



Programme Journée Scientifique Fédération Charles Hermite
"Méthodes et modèles pour comprendre les réseaux biologiques"

Date : Mardi 15 janvier 2019

Lieu : LORIA, salle du Conseil (C05)

9h30	Accueil autour d'un thé ou café
10h	Introduction à la journée Malika SMAIL-TABBONE (LORIA, Université de Lorraine) Taha BOUKHOBZA (CRAN, Université de Lorraine)
10h15	"Unfoldings as a Tool in Fault Diagnosis and in Systems Biology", Stefan HAAR (Laboratoire Spécification et Vérification, CNRS & ENS de Cachan)
11h30	" Régression à logits cumulatifs pénalisée pour l'inférence de réseaux", Clémence KARMANN (Laboratoire IECL, Université de Lorraine)
12h15	Repas – Buffet offert par la Fédération Charles Hermite
14h15	"Des big-data aux relations génotype-phénotype : application aux Ciliopathies", Olivier POCH (Laboratoire ICUBE, CNRS & Université de Strasbourg)
15h30	" Reprogrammation comportementale des réseaux moléculaires : modélisation, algorithmes et application au cancer", Célia BIANE-FOURATI (Laboratoire IBISC, Université Paris-Saclay)
16h15	"Modélisation stochastique de l'expression des gènes et inférence de réseaux de régulation", Ulysse HERBACH (Laboratoire IECL, Université de Lorraine)
17h	Bilan et discussion

Inscription demandée par envoi d'un simple message à Nathalie.Benito@univ-lorraine.fr

Journée de la Fédération Charles Hermite

Titre : Méthodes et modèles pour comprendre les réseaux biologiques

Contexte de l'organisation de la journée : Obtention des organisateurs d'une demi-bourse de thèse sur le sujet des modèles des réseaux biologiques. Mme Athénaïs Vaginay a été recrutée sur ce financement et a commencé ses travaux par une recherche bibliographique. L'organisation de cette journée est liée à cette première phase de recherche et l'objectif est de balayer plusieurs facettes de la thématique

Résumé de la journée

La journée a démarré à 10h par un mot d'accueil de Malika Smaïl-Tabbone qui a introduit le contexte et présenté rapidement la thématique de recherche très large traitant des modèles biologiques. Cet axe de recherche transversal nécessite des collaborations entre biologistes, mathématiciens, bio-informaticiens et les automaticiens.

Le premier exposé de M. S. Haar (Laboratoire Spécification et Vérification, CNRS & ENS Paris-Saclay) a présenté une utilisation des réseaux de Pétri pour les problèmes d'observation et de diagnostic. Il a également présenté des travaux récents et en cours concernant la recherche et la reprogrammation d'attracteurs dans les réseaux de signalisation.

Mme C. Karmann (IECL, Université de Lorraine) a ensuite proposé une méthode de régression pour l'inférence statistique de réseaux de gènes.

M. O. Poch (Laboratoire ICUBE, CNRS & Université de Strasbourg) a présenté les travaux de son équipe sur la modélisation de réseaux biologiques pour la compréhension et la caractérisation par des biomarqueurs des maladies génétiques rares liées aux cils cellulaires.

Mme C. BIANE-FOURATI (Laboratoire eIRISA, Université de Rennes) a présenté ses travaux de thèse concernant l'identification des perturbations causales dans le but de prédire des cibles thérapeutiques permettant d'inverser leurs conséquences sur les phénotypes cellulaires dans un premier temps. A partir d'un modèle booléen de la maladie, la reprogrammation comportementale assimile les perturbations moléculaires à la réécriture des fonctions locales de transition des réseaux et les phénotypes cellulaires au comportement global du réseau.

La dernière intervention de M. U. HERBACH (IECL, Université de Lorraine) traite des techniques dites *single cell* qui permettent aujourd'hui de mesurer des niveaux d'ARN et de protéines dans une cellule. Une telle approche pourrait permettre, en exploitant pleinement l'information contenue dans les données, d'obtenir des modèles statistiques plus robustes, dans un contexte où le nombre de paramètres est généralement bien supérieur au nombre de données.

La journée s'est terminée par des discussions sur l'intérêt, la maturité et l'apport des approches, les problématiques transverses ou propres à chaque discipline qu'elles soulèvent et les questions de recherche auxquelles elles permettent de répondre.

Nombre de personnes présentes : 23 le matin, 29 l'après midi