

Colloque du
Département d'informatique et de recherche opérationnelle

Laurent Trilling

Laboratoire TIMC-IMAG, Université de Grenoble

**Approche déclarative de la modélisation et
l'analyse de réseaux de régulation de gènes**

Résumé :

Nous présenterons une modélisation des réseaux de régulation de gènes qui jouent un rôle essentiel dans le fonctionnement de la cellule. Nous montrerons comment analyser avec une approche déclarative ces réseaux en présence de données imprécises. En particulier, nous nous intéresserons à la vérification de la cohérence des données, la réparation d'incohérences, l'inférence automatique de paramètres cinétiques, la représentation de mutants, la déduction de propriétés et l'optimisation de modèles. L'outil de formalisation adopté, la programmation logique ASP, sera rapidement présenté: il repose sur une logique non monotone bien adaptée à la prise en compte d'informations imprécises ou incomplètes.

L'intérêt de cette approche sera illustré à l'aide d'applications portant sur un stress chez "E.Coli", la segmentation de l'embryon de la drosophile et un réseau synthétique (IRMA).

Travail réalisé en collaboration avec F. Corblin, S. Chorlton, E. Fanchon et N. Mobilia.



Le jeudi 7 février 2013, 15h30, pavillon André-Aisenstadt, salle 3195

Information : Gilles Brassard, brassard@iro.umontreal.ca