the pericycle to undergo formative divisions, resulting in the development of a lateral root primordium (LRP). The plant signalling...
☐ Transcript profiling of early lateral root initiation. Kristiina Himanen, M. Vuylsteke, and 8 more Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America · 2004 · 214 citations DOI	At the onset of lateral root initiation in Arabidopsis thaliana, the phytohormone auxin activates xylem pole pericycle cells for asymmetric cell division. However, the molecular events leading from auxin to lateral root initiation are poorly understood, in part because the few responsive cells in the process are embedded in the root and are thus difficult to access. A lateral root induction system, in which most xylem pole pericycle cells were synchronously activated by auxin transport inhibition followed by auxin application, was...
☐ Cell Cycle Progression in the Pericycle Is Not Sufficient for SOLITARY ROOT/IAA14-Mediated Lateral Root Initiation in Arabidopsis thaliana Steffen Vanneste, B. De Rybel, and 11 more The Plant Cell Online · 2005 · 224 citations	To study the mechanisms behind auxin-induced cell division, lateral root initiation was used as a model system. By means of microarray analysis, genome-wide transcriptional changes were monitored during the early steps of lateral root initiation. Inclusion of the dominant auxin signaling mutant solitary root1 (slr1) identified genes involved in lateral

Après avoir cliqué sur l'onglet "View Sources"

-> Pour chaque article Elicit propose un "Summary". Pour voir l'ensemble d'un Summary, il faut cliquer sur le texte.

-> Utilisez le bouton "Sort"

-> Utilisez le bouton "Filters"

Possibilité de sauvegarder un article d'intérêt dans une de vos bibliothèques extérieures

-> Cliquez sur le DOI d'une des citations

-> Accès à l'article et donc possibilité d'intégrer dans Zotero etc

-> Cliquer sur le bouton "Hide sources" (ou utiliser "Echappement") pour revenir à la première interface

N.B.: En ce mode "Research agent", on peut faire du "Follow-up" pour raffiner la recherche. Mais dans la version gratuite on atteint rapidement le plafond de son quota journalier.

Mode 2: “Report”



RecentsLibraryAlerts

WORKFLOWS

Research agent

Report

Systematic review

TOOLS

Find papers

Chat with papers

Extract data

RECENTS

Lateral Root Initiation in Arabidop...

Plant Microbiome and Drought Tol...

Normalisation des Données Bulk R...

Comparaison des algorithmes de normalisation bulk RNAseq 2020-2026

Try a couple of free examples to see what this is all about

GLP-1R mechanismsMagnesium effects on sleepOnline vs. in-person CBT

Report

Source Research papers

→

Jump back in

Research agent

Lateral Root Initiation in Arabidopsis

3m ago

Suggested based on your work

Research agent

Meilleures méthodes de normalisation pour données bulk RNAseq

Research agent

Comparaison des algorithmes de normalisation bulk RNAseq 2020-2026

Mode 2: “Report”

- > un abstract résumant les connaissances dans le thème
- > un tableau donnant les caractéristiques de chaque étude (une ligne par article utilisé)
- > un long rapport détaillant les différents résultats pertinents pour la question scientifique
- > possibilité de demander au chatbot des explications, comparaisons etc

Lancer votre demande.

Exemple : “What are the main transcription factors driving Arabidopsis root regeneration after one cuts off the root tip?”

Je n’ai pas inclu le terme technique “excision” pour voir s’il se débrouillerait.

Notez qu’il propose que vous raffinez votre question !

La réponse d'Elicit peut prendre plusieurs minutes. Il envoie aussi un email quand il a terminé.

- > Elicit spécifie le nombre d’articles trouvés comme potentiellement pertinents.
- > Il les passe au crible suivant divers critères (la version PRO “Systematic Reviews” permet de voir plus)
- > Il extrait des données et fait un rapport
- > Il donne le contexte des citations incluses
- > Il met dans son rapport un tableau qui donne les caractéristiques “techniques” de chaque article
- > On peut sauvegarder le rapport en pdf ou Word

En posant des question au chatbot dans la zone dialogue, on pourra:

- Résumer des points marquants
“For all these papers, indicate their key findings”
- Faire une recherche guidée par des hypothèses
“Is there any evidence that cytokinin plays a role in regeneration?”
- Faire une comparaison entre études différentes
“What are the convergent and divergent conclusions in these two references?”

N.B.: Elicit limite le temps d’utilisation par jour et on atteint facilement cette limite...

La question traitée → Transcription Factors in Arabidopsis Root Regeneration

Résumé du résumé → The main transcription factors driving Arabidopsis root tip regeneration after one cuts off the root tip?

Résumé du rapport → **ABSTRACT**
Multiple transcription factor families drive Arabidopsis root tip regeneration following excision, with the AP2/ERF, WOX, PLT, and GRAS families playing central roles. ERF115 emerged as absolutely essential, with roots lacking its activity completely failing to activate local auxin sources required for regeneration * . ERF115 functions as a master regulator, directly activating genes controlling cell division (PSK5), cellular reprogramming (WIND1), and auxin sensitivity (MP/ARF5) * , while cooperating with GRAS-domain proteins (SCL5, SCL21, PAT1) that redundantly activate DOF3.4 to drive regenerative cell divisions * . The scl5 scl21 pat1 triple mutant showed only 2% regeneration compared to 55% in controls * . PLT2 (PLETHORA2) established regenerative competence through gradient expression that imposed spatial boundaries on regeneration potential * , with forced expression conferring regenerative capacity to normally non-regenerative cells * but excessive levels abolishing regeneration * . WOX family transcription factors showed stage-specific roles, with WOX5 essential for stem cell niche formation * and WOX11/12 activating WOX5/7 during de novo root organogenesis from explants * . NAC1 controlled root tip emergence independently of auxin pathways by regulating cell wall modification through CEP genes * .

Citation cliquable → [Citation text in the abstract]

Suite du rapport → [Continuation of the abstract text]

Détails, par ex filtres utilisés par Elicit → [Details button in the top right]

Partager avec autrui le contenu via un lien http → [Share button in the top right]

Les étapes suivies par Elicit → [Report status section: Gather sources, Screen sources, Extract data, Generate report]

Sauve-garder ces sorties en Word ou PDF → [Generate PDF button]

Zone de dialogue → [Chat area at the bottom right]

Echangez avec lui dans la zone de dialogue (on peut sauvegarder chaque dialogue en format texte, cf. le bouton copier-coller)

Exemple 1: "What is the difference between root tip cutting and root tip excision?"

Exemple 2: "Can you provide me with a summary of the paper by Efroni et al 2016?"

-> il rend un résumé très structuré

Exemple 3: "For each paper, provide their key findings."

Exemple 4: "Are there disagreements among these papers regarding the role of some transcription factors?"

Exemple 5: "I would like a synthesis in the form of a model. Can you provide a list of the transcription factors and their targets in a graphical form?"

-> ce n'est pas graphique mais les infos sont là.

Les méthodes utilisées par Elicit pour sélectionner les articles

Tableau résumant les caractéristiques des études de chaque article

Rapport dans tous ses détails organisé par thème. Et en fin de document, ses références

Fermer/ouvrir la page "Citation details"

La page affichée

La partie de l'article responsable de sa citation

Parties techniques décrivant certaines méthodes données dans l'article

Cliquez sur une des citations (de l'abstract ou de la partie principale du rapport)

-> un panel s'ouvre à droite avec des points clefs de l'article cité

-> explorer les pages successives donnant des informations techniques sur l'article

-> cliquez sur le titre de l'article pour le récupérer (la nouvelle page propose d'aller aussi sur le DOI)
(cela peut être lent)

Fermer la page "Citation details" pour examiner le reste du rapport

-> consulter le tableau (coulissant)

-> explorer les différentes sections du rapport : la logique vous semble-t-elle bonne ? Manque-t-il des points importants ?

Vos premières impressions

Nous vous proposons un questionnaire d'évaluation des 3 outils testés, à remplir après la découverte de chacun d'eux.

=> Lien vers le questionnaire <https://form.jotform.com/260961301704349>

A garder ouvert pendant toute la durée du TP (pas de retour possible après validation finale)



Partie 2: Consensus

<http://consensus.app>

- Pas besoin de créer un compte (mais utile pour mémorisation et accéder à certaines fonctions)
- Affiche le/les consensus sur votre question ou des questions qu'il conçoit
- Produit des résumés d'une phrase pour les différents articles pertinents
- Visualisation graphique de la chronologie des articles principaux
- Liste des auteurs principaux pour le thème
- Permet d'interroger le texte intégral s'il est accessible

Vous allez tester Consensus en utilisant une question où vous êtes expert.

Mode 1: “[Pro/Consensus meter](#)” : on pose une question avec réponse oui-non et on obtient le consensus de la communauté scientifique

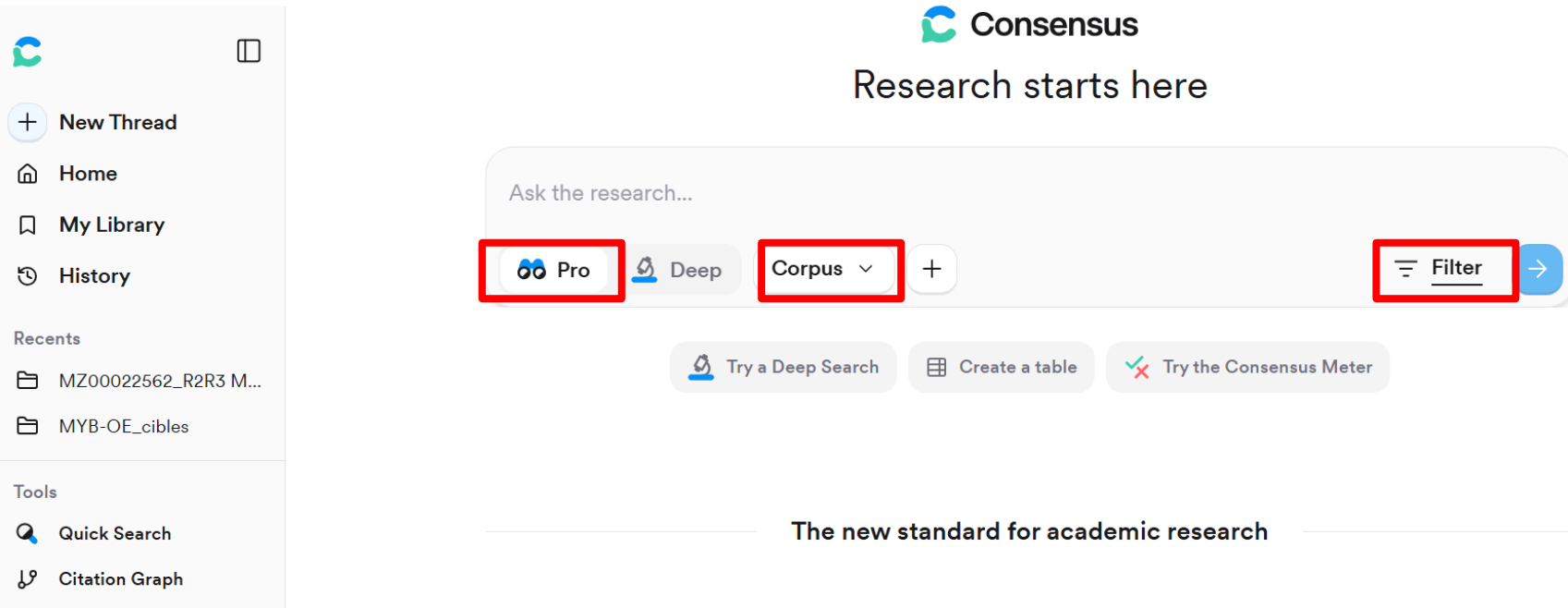
Mode 2: “[Deep](#)” : on veut un rapport poussé sur un thème

Pour en savoir plus sur l'utilisation de Consensus:

https://www.hesge.ch/heds/sites/heds/files/2025-07/Consensus_guide_utilisation.pdf

Mode 1: “Pro/Consensus meter”

-> Calcule en priorité le consensus parmi les articles scientifiques pour votre question “fermée” (attendant une réponse oui ou non)



Ajout de filtres: imposer les contraintes

“Journal Rank”=Q1,

“Field of study” = Biology

“Exclude Preprints”

Pour une recherche “Pro”, on a moins de fonctions dans la version gratuite que la version payante

Mode 1: “Pro/Consensus meter”

-> Calcule en priorité le consensus parmi les articles scientifiques pour votre question “fermée” (attendant une réponse oui ou non)

Chronométrer le temps que mettra Consensus pour répondre à votre question

Exemples de questions (fermées sinon Consensus ne produira pas son Consensus meter) :

“What ratio of water, air and soil leads to fastest growth of a plant?”

-> Consensus n’y arrive pas : (Il faut que Consensus trouve suffisamment d’articles...

“Can music affect plant growth?”

- Il rend un “Consensus meter” sur cette question sous forme graphique avec découpages associés.
- Il rédige aussi un rapport.
- En fin de rapport il propose de faire une revue de la littérature.

Can music affect plant growth? 1 v

References / Can music affect plant growth? v

Results 9,1M

- Advances in Effects of Sound Waves on Plants
2014 · 134 citations · R. Hassanien et al.
Journal of Integrative Agriculture · PDF
- Symphonies of Growth: Unveiling the Impact of Sound Waves on Plant Physiology and Productivity
2024 · 10 citations · Mario Pagano et al.
Biology · PDF
- Sonication and ultrasound: impact on plant growth and development
2014 · 90 citations · J. A. Teixeira da Silva et al.
Plant Cell, Tissue and Organ Culture (PCTOC) · PDF
- Potential effects of audible sound signals including music on plants: A new trigger
2023 · 1 citation · Mousumi Das
Environment Conservation Journal · PDF
- Impact of different musical notes and vibrations on plant development
2019 · 4 citations · Priya Singh et al.
Plant Science today · PDF
- Response of Music Towards Ornamental Plants – A Review
2022 · 3 citations · Tejal Patel et al.
INTERNATIONAL JOURNAL OF PLANT AND ENVIRONMENT · PDF
- Effect of Audio Control Technology on Lettuce Growth
2023 · 3 citations · Su Wang et al.
Sustainability · PDF
- Effect of types of sound (music and noise) and varying frequency on growth of guar or cluster bean (cyamopsis tetragonoloba) seed germination and...
2014 · 16 citations · Devendra Vanol et al.
- Effect Of Music On Growth & Physiology Of Selected Plants

Can music affect plant growth?

Search effects of music or sound waves on plant growth and development 6.9M

Search impact of different music genres or frequencies on plant physiology and growth rate 2.2M

While music and sound can influence plant growth, effects depend strongly on sound type, frequency, species, and intensity.

Consensus Meter N = 16

Yes 88% Possibly 13% Mixed 0% No 0%

FIGURE 1 Research consensus on whether music influences plants

Plants do not “hear” like animals, but multiple experiments show they can respond to sound vibrations, including music, with measurable changes in growth, physiology, and chemistry. Results are not uniform: gentle, rhythmic music often helps, harsh or very loud sounds can harm, and responses vary by plant species and conditions.

Overall Effects on Growth and Yield

- Reviews and field studies report that audible sound and music can increase germination, height, leaf area, biomass, and crop yield in many species when parameters are optimized 1 2 3 4.
- Classical or “soft, melodic” music often leads to faster growth, more leaves, and healthier appearance compared with silence or noise 5 6 7 8 9 10.
- In some experiments, yields of vegetables, grains, and cotton increased by 5–37% under specific sound treatments or music-based “audio control” technologies 1 7 2 11.

Ask a follow up...

Pro Deep Corpus + Filter

Question courante (abrégée)

Réponse courte

Consensus meter

Citations colorées suivant le Consensus meter

Suite du rapport

Cliquez sur l'onglet “All details” dans la section “Consensus meter” (Il faut avoir créé un compte).

Aller en fin de rapport: il propose de faire une revue de la littérature pour votre question.

Faire disparaître les articles

Faire réapparaître les articles

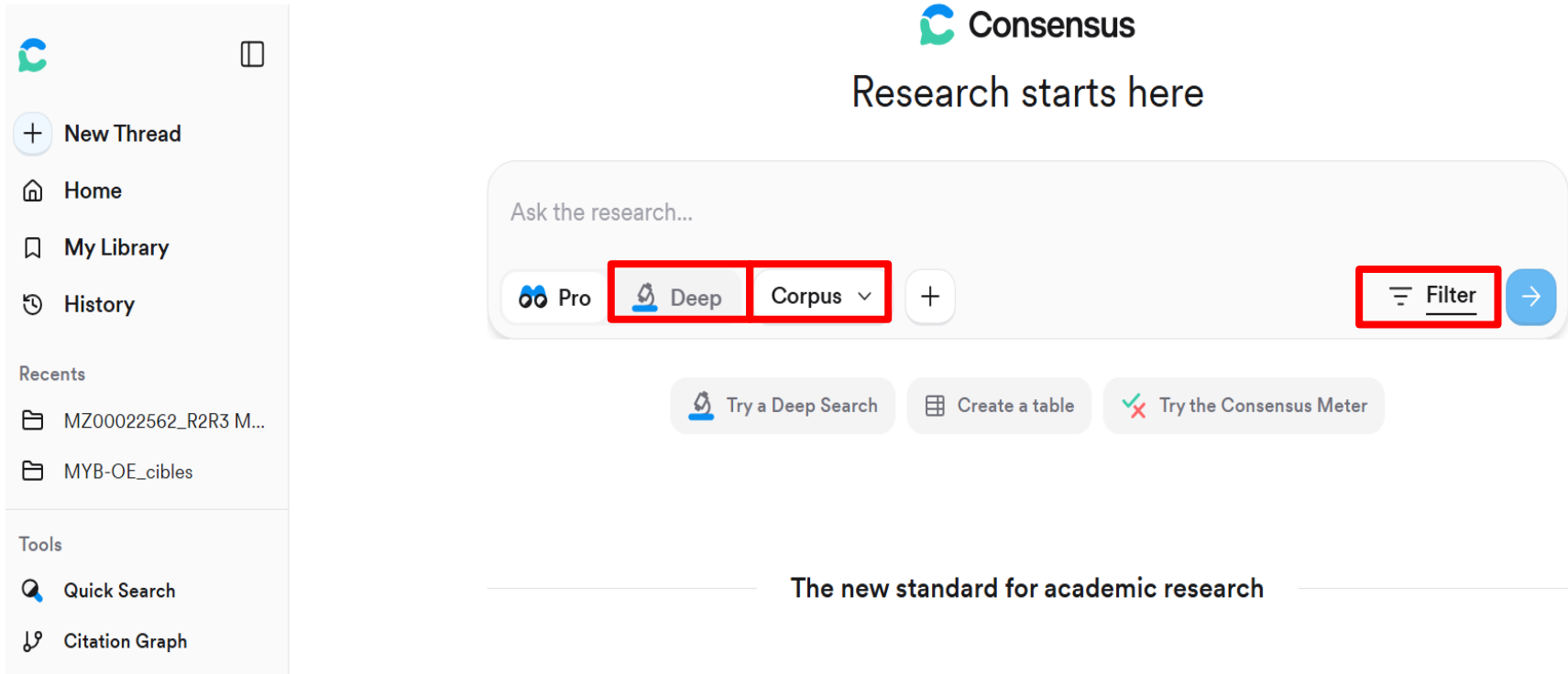
Articles associés

Lien vers cet article

Results	Recency	Methods	Journals	Citations
Yes 88% 14 papers — Most ‘yes’ papers are experimental or review studies across diverse plant species, often in peer-reviewed journals, showing consistent positive effects of music on plant growth and physiology.	2021 avg.	0 tier one studies	Q2.6 avg.	44 total
Possibly 13% 2 papers — ‘Possibly’ papers are recent reviews or hypothesis-driven articles with limited direct experimental evidence and highlight methodological uncertainties or gaps in mechanistic understanding.	2024 avg.	0 tier one studies	—	2 total
Mixed 0%	—	—	—	—
No 0%	—	—	—	—

Mode 2: “Deep”

- > Rend un rapport détaillé pour répondre à votre [question qui peut être très large](#)
- > Donne un ensemble de références (chacun avec son “KEY TAKEAWAY” généré par IA)
- > Pour chaque article on peut approfondir notre compréhension de son contenu via un dialogue avec un chatbot



[Ajout de filtres](#): imposer les contraintes
“Field of study” = Biology

ATTENTION : ce sont de nouveaux filtres

Mode 2: “Deep”

- > Rend un rapport détaillé pour répondre à votre [question qui peut être très large](#)
- > Donne un ensemble de références (chacun avec son “KEY TAKEAWAY” généré par IA)
- > Pour chaque article on peut approfondir notre compréhension de son contenu via un dialogue avec un chatbot

Chronométrer le temps que mettra Consensus pour répondre à votre question.

Une requête peut prendre plusieurs minutes pour fournir une réponse

Exemple de question d’expert : (on pourra aussi essayer en *français*)

[“In the context of Arabidopsis root growth, to what extent is there cross-talk between the auxin and cytokinin pathways?”](#)

- Il rend une réponse structurée (introduction, méthodes, résultats...) avec des citations.
- Il indique la chronologie des articles principaux et les auteurs principaux.
- Il permet d’explorer chaque article cité de différentes façons (dont avec chatbot).

-> Trouvez-vous que le découpage thématique dans les résultats est correct?

-> Le tableau “Claims and evidence” concerne-t-il des questions pertinentes?

-> Les “Open Research Questions” proposées sont-elles assez complètes?

Possibilité d’itérer en posant des questions “Follow-ups” (Consensus donne des suggestions) qui restent dans le cadre déjà demandé.

Visualisations proposées dans le rapport (en plus du “Consensus meter”)

Results Timeline

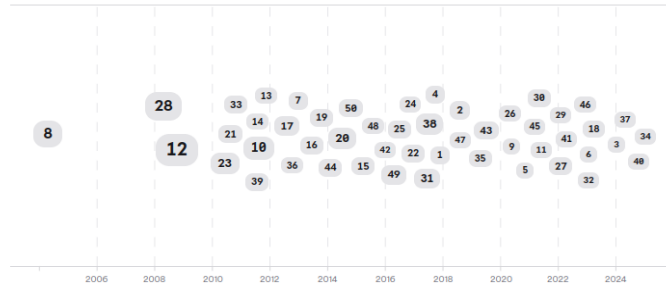


FIGURE 3 Timeline showing key advances in understanding auxin-cytokinin cross-talk in Arabidopsis roots. Larger markers indicate more citations.

Top Contributors

Type	Name	Papers
Authors	K. Lindsey	2 3 16 45 +1 MORE 5 papers
	M. Bennett	7 13 19 25 +1 MORE 5 papers
	E. Benková	10 36 2 papers
Journals	Science	12 20 2 papers
	Frontiers in Plant Science	1 16



Chronologie des articles cités et nombre de citations
Les couleurs renvoient au “Consensus meter”.



Fréquence d’apparition des auteurs et des journaux

Tableau justifiant des résultats clefs



Claims and Evidence Table

Claim	Evidence Strength	Reasoning	Papers
Auxin-cytokinin cross-talk regulates balance between cell division/ differentiation via SHY2/IAA3	Strong	Supported by extensive genetic/molecular studies showing direct regulation of PINs by SHY2 downstream of both hormones	12 1 6 14
Antagonism dominates meristem maintenance; synergy possible under specific stresses/ developmental contexts	Strong	Multiple studies show antagonism is typical but synergy occurs during stress-induced inhibition or vascular formation	4 28

Research Gaps Matrix

Topic/Outcome	Meristem Maintenance	Lateral Root Formation	Stress Response
Antagonism/Synergy	15	9	7
Feedback Loops	11	5	6
Integration w/ Ethylene	6	4	9
Cell-Type Specificity	4	2	1

FIGURE Matrix showing concentration of research across key topics/outcomes versus study attributes.

Tableau des “Research Gaps”
(attributs par ligne et colonne) indiquant les
fréquences d’apparition des différentes paires
-> Trous dans les connaissances



Les citations sont survolables et cliquables

Citation avec une utilisation du full texte

Citation avec une utilisation de l'abstract

Structurer les infos en tableaux

Points clefs

Fortement cité

Au delà de ce qu'on a vu dans le mode "Pro/Consensus meter", on va explorer ici un des articles cités (dans l'introduction ou à droite)

-> "hover" au dessus des articles

-> cliquez sur la citation ou sur le titre de l'article à droite (préférentiellement un article où Consensus a utilisé le FULL TEXT)
Il ouvre une nouvelle fenêtre

-> cliquez sur l'option "Snapshot" et puis "Generate Snapshot" (donne un tableau de synthèse pour l'article considéré)

-> cliquez sur l'option "Graph" (accès à des graphes de citations)

-> cliquez sur l'option "Details" (accès aux "influential citations", i.e., les articles importants citant celui considéré)

Posez une question détaillée au chatbot sur le contenu de cet article, demander des explications, etc. Dans une citation de sa réponse, cliquer sur "Show in Paper".

-> Cette possibilité de dialogue avec chatbot existe dès l'entrée de Consensus, en sélectionnant "Pro" et en lui donnant comme "Corpus" le ou les articles à analyser.

The screenshot shows the Consensus app interface. The main content area displays a search result for "Auxin Cytokinin Crosstalk Arabidopsis". The result includes a question: "In the context of Arabidopsis root growth, to what extent is there cross-talk between auxin and cytokinin pathways?" and a summary: "Yes, there is **extensive cross-talk** between auxin and cytokinin pathways in **Arabidopsis root growth**, involving **mutual regulation**, feedback loops, and context-dependent antagonistic or synergistic interactions." Below this is an "Introduction" section. The right sidebar shows a list of references, including "In Arabidopsis thaliana Cadmium Impact on the Growth of Primary Root by Altering SCR Expression and Auxin-Cytokinin Cross-Talk" and "Crosstalk Complexities between Auxin, Cytokinin, and Ethylene in Arabidopsis Root Development: From Experiments to Systems Modeling, a...".

Population	Seedlings exposed to cadmium during early growth
Duration	8 days
Methods	Controlled experimental study
Outcomes	Primary root growth, root meristem size and organization, auxin/cytokinin signaling balance
Results	Cadmium exposure inhibited root growth by disrupting hormone signaling and stem cell niche organization.

Extracted 5/7 study attributes

Revenir sur le rapport principal et **cocher** les articles à étudier dans le mode “Pro”.

References / In the context of Arabidopsis root growth... x

Results   

complex and requires a combined experimental and systems modeling approach to fully understand their interactions.

 HIGHLY CITED

☒ 2017 · 153 citations · Junli Liu et al.  PDF
Molecular plant

3 **A predictive model for ethylene-mediated auxin and cytokinin patterning in the Arabidopsis root**

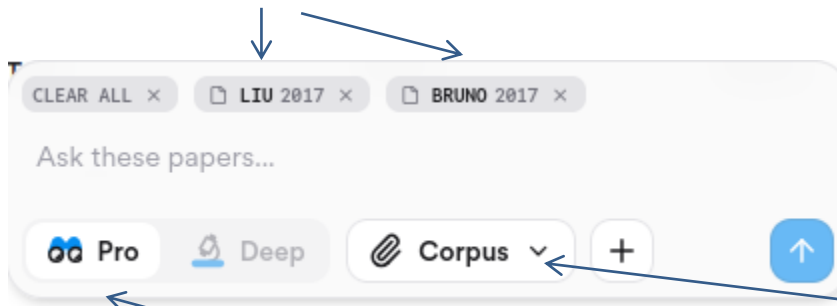
KEY TAKEAWAY · Ethylene signaling plays a key role in simultaneous patterning of auxin and cytokinin concentrations in Arabidopsis root development, predicting experimental observations and predicting future research.

☐ Add 10 citations · Simon Moore et al.     PDF 

4 **Synergistic action of auxin and cytokinin mediates aluminum-induced root growth inhibition in Arabidopsis**

KEY TAKEAWAY · Auxin and cytokinin work together to mediate aluminum-induced root

Les articles sélectionnés apparaissent dans la boîte dialogue



avec le mode “Pro” indiqué par défaut.

En cliquant ici on peut ajouter d’autres articles.

Vous pouvez maintenant poser des questions spécifiquement sur ces articles (résumé, accords, désaccords, explications etc). Par exemple, “Which regulatory interactions suggested in these articles are given in at least two of the studies?”.

Maintenant revenir sur le rapport principal et poser une question “Follow-up” très technique (pour approfondir mais dans le périmètre déjà établi par la première question).

Vos premières impressions

Nous vous proposons un questionnaire d'évaluation des 3 outils testés, à remplir après la découverte de chacun d'eux.

=> Lien vers le questionnaire <https://form.jotform.com/260961301704349>

A garder ouvert pendant toute la durée du TP (pas de retour possible après validation finale)



Partie 3: SciSpace.ai

<http://scispace.com>

- Créer un compte pour avoir “Literature Review”
- Permet d’obtenir une analyse d’articles (même en pdf) + synthèse en tableaux
- Donne, sur demande, des explications et permet d’extraire des données
- Recommandé pour le mode interactif entre vous et le chatbot sur le/les documents

-> Vous allez tester SciSpace en utilisant une demande dans un thème où vous êtes expert.

Mode 1: “**Literature Review**” : pour obtenir la biblio sur un sujet

Mode 2: “**Chat with PDF**” : à partir d’un dialogue avec un chatbot pour comprendre certains points dans un ou multiples articles

Pour en savoir plus sur l’utilisation de SciSpace :

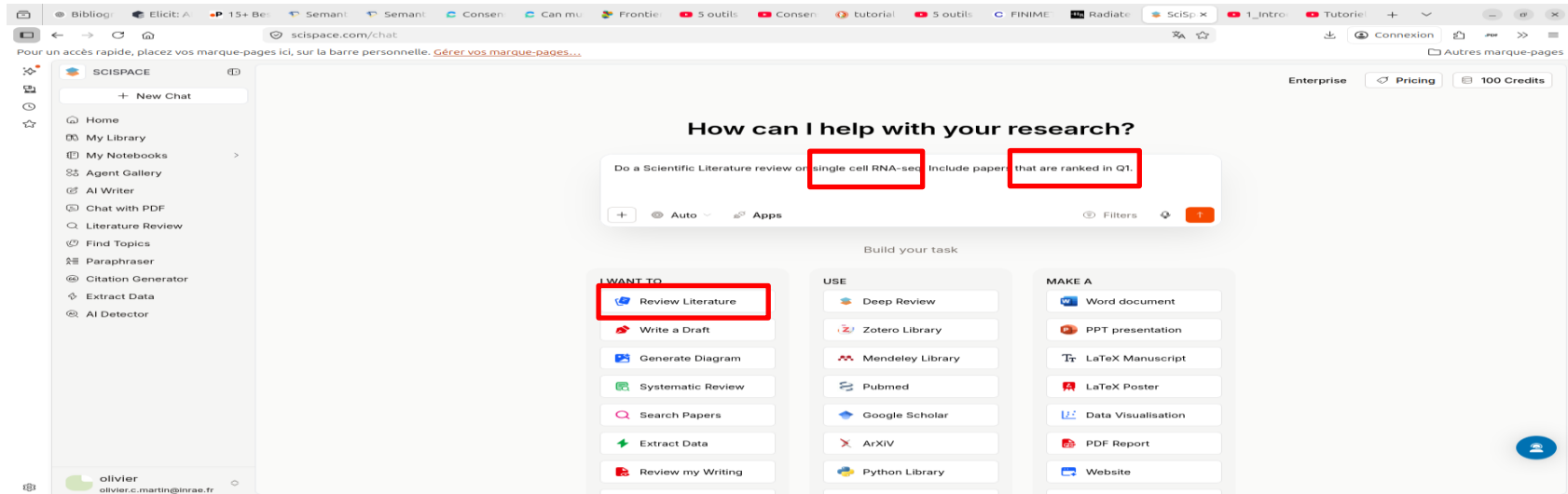
<https://www.scidart.com/en/blog/scispace-for-beginners-simplify-research-with-ai-tools-in-2025/>

Mode 1: “Review Literature”

-> Rend une liste d'articles scientifiques pour votre question thématique

Exemple de thème trop large (ne le faites pas!) :

“Single cell RNA-seq”



Mode 1: “Literature Review”

-> Rend un rapport et une liste d’articles scientifiques pour votre [demande](#)

Exemple de sujet plus spécialisé :

“I am interested in single cell RNA-seq studies in plants. A number of genes are affected by protoplasting. What is known about how badly that may introduce artifacts, and what can be done to reduce such artifacts?”

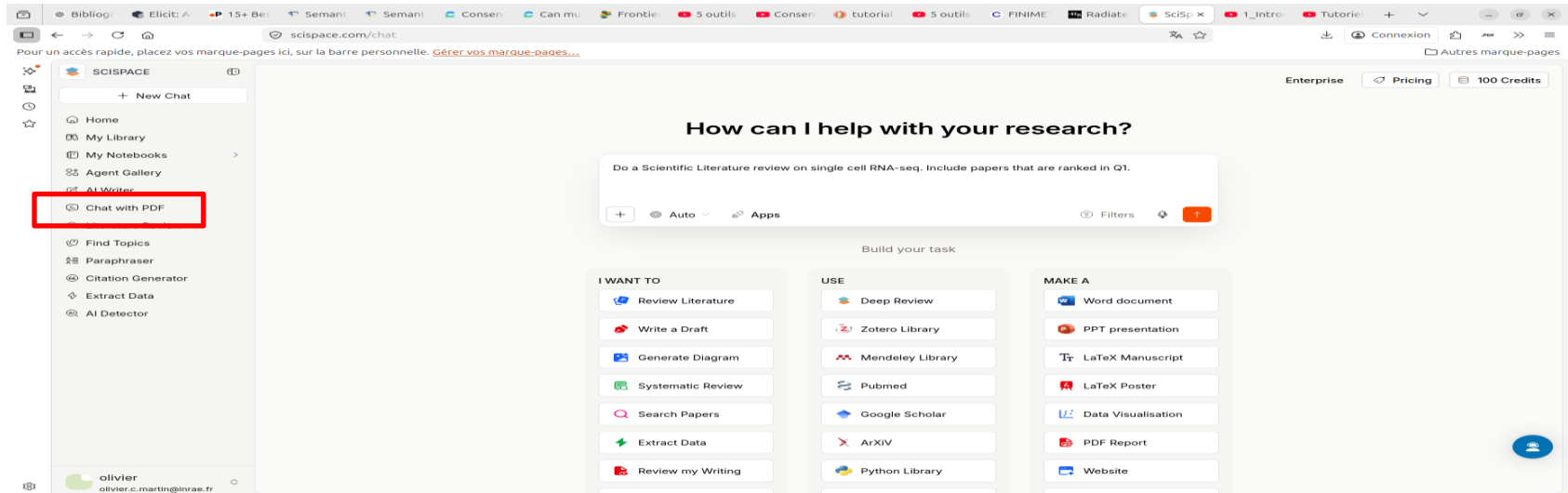
N.B.:

- (1) Cela peut prendre plusieurs minutes.
- (2) On peut filtrer par année.

- Il produit un résumé d’une phrase.
- Il rédige un rapport donnant ses citations.
- Il liste des articles pertinents.
- Souvent un tableau comparatif est fourni.
- En fin de rapport il propose de raffiner la question.

Mode 2: “Chat with PDF”

- > Fait une analyse détaillée de l'article considéré
- > Il propose un podcast associé
- > Possibilité de demander toutes sortes d'explications



Mode 2: “Chat with PDF”

- > Fait une analyse détaillée de l'article considéré
- > Il propose un podcast associé
- > Possibilité de demander toutes sortes d'explications

Uploader le pdf de votre choix.

Accepter de le mettre dans votre notebook personnel.

-> L'article est affiché à gauche et votre boîte de dialogue est affiché à droite.

- Il propose une liste de questions
- Possibilité de poser des questions en dehors de cette liste.
- Possibilité de demander des explications spécifiques à un paragraphe, une partie qu'on surligne, une figure, un tableau, une formule...
- Pour chaque explication, il a des citations vers des phrases de l'article que l'on peut faire afficher.
- Il propose spontanément un glossaire et des questions “Follow-up”.

Possibilité de sortir du cadre du papier en demandant par exemple:

“Can you find me some articles similar to this one?”

- Les réponses peuvent être partagées ou sauvegardées dans ses notebooks.
- Possibilité d'uploader multiples articles et de les comparer.

scispace.com/records/berrio-dubois-2025-pdf-xl29c8ir?ascm=1

Pour un accès rapide, placez vos marque-pages ici, sur la barre personnelle. [Gérer vos marque-pages...](#)

Autres marque-pages

Home > My Library > Notebooks > Berrio_Dubois_2025.pdf

PDF file Summary Podcast

Σ Explain math & table 163%

Forum New Phytologist

Community resource

Dual and spatially resolved drought responses in the Arabidopsis leaf mesophyll revealed by single-cell transcriptomics

Author for correspondence: Marieke Dubois
Email: marieke.dubois@psb.vib-ugent.be
Received: 2 October 2024
Accepted: 13 January 2025

Rubén Tenorio Berrio^{1,2}, Eline Verhelst^{1,2}, Thomas Eekhout^{1,2,3}, Carolin Grones^{1,2}, Lieven De Veylder^{1,2}, Bert De Rybel^{1,2} and Marieke Dubois^{1,2}

¹Department of Plant Biotechnology and Bioinformatics, Ghent University, Ghent, 9052, Belgium; ²Center for Plant Systems Biology, VIB, Ghent, 9052, Belgium; ³Single Cell Core Facility, VIB, Ghent, 9052, Belgium

Contents

Summary	840	IV. Discussion	852
I. Introduction	840	Acknowledgements	854
II. Materials and Methods	841	References	855
III. Results	844		

Summary

Drought stress imposes severe challenges on agriculture by impacting crop performance.

New Phytologist (2025) 246: 840–858

Based on the top 250 cell wall digestion-responsive genes (calculated comparing the bulk RNA-seq data from the Digested to the Undigested samples and excluding the genes interacting with the study of MD), we calculated a digestion response score and visualized this score in the different datasets (Fig. S10; Table S2). We noticed that a fraction of the cells in the Fixed–Digested dataset (24%; 16 107 out of 66 904), which were unevenly spread across the different cell populations, seemingly escaped the ActD treatment and still showed a strong cell wall digestion response (Figs 2c, S10). After removing those cells to curate the dataset, the optimized single-cell atlas of young leaves exposed to MD or WW conditions comprises 50 797 high-quality cells, expressing a total of 23 717 genes (on average 2518 genes), and grouped by unsupervised clustering into 20 distinct clusters (Figs 2f, S11).

bioRxiv preprint doi: <https://doi.org/10.1101/2025.01.13.434205>; this version posted January 13, 2025. The copyright holder for this preprint (which was not certified by peer review) is the author/funder, who has granted bioRxiv a license to display the preprint in perpetuity. It is made available under aCC-BY-NC-ND 4.0 International license.

Chat

- **Clustering and Differential Expression Analysis:** Computational methods like k-means clustering and differential expression analysis (e.g., using DESeq2 and Wilcoxon rank sum test) were applied to identify patterns and changes in gene expression. These tools helped to visualize how gene expression was affected by cell wall digestion and whether fixation mitigated these effects [3] [4].
- **Digestion Response Score:** A "digestion response score" was assigned to individual cells in the scRNA-seq dataset. This score was calculated based on the top cell wall digestion-responsive genes, allowing researchers to computationally assess the extent to which individual cells were affected by the digestion process [5]. This helped in curating the dataset by removing cells that still showed a strong cell wall digestion response despite fixation [6].

6 This PDF
Berrio_Dubois_2025.pdf

We noticed that a fraction of the cells in the Fixed–Digested dataset (24%; 16 107 out of 66 904), which were unevenly spread across the... [...read more](#)

Analysis: GO enrichment analysis was performed to identify genes associated with the identified cell wall digestion-related step helped to characterize the nature of the finding [7].

scRNA-seq data was crucial for mitigating the effects of cell wall digestion, thereby improving the quality of the transcriptomic data.

Locate in PDF

Vos premières impressions

Nous vous proposons un questionnaire d'évaluation des 3 outils testés, à remplir après la découverte de chacun d'eux.

=> Lien vers le questionnaire <https://form.jotform.com/260961301704349>

Vous pouvez maintenant fermer le questionnaire, nous sommes à la fin du TP

N'hésitez pas à nous faire des retours sur la forme de cet atelier

En espérant que ces outils vous seront utiles, mais il y en aura certainement d'autres bientôt car l'IA bouge rapidement !

Bonne suite