

Curriculum vitae

Claudine CHAOUIYA

- Données personnelles
- Titres universitaires
- Situations administratives
- Enseignement
- Administration et animation scientifique
- Activités de recherche
- Publications

Données personnelles

Nom, Prénom : Chaouiya Chantegrel Claudine
Date et lieu de naissance : 25 août 1961 à Avignon
Etat civil : mariée
Nationalité : française

Adresse personnelle : 11 Avenue Solvert, 13009 Marseille
Adresse professionnelle : TAGC ERM206 case 928
163, Avenue de Luminy, 13288 Marseille Cedex 09
Adresse électronique : chaouiya@univmed.fr
Page personnelle : <http://claudine.chaouiya.perso.esil.univmed.fr>

Titres universitaires

DEUG A, Université d'Aix-Marseille I, 1982.

Licence de Mathématiques, Aix-Marseille I, 1983.

Maîtrise de Mathématiques Appliquées, Aix-Marseille I, 1984.

DEA de Mathématique-Informatique, mention Bien, Aix-Marseille II, 1985

DESS Compétence Complémentaire en Informatique, mention A.Bien, Aix-Marseille II, 1986.

Doctorat en Informatique, mention Très honorable avec félicitations du jury, Nice Sophia Antipolis (UNSA), 1992 :

Titre	Outils pour la validation de contraintes de synchronisation dans des systèmes distribués
Soutenu le	19 octobre 1992
Directrice	Marie-Claude Thomas, (UNSA, I3S)
Rapporteurs	Yves Dallery (MASI, Paris VI) Jacques Labetoulle (EURECOM, Sophia Antipolis).
Jury	Jean-Claude Bermond, Président (CNRS, I3S) Marie-Claude Thomas, Directrice (UNSA, I3S) Charles André, (UNSA, I3S) Alain Jean-Marie (INRIA, Sophia Antipolis) Jacques Labetoulle (EURECOM, Sophia Antipolis) Jean-Marc Vincent (IMAG, Grenoble).

Résumé : La première partie de la thèse propose un modèle en réseau de Petri pour un atelier de production comportant une ressource partagée par deux processus parallèles. Dans la famille des ordonnancements cycliques, nous obtenons une borne inférieure sur le débit, en fonction de la fréquence d'allocation de la ressource partagée.

La deuxième partie est motivée par une application robotique. Un algorithme de commande distribué peut être décrit par un graphe de tâches élémentaires avec des liens de synchronisation. L'objectif est de montrer que ce graphe ne mène pas à des situations d'interblocage. Un modèle en réseau de Petri est proposé et nous en étudions les propriétés de vivacité.

La troisième partie concerne l'analyse de systèmes de files d'attente où les arrivées sont une superposition de flux périodiques, et soumis à une contrainte temps réel stricte. Cette contrainte spécifie que, quel que soit le déphasage initial, tout client doit avoir quitté le système avant son échéance (faisabilité). Les propriétés de stabilité et périodicité sont étudiées. Nous développons une approche qui consiste à borner les processus de charge et de sortie.

HDR, Habilitation à diriger des recherches en Informatique, Université Joseph Fourier, Grenoble, 2007 :

Titre Modélisation et analyse qualitatives de réseaux biologiques

Soutenu le 07 septembre 2007

Rapporteurs Alexander Bockmayr (Freie Universitat Berlin)
François Fages (INRIA Rocquencourt)
Jean-Pierre Mazat (Université V. Segalen, Bordeaux 2)

Jury Jacques Demongeot, Président (TIMC, Grenoble)
Alexander Bockmayr (Freie Universitat Berlin)
François Fages (INRIA, Rocquencourt)
Hidde de Jong (INRIA, Grenoble)
Marcelle Kaufman (Université Libre de Bruxelles)
Hanna Kludel (Université d'Evry)
Denis Thieffry (Université de la Méditerranée, Marseille)
Laurent Trilling (Université J. Fourier, Grenoble)

Résumé Les réseaux biologiques sont au coeur du contrôle des processus cellulaires, intégrant de multiples composants moléculaires par le biais d'une grande diversité de relations. La complexité de ces réseaux rend nécessaire le développement d'outils de modélisation, afin d'en étudier les propriétés dynamiques. Outre une meilleure compréhension, la modélisation doit permettre la formulation et la validation d'hypothèses en relation étroite avec l'expérimentation biologique. Les travaux présentés portent sur la modélisation qualitative de réseaux de régulation, utilisant un formalisme logique multi-valué. Outre l'étude de réseaux de régulation et le développement de méthodes pour l'analyse de modèles logiques, je m'intéresse aux réseaux métaboliques et de signalisation, avec l'objectif de définir un cadre de modélisation intégrée de ces différents réseaux.

Je présente une nouvelle formalisation de la modélisation logique des réseaux de régulation. Développé sur cette base, GINsim est un logiciel qui permet la spécification, la simulation et l'analyse de modèles logiques de réseaux de régulation. Des algorithmes efficaces d'identification des états stables et d'analyse de fonctionnalité des circuits de régulation sont présentés.

Les réseaux de Petri (RdP) constituent un formalisme prometteur pour la modélisation et l'analyse de réseaux moléculaires. J'ai défini une traduction des modèles logiques de réseaux de régulation en RdP, permettant le recours aux outils d'analyse des RdP. Ces travaux ouvrent la voie à une modélisation intégrée des réseaux métaboliques et leur régulation, comme le démontre notre modélisation qualitative de la biosynthèse du tryptophane et sa régulation chez *E. Coli*.

Les méthodes formelles et les outils informatiques associés sont confrontés à des applications biologiques concrètes. Ainsi, j'ai participé à la définition et l'analyse du contrôle de différents processus biologiques : la segmentation chez l'embryon de drosophile (en particulier le module de polarité segmentaire), la formation de la frontière dorso-ventrale du disque imaginal d'aile de la Drosophile, le cycle cellulaire mammifère.

Situation administrative

- Août 1987 - mai 1988, boursière de recherche (programme Lavoisier, Ministère des Affaires Etrangères), au sein du Centre Fédéral d'Education Technologique du Paraná, département d'Informatique Industrielle (CGPII-CEFET, Curitiba, Brésil).
- Juin 1988 - décembre 1989, enseignante invitée auprès du Master d'Informatique Industrielle du CEFET (CPGII - CEFET, Curitiba, Brésil).
- Septembre 1990 - juin 1991, ATER (Attachée Temporaire d'Enseignement et de Recherche), Université de Nice Sophia-Antipolis.
- Septembre 1991 - octobre 1992, boursière INRIA, Sophia Antipolis (projet MISTRAL, dirigé par F. Baccelli).
- Avril 1993 - août 1994, enseignante invitée (Professor Visitante - Adjunto IV) au Département d'Informatique de l'Université Fédérale du Ceará, UFC Fortaleza, Brésil.
- Septembre 1994 - août 1999, Maître de Conférences (27^{ème} section) à l'Université Française du Pacifique (UFP), centre de Nouvelle Calédonie (promotion 1^{ère} classe, le 1^{er} septembre 1998).
- Septembre 1999 - août 2004, Maître de Conférences, à l'Université de la Méditerranée, affectée à l'ESIL (Ecole Supérieure d'Ingénieurs de Luminy) département de Génie Biomédical, Marseille.
A partir de septembre 2001, chercheur associée à l'équipe co-dirigée par B. Jacq et D. Thieffry à l'Institut de Biologie du Développement de Marseille (IBDM, UMR 6216).
- Septembre 2004 - août 2006, Maître de Conférences en délégation CNRS à l'Institut de Biologie du Développement de Marseille (IBDM).
- Septembre 2006 à ce jour, Maître de Conférences (27^{ème} section, classe normale, 7^{ème} échelon), à l'Université de la Méditerranée, ESIL, département Biomédical.
Chercheur associée au TAGC (Technologies Avancées pour le Génome et la Clinique, unité INSERM U928).

Enseignement

- Juin 1988 - décembre 1989, Master d'Informatique Industrielle (CPGII, Curitiba, Brésil) :
 - Cours et TD (70 hrs eq.TD), *Intelligence artificielle et systèmes experts*,
 - Cours et TD (50 hrs eq.TD), *Modélisation et évaluation de systèmes à événements discrets*.
- Septembre 1990 - juin 1991, ATER, Université de Nice Sophia Antipolis, (192 hrs eq.TD) :
 - TD de *Probabilités*, 1^{ère} année Ecole Supérieure de Sciences Informatiques (ESSI),
 - TD et TP de *Programmation*, (Pascal, UNIX), 1^{ère} année ESSI et DEUG Sciences,
 - Encadrement de *projets Prolog*, 2^{ème} année ESSI,
 - Encadrement de *projets de Productique*, 3^{ème} année ESSI.
- Avril 1993 - août 1994, Département d'Informatique de l'Université Fédérale du Ceará (UFC Fortaleza, Brésil) :
 - Cours, TD, TP (60 hrs eq.TD) *Bases de la programmation structurée*, 1^{ère} année *Graduação*,
 - Cours, TD (60 hrs eq.TD) *Conception et analyse d'algorithmes*, 3^{ème} année *Graduação*,
 - Cours, TD (40 hrs eq.TD) *Réseaux de Petri, modélisation de systèmes à événements discrets*, 2^{ème} année du Master d'Ingénierie Électrique.
- Septembre 1994 - août 1999, Université Française du Pacifique (UFP), centre de Nouvelle Calédonie (contrat pédagogique de février 1996 à février 1998) :
 - TP (15 hrs eq.TD, 2 groupes) *Introduction au DOS*, DEUG Sciences 1^{ère} année,
 - TP (15 hrs eq.TD, 2 groupes), *Outil informatique 1 (bureautique)*, DEUG MIAS/SM 1^{ère} année,
 - Cours, TP (18 hrs eq.TD, 2 groupes) *Outil informatique 2 (langages de l'Internet, calcul formel)*, DEUG MIAS/SM 2^{ème} année,
 - Cours, TD, TP (60 eq.TD) *Calcul numérique et programmation (Pascal)*, DEUG MIAS/SM 2^{ème} année,
 - Cours, TD (60 hrs eq.TD) *Fondements théoriques pour l'informatique*, DEUG MIAS 2^{ème} année,
 - Cours, TD, TP (60 hrs eq.TD) *Algorithmique avancée*, Licence de Mathématiques,
 - Cours, TP (20 hrs eq.TD) *Calcul formel et Mathematica*, Licence de Mathématiques.
- Septembre 1999 - août 2004, ESIL (Ecole Supérieure d'Ingénieurs de Luminy, Université de la Méditerranée, Marseille) :
 - Cours, TD, TP (90 hrs eq.TD) *Introduction aux systèmes d'exploitation, Internet et HTML, Programmation (langage C), Algorithmique*, 1^{ère} année Biomédical,
 - Cours, TD, TP (80 hrs eq.TD) *Programmation orientée objets (Java)*, 2^{ème} année Biomédical,
 - Cours, TD, TP (25 hrs eq.TD) *Programmation C++*, 3^{ème} année Biomédical,
 - Cours (9 hrs eq.TD) *Pages Web dynamiques, CGI, PHP*, 3^{ème} année Biotechnologie,
 - Cours (18 hrs eq.TD) *Pages Web dynamiques, CGI, PHP*, 1^{ère} année Informatique.

• Septembre 2006 - juin 2007 ESIL (Ecole Supérieure d'Ingénieurs de Luminy, Université de la Méditerranée, Marseille) :

- Cours, TD, TP (50 hrs) *Algorithmique et langage C, Composition de pages Web*, 1^{ère} année Biomédical,
- Cours, TD, TP (92 hrs eq.TD) *Programmation orientée objets (Java)*, 2^{ème} année Biomédical,
- Cours, TD, TP (15 hrs eq.TD) *PHP et pages Web dynamique*, 3^{ème} année Biomédical,
- Cours, TD, TP (24 hrs eq.TD) *Programmation objets (Java)*, Master BBSG 2^{ème} année (Bioinformatique, Biochimie Structurale et Génomique),
- Cours (9 hrs eq.TD) *Application des réseaux de Petri en biologie moléculaire*, Master BBSG 2^{ème} année.

• Septembre 2007 - juin 2008 ESIL (Ecole Supérieure d'Ingénieurs de Luminy, Université de la Méditerranée, Marseille) :

- TD (55 hrs eq.TD) *Algorithmique et langage C, Composition de pages Web*, 1^{ère} année Biomédical,
- Cours, TD (35 hrs eq.TD) *Projet informatique*, 1^{ère} année Biomédical,
- Cours, TD, TP (92 hrs eq.TD) *Programmation orientée objets (Java)*, 2^{ème} année Biomédical,
- Cours (9 hrs eq.TD) *Application des réseaux de Petri en biologie moléculaire*, Master BBSG 2^{ème} année.

En 2001, dans le cadre de l'action de développement des TIC de l'Université de la Méditerranée, j'ai élaboré, avec Marc Daniel (professeur à l'ESIL), un didacticiel de programmation en C++. De plus, je maintiens depuis 2000, un site web où les étudiants peuvent trouver un ensemble de ressources pédagogiques (supports de cours, exercices corrigés, liens,...) :

<http://claudine.chaouiya.perso.esil.univmed.fr/enseignement.html>

• Cours invités :

- avril 2006, *Petri nets for the qualitative modelling of biological networks* (2 hrs), Ecole thématique "modélisation et simulation dans le contexte de la génomique", Programme d'Épigénomique de Génopole, Bombannes,
- novembre 2006, *Petri nets for the qualitative modelling of biological networks* (5 hrs), IBSS'06 (International Bioinformatics Software School) Tanger, Maroc,
- février 2006, *Modelling biological networks* (6 hrs), Ecole doctorale de Modélisation de Systèmes concurrents, Group of Discrete Event Systems Engineering, Department of Computer Science and Systems Engineering, Université de Zaragoza, Espagne,
- décembre 2006, *Biologie systémique* (12 hrs), Master "Structure - Interaction des Macromolécules et Génomique Fonctionnelle", faculté des sciences de l'Université St Joseph, Beyrouth, Liban,
- juin 2006, *Qualitative modelling of biological regulatory networks* (20 hrs), avec Denis Thieffry, Programme doctoral en biologie computationnelle de l'Institut Gulbenkian, Oeiras, Portugal,

- octobre 2007, *Application des réseaux de Petri à la modélisation des réseaux biologiques* (3 hrs), Master Bioinformatique, Université J. Segalen, Bordeaux II,
- décembre 2007, *Biologie systémique* (12 hrs), Master “Structure - Interaction des Macromolécules et Génomique Fonctionnelle”, faculté des sciences de l’Université St Joseph, Beyrouth, Liban.

Administration

- Université Fédérale du Ceará, Fortaleza, Brésil (1993-94) :
 - Chargée du dossier d’habilitation du Master d’Informatique de l’UFC.
- Université Française du Pacifique, Centre de Nouvelle Calédonie (1995-99) :
 - Responsable pédagogique des DEUG MIAS et SM de 1997 à 99,
 - Responsable pour l’élaboration de l’annexe D (informatique de l’établissement) du plan quadriennal,
 - Responsable de l’élaboration de la maquette du DEUST GIES (Génie Informatique et Electronique des Systèmes), formation habilitée en 1997, ouverte en 2000.
- Université de la Méditerranée, Ecole d’Ingénieurs de Luminy (ESIL) (septembre 1999 - à ce jour) :
 - Commissions de Spécialistes :
 - . Membre titulaire nommée de la CS ”Mathématiques et Informatique”, Université du Pacifique (2001-02),
 - . Membre suppléant nommée de la CS sections 27 et 61, Université de Droit, Economie et Sciences d’Aix-Marseille (2000-03).
 - Responsable de la gestion d’occupation des salles d’informatique pour les départements Biomédical et Biotechnologie de l’ESIL (de septembre 2001 à juin 2002).
 - Responsable des enseignements d’Informatique du Département Biomédical de l’ESIL.

Animation scientifique

Organisation d'ateliers et séminaires

Membre du bureau du séminaire pluri-disciplinaire MAGMA (Mathématiques Appliquées à la Génomique, Modèles et Algorithmes, Luminy), depuis 2003.

<http://iml.univ-mrs.fr/~remy/magma/>

Membre du comité d'organisation de JOBIM'07 (Journées Ouvertes de Biologie, Informatique et Mathématiques), Marseille, juillet 2007.

<http://crfb.univ-mrs.fr/jobim2007>

Co-organisatrice (avec H. De Jong, J-P. Mazat, E. Remy, A. Siegel et J-A. Sepulchre) de la journée satellite JOBIM, 13 juillet 2007 à Marseille.

<http://claudine.chaouiya.perso.esil.univmed.fr/SatelliteJobim07/>

Co-organisatrice (avec H. De Jong) de la journée satellite JOBIM, "Modélisation Dynamique de Réseaux de Régulation Biologique - Des mesures aux modèles et des modèles aux mesures", le 9 juillet 2005 à Lyon.

<http://pbil.univ-lyon1.fr/events/jobim2005/>

Co-organisatrice, avec E. Remy, de la rencontre "Modélisation dynamique de réseaux biologiques", 9-13 mai 2005, au CIRM (Centre International des Rencontres Mathématiques, Luminy - Marseille).

<http://claudine.chaouiya.perso.esil.univmed.fr/CIRM05/>

Co-organisatrice (avec H. De Jong et D. Thieffry) de la journée satellite JOBIM, 1^{er} juillet 2004 à Montréal (avec publication d'un numéro spécial de *BioSystems* [18]).

Comités scientifiques

CMSB'08 (Computational Methods in Systems Biology), à Rostock, octobre 2008.

<http://wwwmosi.informatik.uni-rostock.de/cmsb08>

Conférence JOBIM'08 (Journées Ouvertes de Biologie, Informatique et Mathématiques), Lille, juillet 2008.

<http://www2.lifl.fr/jobim2008>

Journée thématique RIAMS'07 (Réseaux d'interactions, analyse, modélisation et simulation), satellite IPG (Integrative Post-Genomics), Lyon, novembre 2007.

<http://riams.prism.uvsq.fr/>

Conférence JOBIM'07 (Journées Ouvertes de Biologie, Informatique et Mathématiques), Marseille, juillet 2007.

<http://crfb.univ-mrs.fr/jobim2007/>

Journée RIAMS, satellite IPG (Integrative Post-Genomics), Lyon, novembre 2006.

<http://riams.lami.univ-evry.fr/RIAMS2006/riams2006.php>

Conférence CompBioNets'05 (Algorithms and Computational Methods for Biochemical and Evolutionary Networks), Lyon, décembre 2005.

<http://www.inrialpes.fr/helix/people/sagot/CompBioNets2005/>

Projet VicAnne, "modélisation dynamique et simulation des systèmes biologiques", soutenu par l'ACI IMPBio 2004-06. Ce projet visait à coordonner et amplifier différentes actions d'animation de la communauté française autour de la thématique.

<http://vicanne.inrialpes.fr/index.html>

Rapporteur pour les revues scientifiques

- BioSystems,
- BMC Bioinformatics,
- IEE Proceedings Systems Biology,
- IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics (TCBB).

Activités de recherche

Le thème général de mes recherches porte sur la *modélisation et l'analyse de systèmes dynamiques à événements discrets*. Il s'agit de recourir à des formalismes mathématiques permettant la représentation et l'analyse de l'évolution dynamique d'un système. On s'intéresse alors à l'étude de propriétés qualitatives (bornitude, vivacité ou absence d'inter-blocage, existence d'attracteurs,...) et / ou quantitatives (débits, temps de réponse, ...). J'ai abordé ces questions dans le cadre de divers domaines d'application :

- systèmes temps réel et réseaux de communication [16, 28, 30],
- productique [9, 27, 30],
- réseaux de régulation impliqués dans le contrôle de processus biologiques :
 - développement chez l'embryon de la drosophile [4, 6, 15, 1],
 - différenciation des lymphocytes T [12, 10],
 - biosynthèse du tryptophane chez *E.coli* [7],
 - décision lyse/lysogénie du bacteriophage lambda [3],
 - cycle cellulaire mammifère [5].

Les outils formels utilisés comprennent principalement :

- la théorie des graphes et les mathématiques discrètes [8, 10, 14],
- les files d'attente [9, 25, 16],
- les réseaux de Petri [11, 12, 13, 26].

Description chronologique résumée

- Avril 1993 - août 1994 : Département d'Informatique de l'Université Fédérale du Ceará (UFC, Fortaleza, Brésil).

En collaboration avec A. Jean-Marie (INRIA Sophia Antipolis), les résultats publiés dans ma thèse [30], sur les réseaux de communication à topologie série sous contraintes temps réel, ont été étendus à des topologies plus générales (réseaux *feed-forward*) [28].

- Septembre 1994 - août 1999 : Université Française du Pacifique, centre de Nouvelle Calédonie.

En collaboration avec Y. Dallery (MASI, Université Paris VI) j'ai étudié un modèle de système de *Kanban* étendu définissant une politique de contrôle de flux pour des systèmes de production comprenant des étapes d'assemblage (basé sur un réseau de files d'attentes). J'ai prouvé pour ce modèle des propriétés essentielles (invariants, bornes, équations d'évolution...) et je l'ai comparé aux principales politiques de flux tiré (*Base Stock*, *Kanban*, *Generalized Kanban*) [27]. J'ai aussi proposé une modélisation de ces systèmes en réseaux de Petri [26].

- Septembre 1999 - août 2001 : ESIL, Université de la Méditerranée.

Au cours des deux premières années à Marseille, j'ai consacré l'essentiel de mon activité au seul enseignement. J'ai néanmoins poursuivi ma collaboration avec Y. Dallery sur les propriétés de modèles continus de files d'attente, dérivées de propriétés des modèles discrets

asynchrones [25]. J'ai finalisé un article sur la politique de Kanban étendu, pour le cas de systèmes de production comprenant des étapes d'assemblage [9].

- Septembre 2001 - août 2003 : ESIL, Université de la Méditerranée, ESIL, et Institut de Biologie du Développement de Marseille (IBDM).

Ma collaboration avec D. Thieffry a débuté en septembre 2001, sur la *modélisation et simulation dynamiques des réseaux de régulation génétique*. Avec E. Remy et B. Mossé de l'Institut de Mathématiques de Luminy (IML), nous avons formalisé la modélisation logique des réseaux de régulation [14]. Nous avons caractérisé la structure des graphes de transitions d'états des circuits de régulation isolés, montrant que cette structure ne dépend que du signe du circuit et du nombre de régulateurs [8]. C'est à cette période que j'ai développé les premiers prototypes du logiciel GINsim.

- Septembre 2004 - août 2006 : en délégation CNRS à l'IBDM, UMR 6216 (Institut de Biologie du Développement de Marseille), équipe "Bioinformatique des réseaux régulateurs du développement", co-dirigée par B. Jacq et D. Thieffry.

J'ai initié une nouvelle ligne de recherche sur la modélisation des réseaux de régulation en réseaux de Petri. Ces travaux ont été menés en collaboration avec mes collègues de l'IML (E. Remy et P. Ruet). Nous avons défini des règles de réécriture du formalisme logique en réseaux de Petri standards, dans un cadre booléen puis multi-valué [13, 17]. Nous avons aussi défini une traduction en réseaux de Petri colorés [11].

Lors du séjour d'Eugênio Simão (doctorant brésilien, UFSC, Florianopolis), nous avons défini un modèle en réseaux de Petri pour la voie de biosynthèse du tryptophane chez *E. Coli* [7].

Avec Aurélien Naldi, en stage de Master recherche, nous avons introduit une représentation des règles logiques sous forme de diagrammes de décisions qui a conduit, notamment, à un algorithme pour déterminer les contextes de fonctionnalité des circuits de régulation. La traduction des modèles logiques en réseaux de Petri s'appuie aussi sur cette représentation.

Avec Aitor Gonzalez, en thèse de doctorat dans l'équipe, j'ai contribué à l'analyse du réseau contrôlant la frontière dorso-ventrale au sein du disque imaginal d'aile de drosophile [4, 6].

Adrien Fauré, a commencé son doctorat en septembre 2005 sur la modélisation et l'analyse du réseau central du cycle cellulaire chez les mammifères. Il a transposé, dans le formalisme logique, le modèle (différentiel) publié par B. Novak et J. Tyson. C'est pour l'analyse de ce modèle que les classes de priorités ont été ajoutées au logiciel GINsim [5]. Ces travaux se font dans le cadre du projet européen DIAMONDS.

L'équipe s'est penchée sur le contrôle de la différenciation, la maturation et l'activation des lignées lymphocytaires T (ACI IMPBio LumImDynNet). En collaboration avec L. Mendoza (Serono, Genève), nous avons analysé le modèle logique du réseau à l'origine de la différenciation des lymphocytes T auxiliaires [11, 12].

Avec L. Sánchez du CIB (Centro de Investigaciones Biológicas, Madrid), et dans la continuité des travaux antérieurs (modules *gap* et *pair-rule*), nous avons modélisé et analysé le module de polarité segmentaire de la drosophile [1].

- Septembre 2006 à ce jour : ESIL, Université de la Méditerranée et TAGC (Technologies

Avancées pour le Génome et la Clinique, Unité INSERM U928).

Je coordonne le développement de GINsim qui intègre, à ce jour, la détermination des états stables et l'analyse des circuits de régulation, ainsi qu'une interface pour la définition de formules logiques. Un ingénieur a été récemment recruté dans l'équipe pour travailler sur ce logiciel.

Sur la thématique des réseaux de Petri, après avoir formalisé (en CTL) les propriétés qui nous intéressent, j'étudie les potentialités des outils de *model-checking* disponibles pour les réseaux de Petri. Pour ces questions, j'ai entamé une collaboration avec Monika Heiner (BTU, Université de Technologie du Brandenburg, Cottbus, Allemagne).

Avec Aurélien Naldi, aujourd'hui doctorant, nous poursuivons l'étude de la fonctionnalité des circuits de régulation. S'appuyant sur la représentation des règles logiques en diagrammes de décision, nous avons développé une méthode pour déterminer analytiquement les états stables d'un réseau ainsi qu'une analyse du contexte de fonctionnalité des circuits de régulation [10]. Par ailleurs, le sujet d'Aurélien porte sur la modélisation du contrôle de l'activation et de la différenciation lymphocytaire.

Adrien Fauré, dans le cadre de sa thèse, travaille à une modélisation intégrée de différents modules du contrôle de la mitose chez la levure (transition G1/S, sortie de la mitose, points de contrôle). Son modèle comporte actuellement une vingtaine de composants. Sa complexité requiert des outils adaptés facilitant la paramétrisation du modèle (formules logiques simplifiées) et l'analyse de ses propriétés (utilisation du *model-checking*).

Encadrements

En cours

- Doctorat d'Aurélien Naldi, Université de la Méditerranée. Dans le prolongement de son Master, Aurélien a commencé sa thèse en septembre 2006. Son sujet porte sur la modélisation de la différenciation et l'activation lymphocytaire. En complément de cette application biologique, Aurélien continue son travail sur des aspects formels permettant une analyse efficace des graphes de transitions d'états (co-encadrement avec D. Thieffry).
- Doctorat d'Adrien Fauré, Université de la Méditerranée, co-tutelle avec l'Université de Turin. Adrien a intégré l'équipe en septembre 2005, et travaille sur la modélisation du cycle cellulaire eucaryote (co-encadrement avec D. Thieffry et A. Ciliberto de l'IFOM, Milan).

Conclus

- Doctorat d'Eugênio Simão, Université Fédérale de Santa Catarina (UFCS, Brésil). E. Simão a séjourné un an dans l'équipe de septembre 2005 à juillet 2006 (co-encadrement avec L.M. Porto et D. Thieffry).

Titre : *Redes de Regulação Gênica : Um Modelo Integrado da Regulação do Metabolismo do Triptofano em Escherichia coli sob o Formalismo de Redes de Petri* (Réseaux de régulation génique : un modèle intégré de la régulation du métabolisme du tryptophane chez E. Coli en réseaux de Petri). Thèse soutenue le 15 décembre 2006 à l'UFSC (Brésil).

- Master recherche d'Aurélien Naldi (Bioinformatique, Biochimie Structurale et Génomique,

BBSG, Université de la Méditerranée, février-juin 2006).

Titre : *Modélisation discrète de réseaux biologiques de régulation et application au cycle cellulaire mammifère*. Classé 2^{ème} avec une mention *Bien*, Aurélien a obtenu une bourse de l'école doctorale.

- Doctorat de Aitor González, Université de la Méditerranée, dans l'équipe de septembre 2002 à juin 2006 (co-encadrement avec D. Thieffry).

Titre : *Modélisation et analyse logique d'un réseau de régulation impliqué dans la mise en place d'une frontière développementale*. Thèse soutenue le 19 juin 2006 à Marseille.

- DEA de Marie-Christine Valet (BBSG, Université de la Méditerranée, février-juin 2002. Co-encadrement avec D. Thieffry).

Titre : *Modélisation dynamique du réseau contrôlant les cycles cellulaires syncytiaux chez la drosophile*.

Présentations

Exposés invités

Qualitative modelling and analysis of regulatory networks : application to the Drosophila segment-polarity module. Insituto Gulbenkian de Ciência (IGC, Portugal, 24 janvier 2008).

Qualitative modelling and analysis of regulatory networks illustrated by the differentiation control in Th cells. Encontro da Arrábida, Complexity in Life Sciences, Instituto de Ciências da Complexidade (ICC) (Portugal, 2-4 juillet 2007).

Modélisation qualitative de réseaux biologiques, approche logique et réseaux de Petri. Séminaire LACL (Laboratoire d'Algorithmique, Complexité et Logique, Paris XII, 7 mai 2007).

Modélisation, simulation et analyse qualitatives de réseaux d'interactions, application au cycle cellulaire mammifère. 2^{ème} Journée de Biologie Systémique, Université de Paris Des-cartes (25 avril 2007).

Modélisation dynamique des réseaux de régulation, application à la différenciation des lymphocytes T. Séminaire TIMC-IMAG (Laboratoire Techniques de l'Ingénierie Médicale et de la Complexité - Informatique, Mathématiques et Applications de Grenoble, 8 mars 07).

Modélisation dynamique des réseaux de régulation - Application à un modèle de la segmentation chez la Drosophile. Journées VicAnne, IRISA (Rennes, 1-2 février 2007).

Petri nets for the qualitative modelling of biological networks. Colloque Bio-informatique, SMBI (Société Marocaine de Bio-Informatique) et l'ENSAT, Ecole Nationale des Sciences Appliquées de Tanger, (Maroc, 20-24 novembre 2006).

Dynamical analysis of a generic Boolean model of the control of the mammalian cell cycle. Workshop "Bioinformatics and modeling in biomedecine : From genes to biological systems" organisé par le Centre de Recherche Public-Santé et le Fonds National de la Recherche (Luxembourg, 27 octobre 2006).

Petri net modelling of biological networks. Geometry of Computation (Geocal'06), atelier

“Dynamics and structure of biological networks”, CIRM (Marseille, 14 février 2006).

Qualitative modelling of regulated metabolic pathways : application to the tryptophan biosynthesis in E.Coli. Séminaire UECE (Université d’Etat du Ceará, Brésil, juillet 2006).

Réseaux de Petri stochastiques. Journées VicAnne ”Aspects stochastiques de la modélisation des réseaux de régulation”, organisées à l’INLN, (Institut Non Linéaire de Nice, Sophia-Antipolis, 20 janvier 2005).

Modélisation dynamique qualitative des réseaux de régulation génétique : de la modélisation logique aux réseaux de Petri. Séminaire au LIF (Laboratoire d’Informatique Fondamentale de Marseille, décembre 2004).

Qualitative Dynamical Modelling, Analysis and Simulation of Gene Interaction Networks. Rencontres ”Dynamical modelling analysis and simulation of biological regulatory networks”, CIC (Centro Internacional de Ciencias, Cuernavaca, Mexique, juillet 2003).

Autres présentations

GINsim : a software for the qualitative modelling, analysis and simulation of genetic regulatory networks Démonstration du logiciel à ISMB’06 (Int. Conf. on Intelligent Systems for Molecular Biology, Fortaleza, Brésil, août 2006).

Qualitative Modeling of Regulated Metabolic Pathways : Application to the Tryptophan Biosynthesis in E. coli. ECCB’05 (European Conference on Computational Biology, Madrid, octobre 2005) [7].

Modelling of genetic regulatory networks. Tutoriel avec D. Thieffry, H. de Jong, D. Ropers, M. Covert, A.-P. Zeng. ICSB’04 (5th Int Conf on Systems Biology, Heidelberg, octobre 2004),

Qualitative Modelling, Analysis and Simulation of Genetic Regulatory Networks. Satellite meeting, JOBIM’04 (Montréal, Canada, juillet 2004).

A Petri net formalism for multi-valued logical regulatory graphs. CompBioNets’04 (”Algorithms and Computational Methods for Biochemical and Evolutionary Networks”, Récife, Brésil, décembre 2004) [22].

Qualitative Modelling of Genetic Networks : From Logical Regulatory Graphs to Standard Petri Nets. ICATPN (25th Int Conf on Application and Theory of Petri Nets, Bologne, juin 2004) [13].

Qualitative analysis of regulatory graphs : a computational tool based on a discrete formal framework. POSTA’03 (Positive systems : Theory and Applications, Rome, août 2003) [14].

GINsim : a Software Module for the Qualitative Dynamical Analysis, Modelling and Simulation of Gene Interaction Networks.. BioMedSim (3rd Conference on Modeling and Simulation in Biology, Medicine and Biomedical Engineering, Tripoli, Liban, mai 2003) [23].

Towards a Standard for Regulatory Graphs. 6th Workshop on Software Platforms for Systems Biology - SBML (Stockholm, Suède, décembre 2002).

Publications

Articles de revues scientifiques internationales

- [1] L. Sánchez, C. Chaouiya, and D. Thieffry. Segmenting the fly embryo : a logical analysis of the segment polarity cross-regulatory module. *Int. J. Dev. Biol.*, *accepté*.
- [2] C. Chaouiya (2007). Petri net modelling of biological networks. *Briefings in Bioinformatics*, **8**(4):210-219.
- [3] C. Chaouiya, E. Remy, D. Thieffry (*sous presse*). Petri Net Modelling of Biological Regulatory Networks. *Journal of Discrete Algorithms*.
- [4] A. González, C. Chaouiya, D. Thieffry (2006). Dynamical analysis of the regulatory network defining the dorsal-ventral boundary of the wing imaginal disc. *Genetics*, **174**(3):1625-1634.
- [5] A. Fauré, A. Naldi, C. Chaouiya, D. Thieffry (2006). Dynamical analysis of a generic Boolean model for the control of the mammalian cell cycle. *Bioinformatics*, **22**(14):124-131.
- [6] A.G. González, A. Naldi, L. Sánchez, D. Thieffry, C. Chaouiya (2006). GINsim : a software suite for the qualitative modelling, simulation and analysis of regulatory networks. *Biosystems*, **84**(2):91-100.
- [7] E. Simão, E. Remy, D. Thieffry, C. Chaouiya (2005). Qualitative modelling of regulated metabolic pathways : application to the tryptophan biosynthesis in E.Coli. *Bioinformatics*, **21**(2):ii190-ii196.
- [8] E. Remy, B. Mossé, C. Chaouiya, D. Thieffry (2003). A description of dynamical graphs associated to elementary regulatory circuits. *Bioinformatics*, **19**(2): ii172-ii178.
- [9] C. Chaouiya, G. Liberopoulos, Y. Dallery (2000). The extended kanban control system for production coordination of assembly manufacturing systems. *IIE Transactions*, **32**, 999-1012.

Articles de conférences internationales avec comité de lecture
Volumes des *Lecture Notes* de Springer-Verlag

- [10] A. Naldi, D. Thieffry, C. Chaouiya (2007). Decision diagrams for the representation of logical models of regulatory networks. In *CMSB'07*, Lecture Notes In Bioinformatics (LNBI) **4695**:233-247.
- [11] C. Chaouiya, E. Remy, D. Thieffry (2006). Qualitative Petri net modelling of genetic networks. In *CMSB'05*, Lecture Notes In Bioinformatics (LNBI) **4220**:95-112.
- [12] E. Remy, L. Mendoza, D. Thieffry, C. Chaouiya (2006). From Logical Regulatory Graphs to Standard Petri Nets : Dynamic Roles and Functionality of Feedback Circuits. In *BioConcur'04*, Lecture Notes In Bioinformatics (LNBI) **4230**:56-72.
- [13] C. Chaouiya, E. Remy, P. Ruet, D. Thieffry (2004). Qualitative Modelling of Genetic Networks : From Logical Regulatory Graphs to Standard Petri Nets. In *ICATPN'04*, Lecture Notes in Computer Science (LNCS) **3099**:137-156.
- [14] C. Chaouiya, E. Remy, B. Mossé, D. Thieffry (2003). Qualitative analysis of regulatory graphs : a computational tool based on a discrete formal framework. In *Positive Systems'03*, Lecture Notes in Control and Information Sciences (LNCIS) **294**:119-127.

Chapitres de livres

- [15] L. Sánchez, C. Chaouiya, D. Thieffry (2006). From gradients to segments : a logical analysis of the genetic network controlling early Drosophila. In *Bioinformatics of Genome Regulation and Structure, Vol. II*, N. Kolchakov and R. Hofstaedt (eds.), Springer-Kluwer, pp:379-390.
- [16] C. Chaouiya, S. Lefebvre-Barbaroux, A. Jean-Marie (1995). Real Time Scheduling of Periodic Tasks, In *Scheduling Theory and its Applications*, P. Chretienne, E.G. Coffman, J.K. Lenstra, Z. Liu (Eds), J. Wiley, pp:167-191

Autres articles de revues

- [17] C. Chaouiya (2007). Réseaux de Petri et modélisation en biologie moléculaire. *Technique et Science Informatiques*, TSI **26**(1-2):229-236.
- [18] C. Chaouiya, H. de Jong, D. Thieffry (2006). Dynamical modeling of biological regulatory networks. (Editorial) *Biosystems*, **84**(2):77-80.

- [19] H. de Jong, D. Ropers, C. Chaouiya, D. Thieffry (2005). Modélisation, analyse et simulation de réseaux de régulation génique. *BioFutur* **24**(252):36-40.

Articles de conférences avec comité de lecture

- [20] A. Naldi, D. Thieffry, C. Chaouiya (2007) Decision Diagrams for the Representation and Analysis of Logical Models of Genetic Networks. JOBIM'07, Marseille, juillet 2007.
- [21] A. Fauré, A. Naldi, C. Chaouiya, D. Thieffry (2006). Dynamical analysis of a generic Boolean model for the control of the mammalian cell cycle. JOBIM'06, Bordeaux, juillet 2006.
- [22] E. Remy, D. Thieffry, C. Chaouiya (2004). A Petri Net Formalism for Multi-valued Logical Regulatory Graphs. CompBioNets'04, Algorithms and Computational Methods for Biochemical and Evolutionary Networks, Récife, Brésil, décembre 2004.
- [23] C. Chaouiya, A.G. González, D. Thieffry (2003). GIN-sim : a Software Module for the Qualitative Dynamical Analysis, Modelling and Simulation of Gene Interaction Networks. 3rd BioMedSim'03, Tripoli, Liban, mai 2003.
- [24] C. Chaouiya, C. Sabatier, C. Verheecke-Mauzé, B. Jacq, D. Thieffry (2002). GIN-tools : Vers une suite logicielle pour l'intégration, l'analyse, et la simulation des réseaux génétiques. JOBIM'02, Saint-Malo, juin 2002.
- [25] C. Chaouiya, Y. Dallery (2000). Throughput Comparisons Concerning Discrete and Continuous Fork Join Queuing Networks with Finite Buffers. 4th Int. Workshop On Queueing Networks With Finite Capacity (QNETs), Ilkley, West Yorkshire, UK, juillet 2000.
- [26] C. Chaouiya, Y. Dallery (1997). Petri Net Models of Pull Control Systems for Assembly Manufacturing Systems, Int. Workshop on Manufacturing and Petri Nets, ICATPN'97, Toulouse, juin 1997.
- [27] C. Chaouiya, G. Liberopoulos, Y. Dallery (1997). Extended Kanban Control Systems for Assembly Manufacturing Systems, Int. Conf. on Industrial Engineering and Production Management IEPM'97, Lyon, octobre 1997.
- [28] C. Chaouiya, A. Jean-Marie (1993). Calculating Bounds for Delay in Communication Networks Under Real Time Constraints, Vth Brazilian Symposium on Computer Architectures, SBAC-PAD, Florianópolis, Brésil, octobre 1993.

Thèses

- [29] C. Chaouiya (2007). Modélisation et analyse qualitatives de réseaux biologiques. Thèse d'Habilitation à Diriger des Recherches (HDR), Université Joseph Fourier, Grenoble.
- [30] C. Chaouiya (1992). Outils pour la validation de contraintes de synchronisation dans les systèmes distribués. Thèse de doctorat, Université de Nice Sophia Antipolis.

Article soumis

- [31] A. González, C. Chaouiya, D. Thieffry (*soumis*). Logic-based modelling of Hedgehog signalling during the anterior-posterior boundary formation in the wing imaginal disc of *Drosophila melanogaster*.