

Représentation simple et algorithmes efficaces pour les voies de signalisation cellulaire

Andrei Doncescu¹

Pierre Siegel²

Tan Le¹

¹ Université de Toulouse, CNRS, LAAS, 7 Avenue du Colonel Roche, 31400, Toulouse, France

² Aix Marseille Université, CNRS, LIF UMR 7279, 13288, Marseille, France

andrei.doncescu@laas.fr, pierre.siegel@univ-amu.fr, tan.le@laas.fr

Résumé

L'Intelligence Artificielle et les techniques de programmation par contraintes trouvent un champ d'application intéressant dans la description formelle des interactions cellulaires, représentées par des réseaux de signalisation. En particulier, les questions relatives à la représentation de la connaissance biologique incomplète, l'explication par abduction de certains effets biologiques et l'évolution temporelle de la cellule, peuvent être bien étudiées dans ce cadre. Mais les algorithmes sont souvent inutilisables dès que l'on quitte les petits exemples jouets car la complexité est bien trop importante. Cet article tente de répondre à la question "Pour étudier les voies de signalisation dans la cellule sur des exemples réels, quelle pourrait être une représentation suffisante, la plus simple possible, associée à des algorithmes utilisables?". Nous présentons une approche basée sur la logique des défauts, qui permet de concevoir un réseau de la cassure du double brin ADN, concis et sans ambiguïté.