

Réseaux de régulation génétique : étude du rôle de la distance entre gènes.

Enrico FORMENTI

Proposition de stage 2010/11

Titre : Réseaux de régulation génétique : étude du rôle de la distance entre gènes.

Encadrant : Enrico FORMENTI (<http://deptinfo.unice.fr/~formenti>).

Co-Encadrants : Gilles BERNOT et Jean-Paul COMET.

Fonction : Professeurs, Université de Nice-Sophia Antipolis.

Laboratoire : Informatique, Signaux et Systèmes de Sophia Antipolis (I3S)

2000, route des lucioles, Les Algorithmes - bât. Euclide B, BP 121,
06903 Sophia Antipolis Cedex

Equipes : MC3 (<http://mc3.i3s.unice.fr>) et BIOINFO (<http://www.i3s.unice.fr/I3Snew/labos/MDSC/bioinfo.html>)

Téléphone : +33 (0)4 92 07 66 56

Télécopie : +33 (0)4 92 07 66 55

Mél : enrico.formenti@unice.fr

Mots-clés : réseaux de régulation génétique, automates probabilistes, théorie des files d'attente.

Domaine du stage

Depuis quelques années, on sait que plusieurs gènes interviennent dans la production de certaines protéines complexes. On peut visualiser les gènes coopérant à la production d'une protéine donnée comme un réseau (réseaux de régulation génétique) dont les nœuds sont les gènes et l'on met une arête entre deux nœuds σ et τ si la protéine produite par σ influence la production τ . En biologie, on dit que σ envoie un signal à τ . Les arêtes sont étiquettes avec un + si le signal est *activateur* (*i.e.* provoque l'augmentation de la production de la protéine cible de τ) ou avec un - si le signal est *inhibiteur* (*i.e.* arrête ou empêche la production de la protéine cible de τ).

La compréhension fine de la structure de ces réseaux et de leur fonctionnement est l'une des problématiques centrales de la bio-informatique moderne (et de la biologie bien évidemment). En effet, cela permettrait, par exemple, de créer des médicaments plus efficaces, de diminuer leurs effets collatéraux, *etc.*

Description détaillée du travail

Plusieurs formalisations des réseaux de régulation génétique ont été proposés mais aucune ne prend en compte les données géométriques du problème. Dans [1], nous avons proposé un modèle stochastique qui prend en compte ces données sur des réseaux simples (pair à pair). Pour obtenir des calculs "raisonnables", nous avons procédé à plusieurs simplifications. Notamment, nous avons supposé que quand un signal arrive au gène cible τ , ce dernier produit de manière instantanée la protéine demandée. C'est clair que dans le processus réel, cela n'arrive point. Nous voudrions donc étendre notre modèle pour prendre en compte un "délai de production" dans la protéine cible. Deux pistes sont envisageables : utiliser la théorie des files d'attente ou étendre le modèle stochastique déjà donné et ensuite utiliser des approximations pour simplifier les expressions des formules résolutives.

Références

- [1] G. Bernot, J.-P. Comet, E. Formenti, and S. Taati. On the impact of the distance between two genes on their interaction curve. *Journal of mathematical biology*, 2010. To appear.

Commentaires

Il n'y a aucun prérequis spécifique pour ce stage sinon une bonne préparation dans les domaines fondamentaux de l'informatique. Un goût pour le formalisme, une bonne dose de fantaisie et des rudiments de théorie des probabilités seront sans doute des atouts majeurs.