

Colloquium : Alessandra Carbone

Schedule for the 14th of April

[15:00 → 17:00] Masterclass (room 26-00/101)

Short presentations by PhD students of their work. Each presentation (10 minutes) is followed by an open discussion with Alessandra Carbone (10 minutes):

- François Bertaux (MAMBA/LIFEWARE, INRIA)

Title : Multi-scale modeling of TRAIL-induced apoptosis: from protein fluctuations to non-genetic drug resistance in tumor spheroids

Supervisors : Dirk Drasdo and Gregory Batt

abstract : Gene expression noise can be beneficial for cell populations, because it generates a phenotypic diversity that facilitates adaptation to environmental changes. Similarly, it can help cancer cells to adapt and resist treatment drugs, even in absence of advantageous mutations. Here, we describe a generic and principled approach to systematically include protein fluctuation models within models of signal transduction. We apply our approach to investigate the dynamics of cell-to-cell variability in TRAIL-induced apoptosis (TRAIL is a death ligand that can induce apoptosis selectively in cancer cells, a property currently exploited in clinical trials). Building upon previous experimental and theoretical work, we show that our model can predict several observations on the temporal evolution of cell resistance to TRAIL such as transient cell fate inheritance as well as reversible resistance, two properties that emerge solely from the coupling of protein level fluctuations with signaling reactions between proteins.

- Marc Bouffard (BIOINFO, LRI, Univ. Paris 11)

Title : Extracting logic gates from a metabolic network, why and how ?

Supervisors : Patrick Amar et Franck Molina

abstract : Synthetic biology can be used to design artificial bio-devices that can perform successively the samples intake, its analysis and provide an integrated response. This will be performed by a logic function applied to the output of the sensors that respond to the bio-markers of the targeted pathology. This logic function is computed using logic circuits made of interconnected logic gates. For this purpose, a library of basic logic gates that can be wired together so as to function correctly in the same environment, will be automatically extracted from the metabolic networks of living organisms.

- Olivier Ameline (INTERACTION, ISIR, UPMC)

Titre : rubAN : Calcul robuste de vrais rubans d'ADN ou d'ARN pour la modélisation moléculaire interactive à différentes échelles

Encadrants : Jean Cagnet et Sinan Haliyo

Résumé : On cherche à développer un outil de détermination de la conformation des acides nucléiques (et des protéines) à des échelles mésoscopiques, en attribuant à la chaîne sucre-phosphate des propriétés mécaniques de rigidité. Notre hypothèse de travail est que la conformation de la molécule dans sa globalité est conditionnée principalement par le comportement élastique non-linéaire du squelette. Nous nous appuyons donc sur les notions de flexion, torsion, énergie de déformation... pour analyser une conformation donnée, ou encore prévoir les conformations admissibles. Dans cet objectif, je montrerai comment on exploite des objets habituellement utilisés pour la visualisation des molécules, les rubans.

- Maximilien Danisch (COMPLEXNETWORKS, LIP6, UPMC)

Titre : Les mesures de proximité appliquées à la détection de communautés dans les grands graphes de terrain.

Encadrants : Jean-Loup Guillaume et Bénédicte Le Grand

Résumé : Un grand nombre de données sont représentables sous la forme d'un graphe (ensemble de nœuds liés par des liens). Dans cet exposé, je montrerai que deux problèmes majeurs concernant l'analyse de ces graphes de terrain, à savoir la détection de communautés (définies comme des groupes de nœuds qu'il est pertinent de rassembler) et la mise au point de mesures de proximité (évaluant dans quelle mesure deux nœuds sont topologiquement proches), sont fortement intriquées. En particulier, je montrerai comment on peut isoler des groupes de nœuds à l'aide d'une mesure de proximité puis comment cette idée peut être utilisée pour proposer des algorithmes efficaces permettant de résoudre les trois problèmes suivants : (i) trouver des communautés auxquelles un nœud donné appartient, (ii) compléter un ensemble de nœuds en une communauté et (iii) trouver des communautés recouvrantes dans un réseau.

- Raphaël Puget (MLIA, LIP6, UPMC)

Title : Large Scale Classification : A Budgeted Sequential Approach

Supervisors : Patrick Gallinari and Nicolas Baskiotis

abstract : Extreme class classification describes classification problems with very large number of classes, up to several millions. Such problems have now become quite frequent in many practical applications. We propose here a novel sequential ensemble learning approach, where classifiers are dynamically chosen among a pre-trained set of classifiers and are iteratively combined in order to manage efficiently the trade-off between inference complexity and classification accuracy. This model allows us controlling this trade-off on the fly during the inference process.

[17:15] Cocktail (in front of Amphi 15)

[18:00] Colloquium (Amphi 15)