

Dynamique stochastique de réseaux de gènes

Le projet de recherche concerne l'étude fine des processus stochastiques ponctuels et leurs applications dans le cadre du projet MathResoGen retenu par l'ACI IMPBio du ministère de la recherche, qui s'intéresse à la modélisation stochastique des réseaux géniques et métaboliques.

La modélisation usuelle des réseaux de gènes ou du métabolisme utilise une technique d'homogénéisation pour se ramener à des processus continus et gaussiens ou, le plus souvent, à des trajectoires déterministes. Cependant, une modélisation à petite échelle est parfois plus appropriée, ce qui fait apparaître des ruptures ou des sauts, notamment en présence de phénomènes d'intermittence ou lorsque la description locale met en évidence des propriétés structurelles spécifiques. Peu de modèles basés sur des variables ou fonctions aléatoires sont disponibles, et parmi eux aucun ne tient compte de phénomènes de sauts à petite échelle qui disparaissent à grande échelle. Il est donc important d'étudier les propriétés des modèles stochastiques basés sur des processus ponctuels tels que les processus de Markov à sauts, de diffusion avec sauts.

D'autre part, la dynamique de réseaux de gènes présente une hiérarchie d'échelles de temps qui peut être exploitée dans la réduction des modèles en projetant les trajectoires sur des variétés de dimension inférieure. Il est important de comprendre comment les déviations stochastiques doivent-elles être décrites dans cette réduction.

Les outils mathématiques appropriés n'étant pas assez développés, il est important de consolider les progrès récents. La partie modélisation mathématique de ce projet sera validée à l'aide de simulations et débouchera sur le traitement des données disponibles dans les domaines importants du métabolisme des lipides, de la réponse anti-inflammatoire et du cancer.