

Vérification formelle et apprentissage logique pour la modélisation qualitative à partir de données *single-cell*

Résumé

La compréhension des mécanismes cellulaires à l'œuvre au sein des organismes vivants repose généralement sur l'étude de leur expression génétique. Cependant, les gènes sont impliqués dans des processus de régulation complexes et leur mesure est difficile à réaliser. Dans ce contexte, la modélisation qualitative des réseaux de régulation génétique vise à établir la fonction de chaque gène à partir de la modélisation discrète d'un réseau d'interaction dynamique. Dans cette thèse, nous avons pour objectif de mettre en place cette approche de modélisation à partir des données de séquençage *single-cell*. Ces données se révèlent en effet intéressantes pour la modélisation qualitative, car elles apportent une grande précision et peuvent être interprétées de manière dynamique. Nous développons ainsi une méthode d'inférence de modèles qualitatifs basée sur l'apprentissage automatique de programmes logiques. Cette méthode est mise en œuvre sur des données *single-cell* et nous proposons plusieurs approches pour interpréter les modèles résultants en les confrontant avec des connaissances préétablies.

Mots-clés : biologie des systèmes, réseaux de régulation génétique, séquençage *single-cell*, modèles qualitatifs, méthodes formelles, apprentissage automatique