

TD n° 1 : Liens modélisation discrète - équations différentielles.

Exercice 1 : (Le cas particulier du 1D)

Est-il possible de créer, dans le cadre de la modélisation discrète de R. Thomas, un modèle discret avec un seul gène dont la dynamique présente une oscillation ?

Est-il compatible avec un modèle différentiel linéaire par morceau représentant lui aussi une oscillation ?

Exercice 2 : (Trajectoires cycliques en 2D)

On considère un système à 2 gènes ayant éventuellement le même taux de dégradation.

1. Est-il possible de créer un comportement cyclique dans un modèle linéaire par morceau ? Si oui, en construire un, si non justifier la réponse.
2. Considérons maintenant le système composé des 2 interactions suivantes : $x \xrightarrow{1,+} y$ et $y \xrightarrow{1,-} x$. Supposons de plus que pour ce système, une trajectoire cyclique existe. Que se passe-t-il à l'intérieur du cycle ? S'agit-il d'une spirale convergente, divergente, ou d'un ensemble de trajectoires cycliques ? Autrement dit, est-ce que les trajectoires partant d'un point à l'intérieur du cycle converge vers la trajectoire cyclique ?
3. Même question (2) pour les trajectoires partant d'un point extérieur de la trajectoire cyclique.
4. On va maintenant appeler Φ_{00} , Φ_{01} , Φ_{10} , et Φ_{11} , les points d'équilibre des domaines définis par les indices. Montrez que Φ_{00} et Φ_{01} ont même ordonnée. Montrez qu'il en est de même pour Φ_{10} et Φ_{11} . Montrez ensuite que Φ_{11} et Φ_{01} (rep. Φ_{00} et Φ_{10}) ont même abscisse.
5. Peut-on trouver des points focaux qui satisfont ces contraintes ? A-t-on une trajectoire cyclique ?
6. La trajectoire cyclique qu'on a construite n'est donc pas associée au graphe d'interactions simple entre deux variables qui ne contient qu'une seule boucle de rétro-action négative. Comment modifier le graphe d'interactions pour que le cycle attractif construit ci-dessus soit cohérent avec le graphe d'interactions ?

Exercice 3 : (Contraintes)

Dans l'approche générale de modélisation d'un réseau génétique, on peut être amené à construire un modèle discret du système avant de passer à une modélisation différentielle. L'avantage peut être de pouvoir utiliser des outils de la logique pour déjà avoir quelques idées des valeurs des paramétrages possibles.

On se focalise sur le réseau de régulation entre 2 gènes a et b , dont les interactions sont : $a \xrightarrow{2,+} b$, $a \xrightarrow{1,+} a$ et $b \xrightarrow{1,-} a$. Supposons que le travail de modélisation nous ait amené à nous focaliser sur un modèle particulier :

- $K_{a,\{a\}} = 0$, $K_{a,\{b\}} = 1$, $K_{a,\{ab\}} = 2$,
- $K_{b,\{a\}} = 1$, $K_{b,\{b\}} = 0$,

1. Construire la dynamique discrète (le graphe d'états).
2. Déterminer les états singuliers stationnaires.
3. En considérant les seuils θ_{aa} , θ_{ab} , et θ_{ba} (dans l'espace des concentrations), quelles sont les contraintes que l'on peut déduire sur les paramètres du système différentiel linéaire par morceau sous-jacent ?

Exercice 4 : (Dénombrement)

En reprenant le réseau d'interactions de l'exercice précédent :

1. Combien de paramétrisations sont possibles ?
2. Si on rajoute les contraintes de Snoussi, peut-on déterminer le nombre de paramétrisations possibles ?
3. Montrer sur cet exemple que deux paramétrisations peuvent mener à la même dynamique.
4. Peut-on calculer le nombre de dynamiques différentes possibles (sans tenir compte des contraintes de Snoussi) ?