

Organisateurs

2010-2013 : Simon De Givry, Marie-Laure Martin-Magniette, Matthieu Vignes
 2014 : Julien Chiquet, Marie-Laure Martin-Magniette, Nathalie Villa-Vialaneix

Objectifs

La compréhension de systèmes biologiques via les interactions entre de nombreux acteurs (ARN, protéines, métabolites, etc.) représentation sous forme de *graphes* ou *réseaux* : les entités biologiques sont les *nœuds* ; les *arêtes* indiquent les interactions.

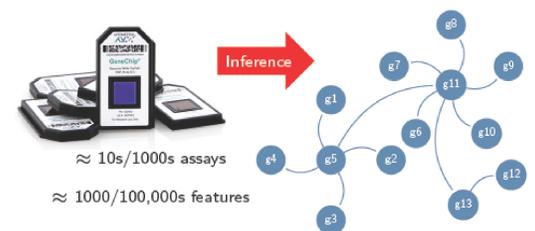
NETBIO a pour vocation d'échanger sur les méthodes développées pour inférer ces interactions, leurs évolutions potentielles, et leur adéquation aux problématiques des biologistes.

Animation <http://carlit.toulouse.inra.fr/wikiz/index.php/NETBIO>

Organisation de **journées annuelles** depuis 2009. Les **thèmes** abordés par la communauté :

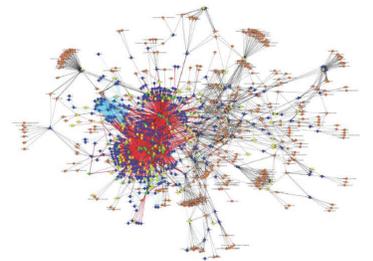
L'inférence *i.e.* l'estimation des arêtes.

- 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 (génétiq. 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 modèle à blocs latents
- Présentation de Cytoscape

Quelques projets et thèses initiés grâce à NETBIO

- Projets**
- Reconstruction du réseau d'identité polaire de boutons floraux chez *A. thaliana*
 - Inférence de réseaux et eQTL chez *A. thaliana*
 - ANR SUNRISE (2012-2019) Amélioration de la stabilité de production d'huile sous contrainte hydrique
 - FG OakAdapt (2014-) Génétique génomique pour le chêne
 - Sonata : Stress, Orphans, Networks And Transcriptome in Arabidopsis

- Thèses**
- Apprentissage de la structure de réseaux bayésiens, application aux données de génétique-génomique, Jimmy Vandell (2009 - 2012)
 - Modélisation de réseaux de régulation de gènes par équations structurelles et régressions LASSO généralisées, Magali Champion (2011 -)
 - Modélisation statistiques pour l'étude des facteurs de transcription d'*Arabidopsis thaliana*, Yann Vasseur (2013 -)
 - Inférence de fonction par profilage transcriptomique chez *Arabidopsis thaliana*, Rim Zaag (2012 -)
 - Méthodes d'apprentissage statistique multivariées pour une inférence robuste des réseaux de régulations, Trung Ha (2013 -)
 - Inférence de réseaux de gènes à partir de données de séquençage haut-débit RNA-seq, Mélina Gallopin (2012 -)
 - Estimation de systèmes nonlinéaires dynamiques sous contraintes : application à l'inférence de réseaux de régulation, Néhémy Lim (2011 -)
 - Inférence de réseaux de régulation par un modèle parcimonieux à base de noyaux locaux, Arnaud Fouchet (2012 -)

Membres mia-inferencereseaux@listes.inra.fr

Env. 100 inscrits sur la liste de diffusion de NETBIO : modélisateurs, informaticiens et biologistes.

Liste des laboratoires participants : MIA518 (AgroParisTech), MIAJ, MIG & GABI (Jouy), INSA, MIAT & GenPhyse (Toulouse), BioGeCo (Bordeaux), AGPF (Orléans), IBISC, URGV & Stat et Génomes (Evry), MISTEA & SupAgro (Montpellier), Ecole Polytechnique, LBBE (Lyon), ENS 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)...