



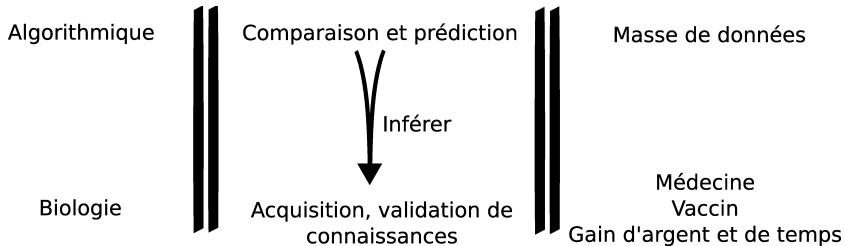
Comparaison de Réseaux d'Interactions Protéiques

Florian Sikora - Master 2

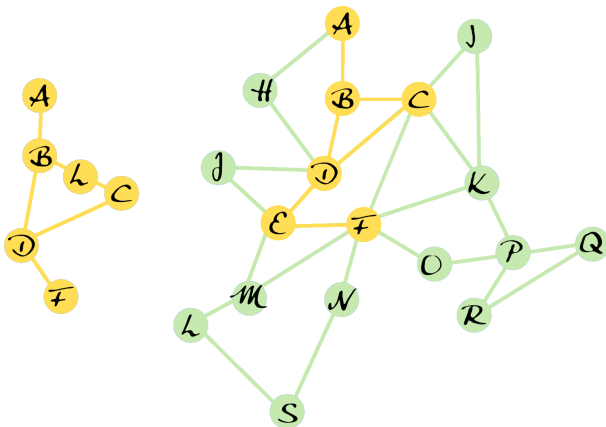
Encadré par Guillaume Blin¹ et Stéphane Vialette¹

¹Institut Gaspard Monge - Université Paris-Est Marne-la-Vallée

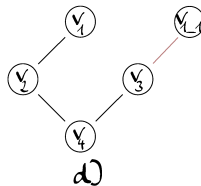
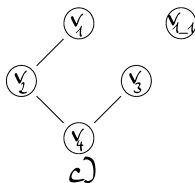
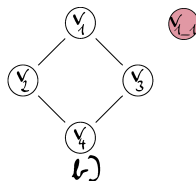
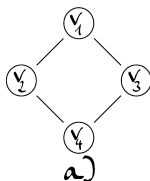
Rappels



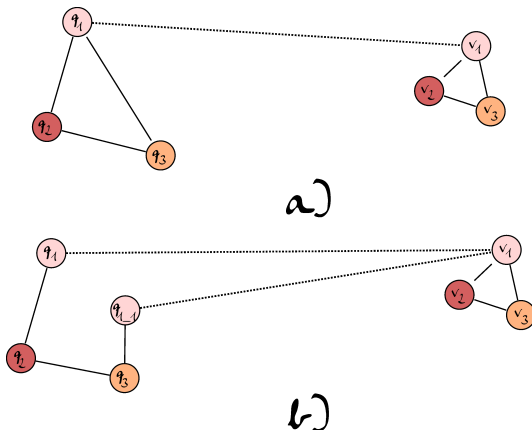
Notations



Principe de la duplication

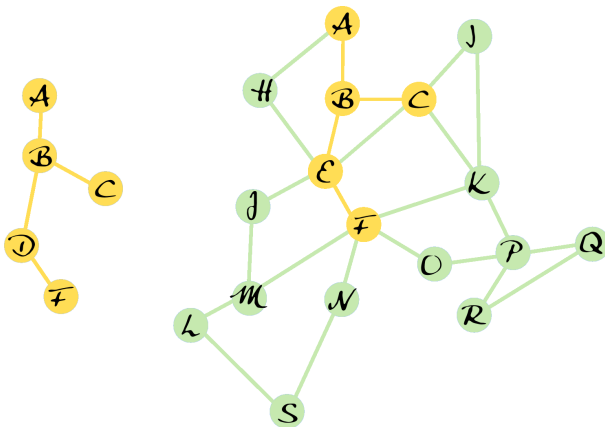


Duplications



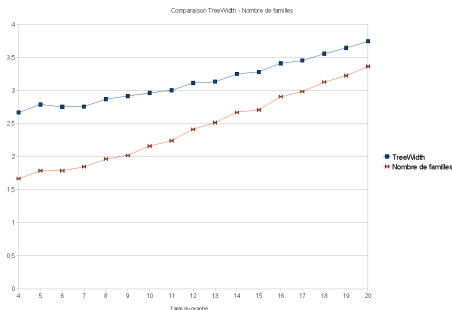
► $n^{|familles|}$ assignments

Une solution par programmation dynamique



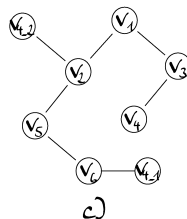
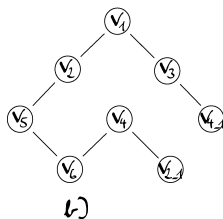
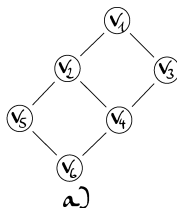
Complexité

- Pire cas : $O(n^{|familles|} 2^{O(k)} m)$
- QNet : $n^{t+1} 2^{O(k)}$.
- Comparaison pratique avec QNet impossible
- Expérimentalement, il semble que $t > |familles|$

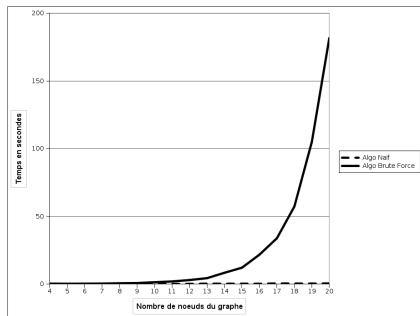
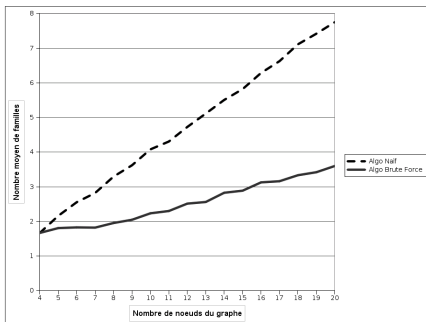


- Borne en pratique largement sur-évaluée
 - Nombre d'arrangements ($\frac{n!}{(n-|familles|)!} < n^{|familles|}$)
 - Nombre d'homologues

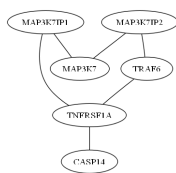
Choix des noeuds important



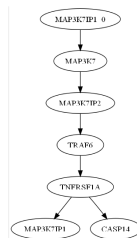
Comparaison des algorithmes de duplication



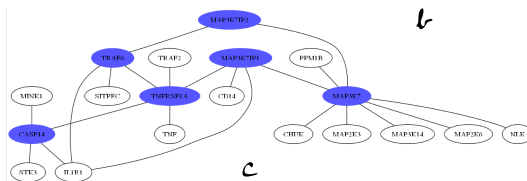
Execution de notre programme



a

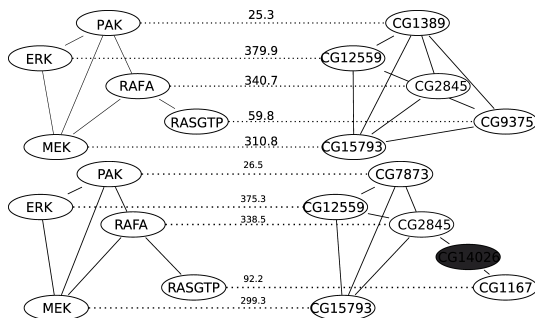


b



c

Execution de notre programme



- Motif MAPK de l'homme retrouvé dans le réseau de la mouche

Conclusion

- ▶ Première partie de stage : définition de deux problèmes et état de l'art
- ▶ Seconde partie de stage : concentration sur un problème, proposition d'un algorithme alternatif sans perte
- ▶ Complexité pire cas semble être meilleure, borne sur-évaluée pour notre algorithme
- ▶ Retrouve des motifs graphes à travers des espèces différentes
- ▶ Avoir plus d'informations biologiques (topologie des motifs, motifs à rechercher, conclusions à en tirer,...)

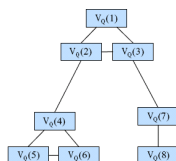
Questions sur Comparaison de Réseaux d'Interactions Protéiques ?

Florian Sikora - Master 2

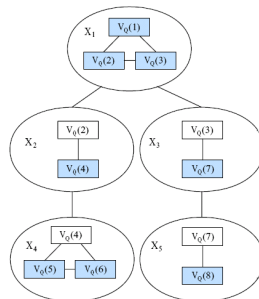
Encadré par Guillaume Blin¹ et Stéphane Vialette¹

¹Institut Gaspard Monge - Université Paris-Est Marne-la-Vallée

Décomposition arborescente



(a) Query graph



(b) Tree decomposition

- l'union de tous les X_i de X est égale à V ;
- pour toute arête (v,w) de E , il existe un nœud X_i de l'arbre T qui contient v et w ;
- si X_i et X_j contiennent un même sommet v , alors tous les nœuds X_z de T sur le chemin entre X_i et X_j contiennent v .