

Titre : Étude topologique de réseaux métaboliques

Encadrante : Clémence Frioux

E-mail : clemence.frioux@inria.fr

Résumé : Les réseaux métaboliques sont des objets symbolisant les relations de consommation de substrats et production de métabolites dans une cellule. Ils peuvent être représentés sous formes de graphes bipartis (nœuds de type réaction et de type métabolite, relations symbolisant la production ou la consommation) ou d'hypergraphes (nœuds métabolites, relations symbolisant les réactions). La structure d'un réseau métabolique, sa topologie, sont déjà des éléments informatifs lorsqu'on étudie le métabolisme d'un organisme. Comme tous les graphes, les réseaux métaboliques peuvent par exemple être étudiés par différentes métriques (composantes connectées, centralité...). Ce projet vise à implémenter (en suivant les bonnes pratiques de programmation) un package Python effectuant un ensemble de mesures topologiques sur des réseaux métaboliques. Un second objectif de ce projet sera de découvrir la programmation déclarative (Answer Set Programming ASP) comme outil pour décrire et résoudre des analyses topologiques (ex : chercher les métabolites jamais consommés, les métabolites les plus consommés...). En résumé, le projet aura les spécificités suivantes :

- Créer un package Python avec appel en ligne de commande
- Manipuler des réseaux métaboliques fournis au format XML
- Représenter les réseaux métaboliques comme objets graphes
- Implémenter des analyses de topologie des réseaux
- Découvrir l'ASP, l'utiliser via Python et faire des petites analyses du réseau métabolique avec ce paradigme