

Proceedings of the Dieppe spring school on

# Modelling and simulation of biological processes in the context of genomics

With the support of  
Genopole®

May 12<sup>th</sup> to 16<sup>th</sup> 2003

Edited by:  
Patrick Amar, François Képès,  
Victor Norris, Philippe Tracqui



# Modélisation de la voie des MAPK par un graphe d'inférences flou pour les simulations multi-agents

Gabriel Querrec, Vincent Rodin, Jean-François Abgrall, Jacques Tisseau

Laboratoire d'ingénierie informatique, Technopôle Brest-Iroise, BP 30815, F-29608 Brest cedex , France  
e-mail : gabriel.querrec@enib.fr

## **Résumé**

La recherche médicale est grande pourvoyeuse de données. La modélisation et la simulation informatique sont alors devenues des outils indispensables pour comprendre ces phénomènes et pour aider les biologistes à orienter leurs recherches. Nous développons des modèles multi-agents de cellules pour les biologistes. Cependant, les agent-cellules doivent avoir un comportement cohérent. Nous proposons ici l'utilisation d'un graphe d'inférences flou pour la modélisation et la simulation des réseaux biochimiques régulant le comportement cellulaire. Dans cette étude, nous avons simulé deux modèles de la voie des MAPK dont un modèle impliquant une rétro-action négative et un comportement cyclique. Le comportement de cette voie varie d'une cellule à l'autre mais reste cohérent. Par contre, la simulation à grande échelle montre que les comportements globaux de ces modèles se rapprochent de ceux obtenus par équations différentielles. Par conséquent, cette méthodologie semble être appropriée pour donner à nos agent-cellules, un comportement basé sur les réseaux biochimiques de régulation intracellulaires.