
Modèles Stochastiques de la Régulation de l'Expression du Gène.

Philippe Robert*¹

¹Inria – L'Institut National de Recherche en Informatique et en Automatique (INRIA) – France

Résumé

La production de protéines est un processus-clé des cellules biologiques consommant plus de 80% des ressources de celles-ci. Le cytoplasme des cellules prokaryotes (bactéries) est un milieu désorganisé, soumis au bruit thermique. Le processus de production y a de ce fait une composante aléatoire importante. Les fluctuations du nombre de copies des protéines sont de première importance, au regard, notamment, de la consommation associée des ressources énergétiques de la cellule. Nous étudions la régulation de ce processus de production avec des modèles probabilistes. Nous nous intéressons précisément à l'efficacité des mécanismes de séquestration dans la phase de transcription de l'expression du gène. Deux régimes sont considérés en fonction du taux de croissance des cellules: phase stationnaire (ressources limitées) ou phase exponentielle pendant laquelle les cellules se divisent toutes les quarante minutes en moyenne. Nos résultats sont formulés en terme de théorèmes limites pour lesquels le paramètre de scaling est le nombre d'agents (polymérases) en charge de la transcription. Travail en commun avec Vincent Fromion (INRAE) et Jana Zaherddine (INRAE et INRIA).

*Intervenant