

# Calcul de bases creuses dans un contexte biologique

François Lemaire, **Alexandre Temperville**

Équipe Calcul Formel, LIFL, Université Lille 1

francois.lemaire@univ-lille1.fr, a.temperville@ed.univ-lille1.fr

Dans un modèle biologique régi par un système de réactions entre plusieurs espèces, une loi de conservation est une combinaison linéaire constante dans le temps de concentration d'espèces. Le calcul d'une base de lois de conservations revient à calculer une base d'un noyau de matrice.

Il n'y a pas unicité de la base, cependant un utilisateur pourra en préférer une à d'autres, selon ses propres critères. Dans ce contexte biologique, certaines bases sont plus intéressantes que d'autres. Favoriser les bases creuses avec le plus de coefficients positifs semblent être de bons critères. Cependant, combiner ces deux critères n'est pas toujours possible. Nous nous intéresserons ici à calculer une base la plus creuse possible, dans le sens où elle contient le moins de coefficients non-nuls possible. Le problème des coefficients positifs n'est pas traité pour l'instant.

Nous avons développé dans [1] un algorithme glouton qui permet de rechercher une telle base. À chaque étape, l'algorithme améliore un vecteur de la base (par des combinaisons linéaires) jusqu'à obtenir une base la plus creuse possible.

Des temps de calculs effectués sur la base de données BioModels [2] seront présentés.

## Bibliographie

- [1] FRANÇOIS LEMAIRE AND ALEXANDRE TEMPERVILLE, *On Defining and Computing "Good" Conservation Laws*, P. Mendes et al. (Eds.) : CMSB 2014, LNBI 8859, 2014.
- [2] BIOMODELS DATABASE, <http://www.ebi.ac.uk/biomodels-main/publmodels>, Online ; accessed June 16th, 2014.