

Recherche de n -cliques et $(n-k)$ -cliques dans un modèle de Process Hitting à l'aide d'ASP

Contexte

L'étude des mécanismes du vivant à différentes échelles est aujourd'hui rendue possible par les progrès de l'outil informatique. La compréhension de la machine cellulaire, et notamment des interactions entre gènes et protéines, permet le développement de thérapies géniques.

Plusieurs modèles ont été développés afin de s'affranchir de la connaissance de données expérimentales dans la modélisation de la machine cellulaire, dont le "Process Hitting", développé au sein de l'équipe MeForBio (IRCCyN, France). Ce formalisme permet une représentation très atomique des systèmes d'interactions entre gènes et offre des possibilités d'analyse statique puissantes sur des modèles de grande taille, là où des modélisations plus classiques se heurtent à des problèmes de temps de calcul ou de taille en mémoire.

Objectifs

Au sein d'un modèle biologique, les états stables (*i.e.* sans successeur) ont une importance particulière car ils représentent les états sans évolution possible. Une des caractéristiques du Process Hitting est que la recherche des états stables au sein d'un modèle se ramène à la recherche de n -cliques [1]. Dans un premier temps, il sera demandé à l'étudiant d'implémenter la recherche des états stables au sein d'un modèle en Process Hitting à l'aide d'Answer Set Programming (ASP), un paradigme de programmation logique.

Cependant, la recherche de cliques « partielles » permettrait aussi de mieux comprendre certains modèles en quantifiant leur parallélisme (*i.e.* le nombre d'actions simultanées jouables). Ainsi, la seconde partie du travail consistera à étendre le travail précédent pour permettre la recherche des $(n-k)$ -cliques sur les modèles en Process Hitting.

Environnement et cadre de travail

L'équipe MeForBio de l'IRCCyN est composée de trois permanents, deux doctorants, et un ingénieur recherche. Elle est impliquée dans plusieurs projets d'envergure nationale dont CirClock (CNRS) et BioTempo (ANR), et possède des partenariats avec d'autres équipes de recherche (équipe Bio-Info de l'I3S à Sophia Antipolis) et des collaborations internationales sont en cours (notamment avec l'Allemagne et le Japon).

Le stage sera encadré par Maxime Folschette, Olivier Roux et Morgan Magnin, de l'équipe MeForBio (IRCCyN, Nantes). Infos et contacts :

- maxime.folschette@irccyn.ec-nantes.fr — <http://www.irccyn.ec-nantes.fr/~folschet/>
- olivier.roux@irccyn.ec-nantes.fr — <http://www.irccyn.ec-nantes.fr/~roux/>
- morgan.magnin@irccyn.ec-nantes.fr — <http://morganmagnin.net/bioinformatics/>

Le sujet de recherche s'intègre dans une optique d'enrichissement et d'amélioration de la bibliothèque Pint [2] qui est en adéquation avec les objectifs de l'équipe MeForBio concernant l'étude de modèles de grande taille.

Prérequis

Aucun prérequis en biologie n'est nécessaire pour effectuer ce stage de Master. Une connaissance du

langage OCaml ou d'un autre langage fonctionnel serait souhaitable mais non nécessaire.

Références

[1] Loïc Paulevé, Morgan Magnin and Olivier Roux. Refining dynamics of gene regulatory networks in a stochastic π -calculus framework. *Transactions on Computational Systems Biology XIII*, volume 6575 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 171-191. Springer Berlin / Heidelberg, 2011.
<http://loicpauleve.name/PMR10-TCSB.pdf>

[2] <http://processhitting.wordpress.com/>