

## JOBIM 2004 - Mini-symposium

*Vers des analyses de modèles de biologie systémique computationnelle accessibles et reproductibles.*

Organisé par

Loïc Paulevé (CNRS, LaBRI, Bordeaux)

Denis Thieffry (Ecole Normale Supérieure, Paris)

Comme pour les études expérimentales, un grand nombre d'études de biologie computationnelle publiées sont difficilement reproductibles, pour diverses raisons : absence de version lisible par ordinateur du modèle publié dans un format standard, incohérences dans les réglages des paramètres, utilisation de logiciels propriétaires, documentation insuffisante des logiciels et versions utilisés, dépendances système énigmatiques, etc.

Au cours de la dernière décennie, dans le domaine de l'analyse des données génomiques, des problèmes de reproductibilité similaires ont été résolus grâce au développement de conteneurs logiciels (par exemple Docker, Singularity) et de blocs-notes électroniques (par exemple R Markdown, Python Jupyter).

Les conférenciers invités à ce mini-symposium passeront en revue et discuteront des efforts récents visant à faciliter la reproductibilité des analyses de modélisation dynamique des réseaux cellulaires. L'utilisation de ces outils en biologie des systèmes est actuellement moins systématique qu'en bioinformatique.

Le mini-symposium portera sur l'exploitation des connaissances de base et des bonnes pratiques de modélisation, en référence à plusieurs outils populaires, tels que la boîte à outils de modélisation logique CoLoMoTo, le logiciel de modélisation biochimique BIOCHAM, ainsi que le logiciel de simulation stochastique booléenne MaBoSS et sa récente extension PhysiBoSS.

Organisé dans le cadre de JOBIM 2024, ce mini-symposium devrait conduire à des échanges fructueux avec la communauté bioinformatique au sens large.

### **Tentative program:**

- 14h:00 Loïc Paulevé (CNRS, LaBRI, Bordeaux):  
*Le CoLoMoTo Notebook : un environnement unifié pour combiner les outils et rédiger des analyses reproductibles de modèles logiques de réseaux biologiques.*
- 14h20: Anna Niarakis (University of Toulouse):  
*Efforts communautaires pour surmonter les obstacles en matière d'exhaustivité, accessibilité, réutilisabilité, interopérabilité et reproductibilité des modèles informatiques en biologie des systèmes.*
- 14h40: Mathieu Hemery (Inria, Saclay):  
*Biocham un langage basé sur des règles pour une utilisation facile... et une réutilisation !*
- 15h00: Laurence Calzone (Institut Curie):  
*Modélisation de l'invasion du cancer avec PhysiBoSS.*
- 15h20: Présentations flash sur les résumés d'affiches sélectionnés.
- 15h30: Discussion globale (table ronde) avec des intervenants invités + Jacques van Helden (IFB).