

Objectifs

Un réseau biologique est constitué d'un ensemble d'acteurs (ARNs, protéines, métabolites, ...) qui peuvent se situer à des échelles moléculaires différentes. La compréhension d'un réseau biologique nécessite d'identifier les liens entre ces acteurs, de trouver à partir des liens des caractéristiques des acteurs et aussi d'identifier comment les liens sont modifiés quand l'environnement génétique ou environnemental évolue.

Le modèle mathématique pour étudier un réseau biologique est le graphe où les *nœuds* sont les entités biologiques et les *arêtes* indiquent les interactions.

NETBIO a pour vocation d'échanger sur les méthodes statistiques et bioinformatiques pour la construction et l'analyse de graphes et de discuter de l'adéquation de la modélisation par rapport aux problématiques biologiques.

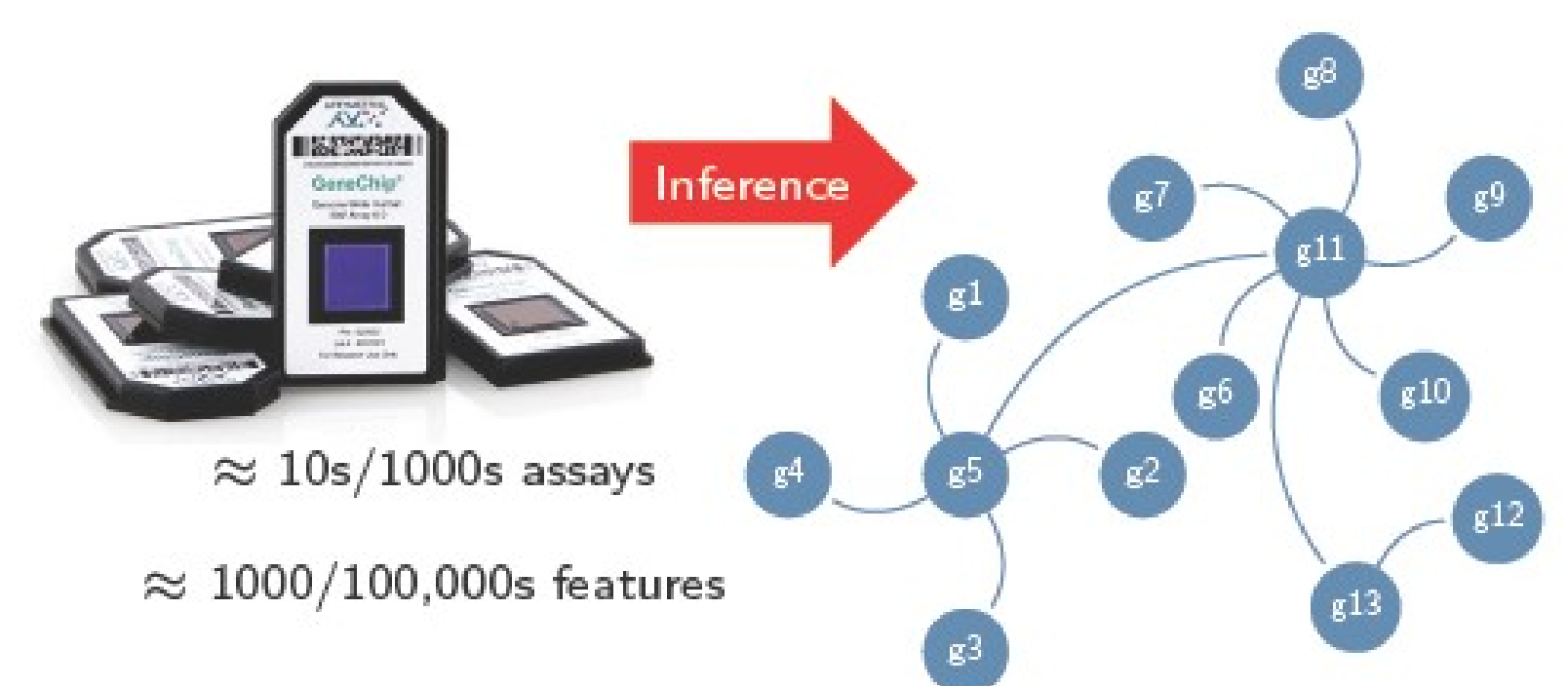
Animation

<https://mia.toulouse.inra.fr/NETBIO>

Organisation de **journées annuelles** depuis 2009.
 Les thèmes abordés

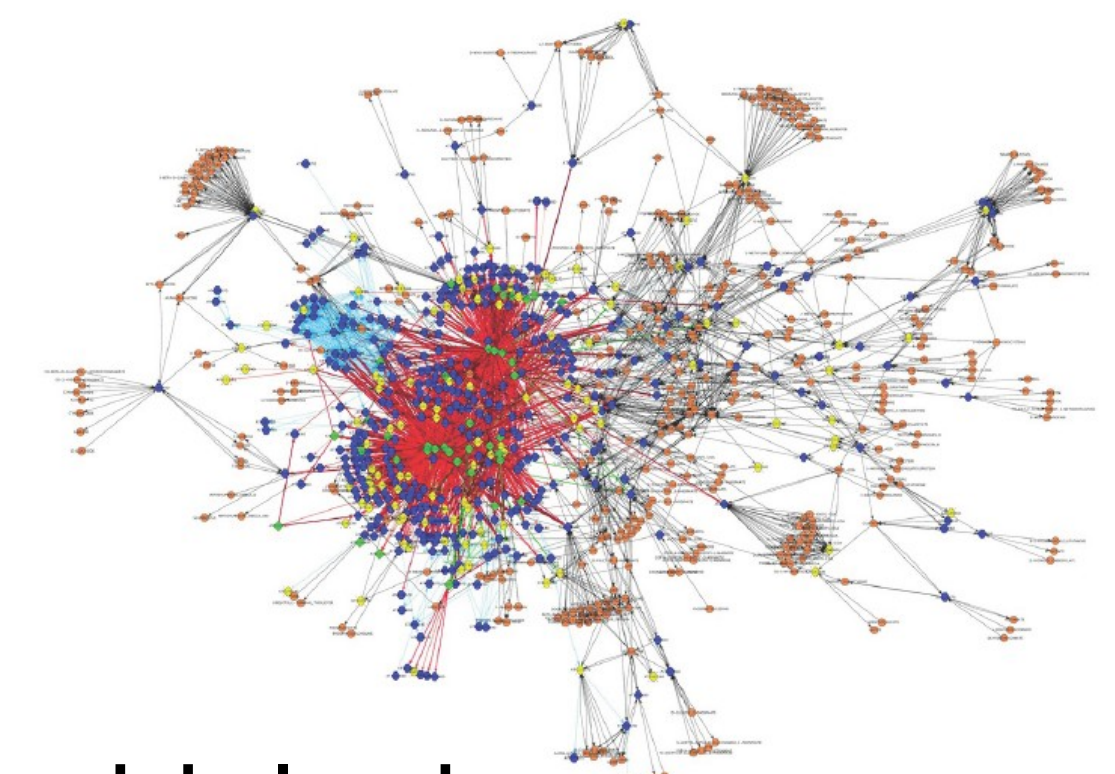
L'inférence i.e. l'estimation des arêtes.

- Inférence dans les modèles graphiques (GGM, BN dynamiques, méthodes à noyaux)
- Extraction automatique d'information de régulation à partir de textes (articles)
- Intégration de données hétérogènes (génomique, RNA-Seq...)
- Reconstruction avec variables manquantes
- Estimation d'effets causaux à partir d'interventions sur l'expression des gènes
- *Answer set programming* pour l'exploration de l'ensemble des états d'un réseau



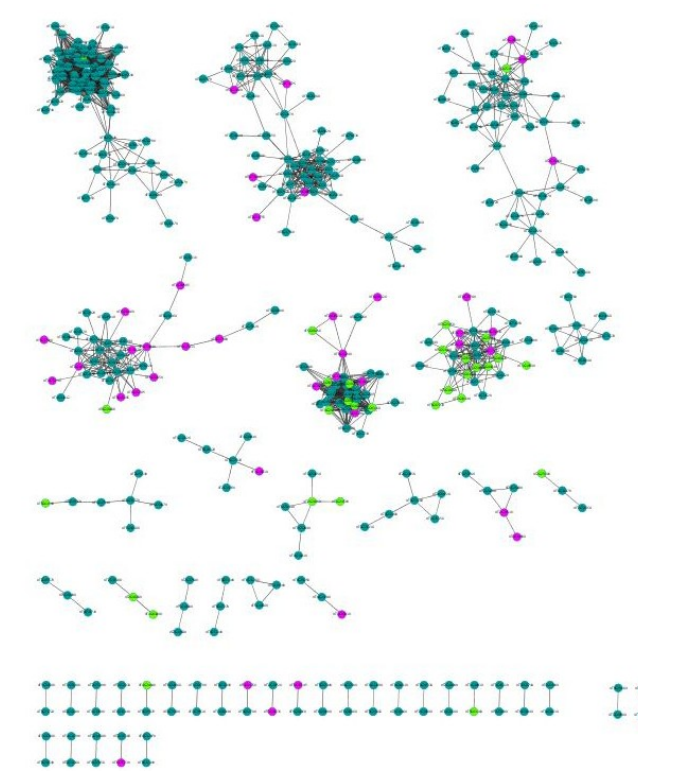
La validation et la robustesse des prédictions

- Sélection stabilisée, bootstrap
- Evaluation de méthodes de reconstruction lors des compétitions DREAM (données simulées)
- La confrontation à des réseaux biologiques chez l'humain, *B. Subtilis* et *A. thaliana*



La caractérisation et la visualisation du réseau pour en extraire de l'information biologique

- Revue des méthodes pour la caractérisation d'un réseau
- Estimation dans un modèles à blocs latentes
- Présentation de Cytoscape



Mini-cours de biologie moléculaire



- Rôle des petits ARNs dans la régulation de l'expression des gènes
- Signification biologique des termes différentiellement exprimés, co-exprimés, co-régulés et régulés
- Les données de HiC

Quelques actions initiées grâce à NETBIO

- Projets**
- Reconstruction du réseau d'identité polaire de boutons floraux chez *A. thaliana*
 - Inférence de réseaux de co-expression et de régulation chez *A. thaliana*
 - ANR SUNRISE (2012-2019) Amélioration de la stabilité de production d'huile sous contrainte hydrique
 - Projet France Génomique OakAdapt (2014-) Génétique génomique pour le chêne
 - Organisation et animation de la Summer School 2016 du LabEx SPS « From gene expression to genomic network »

- Thèses soutenues**
- Contribution à la modélisation et l'inférence de réseau de régulation de gènes, M. Champion
 - Estimation de systèmes nonlinéaires dynamiques sous contraintes : application à l'inférence de réseaux de régulation, N. Lim
 - Enrichissement de profils transcriptomiques par intégration de données hétérogènes : annotation fonctionnelle de gènes d'*Arabidopsis thaliana* impliqués dans la réponse aux stress, R. Zaag
 - Classification et inférence de réseaux pour les données RNA-seq, M. Gallopin
 - Inférence de réseaux par arbres couvrants, L. Schwaller

- Thèses en cours**
- Méthodes d'apprentissage statistique multivariées pour une inférence robuste des réseaux de régulation, T. Ha
 - Construction d'un réseau orienté stable de facteurs de transcription, Y. Vasseur
 - Apprentissage statistique pour l'intégration de données de sources et de natures multiples, J. Mariette
 - Biologie intégrative des réponses de stress et robustesse chez le Porc, V. Sautron
 - Intégration de données hétérogènes complexes à partir de tableaux de tailles déséquilibrées, A. Imbert

Membres : modélisateurs, informaticiens et biologistes

mia-inferencereseaux@listes.inra.fr

Env 130 inscrits

Liste des laboratoires participants : MIA-Paris, MaIAGE & GABI (Jouy-en-Josas), INSA, MIAT & GenPhyse (Toulouse), IPS2 & Dpt Mathématique de Paris-Sud (Orsay), BioGeCo (Bordeaux), AGPF (Orléans), IBISC & LaMME (Evry), MISTEA & SupAgro (Montpellier), Ecole Polytechnique, LBBE & ENS Lyon (Lyon), Select & MODAL (INRIA Futur), Institut Pasteur, BFO & IRMA (Strasbourg), Agrocampus Ouest (Rennes), Center for Computational Biology (MinesParisTech), LIPN (Villetaneuse), Probas et stat (Lille), URGI (Versailles)