



16
FÉV.
2012

🕒 de 11h à 12h

SÉMINAIRE

Exploration de données fonctionnelles dans un (grand) réseau de régulation

Philippe Veber

LBBE

Dans cet exposé je présenterai une démarche pour intégrer des données de génomique fonctionnelle, basée sur un modèle qualitatif d'interactions moléculaires. Ce modèle s'appuie sur une représentation des systèmes dynamiques sous la forme d'un graphe dont les sommets représentent des molécules et les arcs des interactions (activations ou inhibitions) entre elles. Il définit une notion de compatibilité entre un tel graphe et des mesures portant sur la concentration des molécules. Cette contrainte de compatibilité, bien que relativement "molle", permet dans certains cas : - sur un mode "diagnostic", d'isoler des zones du graphe incompatibles avec les mesures d'expression - sur un mode "prédiction", de déterminer la réponse du système dans une condition partiellement spécifiée - sur un mode "planification", de trouver des conditions nécessaires pour observer un comportement. Dans les trois cas, on se ramène à des problèmes d'optimisation combinatoire, et nous verrons comment les résoudre efficacement à l'aide d'un moteur ASP (Answer Set Programming). Sur un mode plus prospectif, je discuterai de la possibilité de coupler ces outils à d'autres modules, assurant d'une part l'approvisionnement en données et d'autre part la visualisation des résultats d'analyse permettant une exploration interactive du système.