

14-16 octobre 2019

Réseau méthodologique
du département MIA créé en 2009



Animateurs : Julien Chiquet, Étienne Delannoy,
Marie-Laure Martin-Magniette, Françoise Monéger
Guillem Rigail et Nathalie Vialaneix

Soutien du projet ARN-RG : Inférence des ARNs non-codants impliqués dans
l'initiation de la racine latérale et modélisation de leur rôles dans le Réseau
Génétique associé (Thomas Blein et Olivier Martin)



Mission pour les Initiatives
Transverses et Interdisciplinaires

Contexte

- › Un système biologique est constitué de nombreux acteurs (gènes, métabolites, ...)
- › La compréhension du système passe par l'identification d'interactions entre ces acteurs
- › La représentation graphique du système est un réseau
- › Toute une gamme de méthodologies pour inférer et caractériser ces réseaux est disponible

Toutefois la complexité du vivant fait que
l'application directe d'une méthode n'est pas évidente.

La vocation de NETBIO est de créer un espace pour échanger

- sur les méthodes statistiques et bioinformatiques pour la construction et l'analyse de réseaux
- discuter de l'adéquation de la modélisation par rapport aux problématiques biologiques.

Aujourd'hui

Olivier Gandrillon (LBMC, Lyon) / Arnaud Bonnaffoux (Société Vidium, Lyon)

Inferring mechanistic gene regulatory networks from single cell data

Mikael Lucas (DiADE, Montpellier) / Kevin Bellande (DiADE, Montpellier)

Dynamics of Gene Regulatory Network Governing de novo Lateral Root Primordium Development

Etienne Delannoy (IPS2, Gif-Sur-Yvette) / Pierre Latouche (Université de Paris, Paris)

Identification de modules fonctionnelles par l'analyse topologique d'un réseau de corégulation

Mathieu Thomas (AGAP, Montpellier) / Pierre Barbillon (MIA-Paris, Paris)

Influence des réseaux de circulation de semences sur l'évolution de la diversité génétique des espèces cultivées

Laurence Liaubet (GenPhySE, Toulouse) / Nathalie Vialaneix (MIA-T, Toulouse)

Combining co-expression and co-location for gene network inference in porcine muscle development in late gestation

Mardi 15 octobre

09h00-10h30 Sophie Donnet (MIA-Paris, Paris) **Introduction aux réseaux bi-partites**

11h00-12h00 : Engelbert Mephu Nguifo (LIMOS, Clermont Ferrand) **A novel approach for predicting protein functions by transferring annotation via alignment networks**

14h00-15h00 : Julie Aubert (MIA-Paris, Paris) **Biclustering via latent block model for overdispersed count data**

15h00-15h30 : Clémence Karmann (IECL/INRIA, Nancy) **Méthode des knockoffs revisités pour la sélection de variables. Application à l'inférence de réseaux pour modèles inflatés en zero**

16h00-16h30 : Martina Sundqvist (MIA-Paris, Orsay) **Cluster stability for class discovery: when and how to use it**

16h30-17h00 : Audrey Hulot (GABI, Jouy-en-Josas) **Fast tree aggregation for consensus hierarchical clustering**

Mercredi 16 octobre

09h30-10h30 : Vincent Fromion (MaLAGE, Jouy-en-Josas) **La modélisation systémique de la cellule constitue-t-elle une base utile de la représentation des liens entre les entités de la cellule à travers des « graphes » ?**

10h30-11h00 : Léa Boyrie (LRSV, Toulouse) **Towards a network approach to detect genome-wide signature of gene coadaptation using SNP data**

11h30-12h30 : **Actualités NETBIO**

14h00-14h30 : Stéphane Robin (MIA-Paris, Paris) **Analyse topologique d'un réseau inféré**

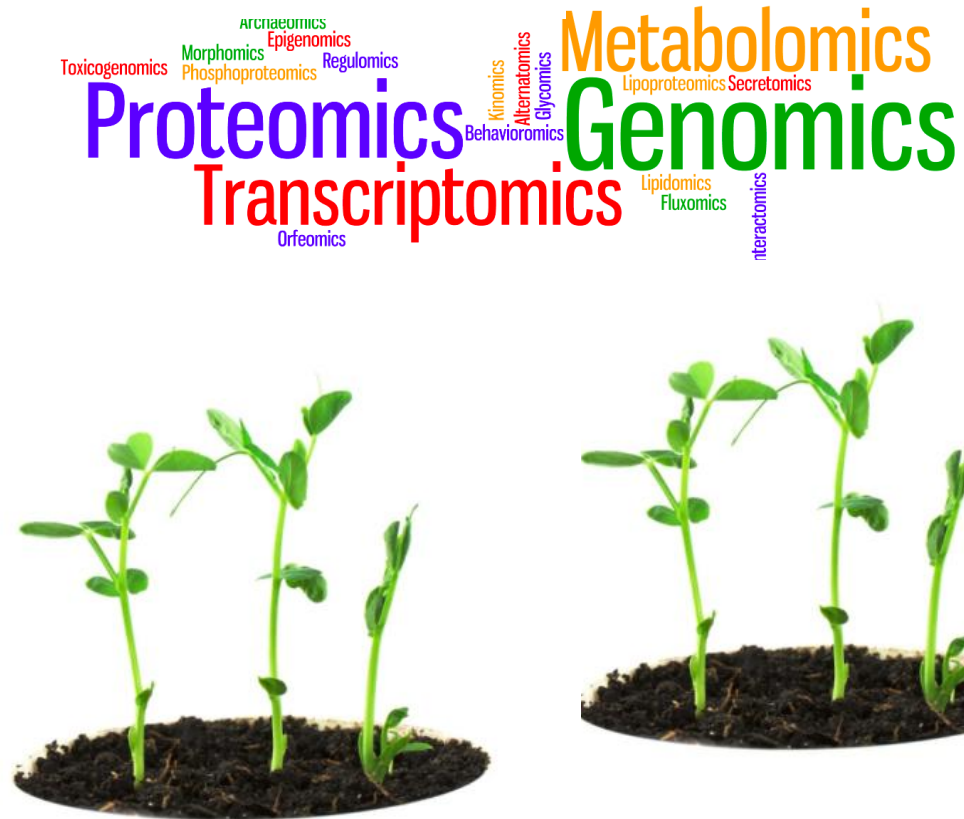
14h30-15h00 : Christophe Giraud (LMO, Orsay) **Forces et faiblesses du mean-field variational bayes inférence**

15h00-15h30 : Perrine Lacroix (IPS2/LMO, Orsay) **Comparaison de méthodes d'inférence de graphes**

15h30-16h00 : Michael Pierrelee (IBDM, Marseille) **TimeNexus identifies dynamic pathways from gene expression time-series using temporal networks**

16h00-16h15 : Clôture des journées

Premières impressions

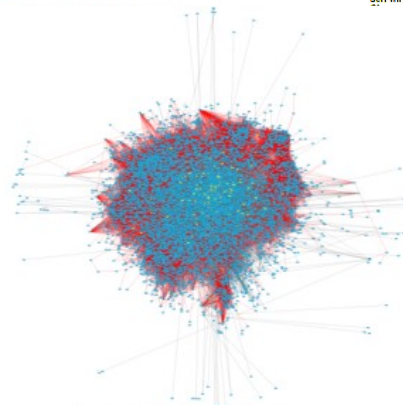
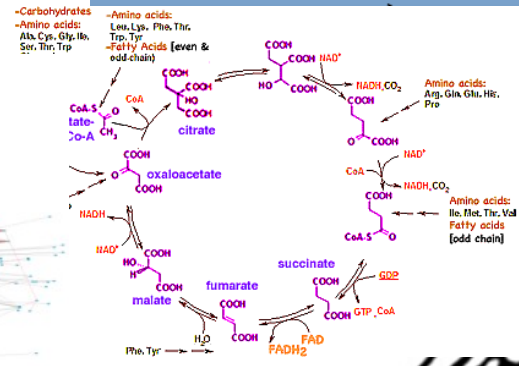
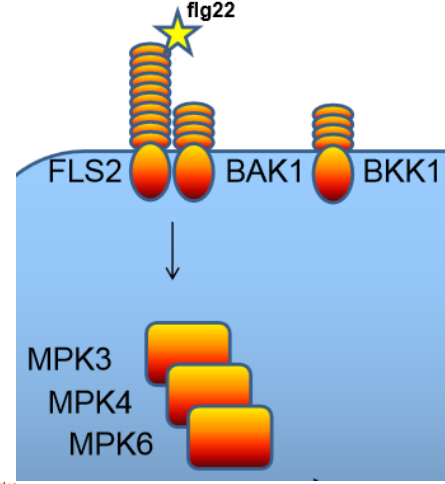
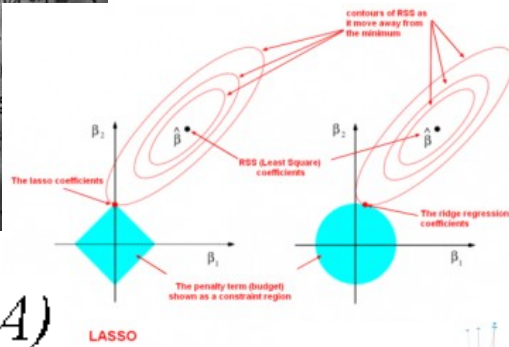


$$\rho(x) = -G(-x^2)/[xH(-x^2)]$$

$$\Delta_L \arg f(z) = (\pi/2)(S_1 + S_2)$$

$$G(u) = \prod_{k=1}^n (u + u_k) G_0(u)$$

$$G(u) = \prod_{k=1}^n (u + u_k) G_0(u)$$



probability density

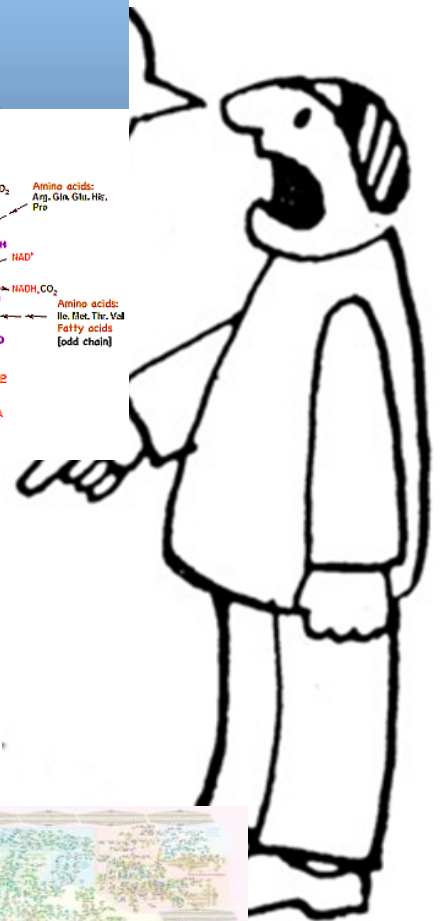
prior unknown example case section likelihood

function independent observations parameter q

Bayesian data

posterior variance

fact hence



$P(B|A)$

Quelques remarques pour passer d'agréables journées scientifiques ensemble

- Ne pensons pas que les autres ont mieux compris
- Posons des questions
- N'hésitons pas à donner notre avis
- Soyons très vigilant sur le vocabulaire employé
- Essayons d'élargir notre point de vue

- Profitons des pauses