

---

# Modélisation Bayésienne de réseaux Biologiques

Ghislaine Gayraud<sup>\*1</sup>

<sup>1</sup>Laboratoire de Mathématiques Appliquées de Compiègne (LMAC) – Université de Technologie de Compiègne – France

## Résumé

Dans le cadre de la co-direction de la thèse de Sagnik Datta, soutenue en juillet 2016, nous (Frédéric Bois, INERIS et Eric Leclerc, LIMMS, Japon) nous sommes intéressés à la modélisation Bayésienne de graphes aléatoires dirigés.

Le nombre de nœuds du graphe est supposé fixé. A partir de données observées sur les nœuds, l'inférence statistique porte sur la structure du graphe, c'est à dire sur la présence des arêtes sur lesquelles nous avons considéré différentes lois a priori.

Dans un premier temps, nous nous sommes concentrés sur des graphes dirigés acycliques pour lesquels nous avons considéré des réseaux Bayésiens adaptés à la nature des données (continues ou discrètes), modèles qui ont été ensuite implémentés via des méthodes MCMC et ont permis le développement en C du logiciel libre 'Graph\_sampler'.

Partant du constat qu'en pratique les réseaux biologiques sont souvent constitués à la fois de boucles rétroactives et de sous-graphes acycliques, nous nous sommes ensuite intéressés au problème de modélisation de réseaux dirigés permettant l'inclusion de " boucles ". Nous avons proposé un modèle graphique original qui préserve la propriété d'indépendance conditionnelle des réseaux Bayésiens. Comme dans le cas acyclique, ce modèle a été implémenté venant ainsi enrichir le logiciel 'Graph\_sampler'.

Nous avons testé les performances de notre approche à partir de données simulées et au travers de nombreuses expérimentations.

---

\*Intervenant