

Session : Modèles probabilistes et déterministes par morceaux pour la biologie

Organisée par

Romain Yvinec, INRA Tours

Florent Malrieu, LMPT, Université François-Rabelais de Tours

Résumé. Les récents progrès expérimentaux en biologie moléculaire et cellulaire motivent l'utilisation de modèles probabilistes de type non diffusif (chaîne de Markov en temps continu, hybride déterministe/stochastique). Une grande classe de processus, introduite dans la littérature par [4], fait intervenir des mouvements déterministes (type EDO) interrompus par des sauts aléatoires. Ces processus sont parfois très simples à définir mais posent de nombreuses questions théoriques intéressantes [3]. Au cours de cette session, nous verrons une revue de résultats récents sur les processus de Markov déterministes par morceaux, des limites d'échelles associées à ces processus, et deux applications en biologie moléculaire et en dynamique des populations.

1 – Quelques PDMP pour la biologie

Bertrand Cloez, Inra Mistea Montpellier

Un processus de Markov déterministe par morceaux (PDMP en anglais) est un processus évoluant selon une dynamique déterministe entre des sauts aléatoires. Après avoir rapidement rappelé la définition et les propriétés élémentaires de ces processus, nous ferons un panorama de quelques applications en biologie (division cellulaire, dynamique de population, neuroscience...). Des questions de comportement en temps long (convergence, extinction...) et de passage à l'échelle (liens EDP/EDO) seront abordées.

2 – Stochastic models of protein production with cell division and gene replication

Renaud Dessalles, INRA Unité MaIAGE - INRIA Paris

Protein production is the fundamental process by which the genetic information of a biological cell is synthesised into a functional product, the proteins. For prokaryotic cells (like bacteria), this is a highly stochastic process and results from the realisation of a very large number of elementary stochastic processes of different nature. This talk confronts experimental measures of protein production with classical stochastic models of gene expression (like those of Rigney and Schieve (1977) and Berg (1978)); it shows that these models cannot properly explain experimental measures of protein variance, especially for highly expressed proteins. We propose extended versions of these classical models, that take into account other possible sources of variability such as the effect of cell division or gene replication on the number of proteins. Mathematical analysis of these models are presented as well as their biological interpretation with respect to experimental measures.

Joint work with Vincent Fromion (INRA Unité MaIAGE) and Philippe Robert (INRIA Paris).

3 – Échantillonnage dans une population structurée branchante

Aline Marguet, CMAP, École Polytechnique

On s'intéresse à l'évolution d'une population de cellules. Chaque individu dans la population est caractérisé par un trait (son âge, sa taille, le nombre de parasites, ...) qui évolue au cours du temps et qui détermine la dynamique de la cellule (sa durée de vie, son nombre de descendants, ...). Lorsqu'on échantillonne un individu uniformément au temps t , on cherche à connaître son trait et l'histoire de son trait le long de sa lignée ancestrale. Dans le prolongement des travaux [1] et [2], nous introduisons un processus auxiliaire qui permet de caractériser l'évolution du trait d'un individu typique. Ce processus auxiliaire apparaît dans une formule dite "Many-To-One" permettant de séparer la dynamique de l'ensemble de la population en deux phénomènes : le développement de la population en terme de nombre d'individus et l'évolution du trait des individus.

4 – Méthode de pénalisation et moyennisation pour des processus markovien déterministes par morceaux

Alexandre Genadot, Institut de Mathématiques de Bordeaux, Inria Bordeaux-Sud-Ouest

Considérons un processus markovien déterministe par morceaux, avec frontière, dont la composante modale est d'évolution plus rapide que la composante euclidienne. Supposons que l'on caricature ce fait en accélérant infiniment la dynamique du mode... que devient alors la composante euclidienne ? Peut-on décrire, à la limite, son comportement ? Que se passe-t-il à la frontière ? Nous verrons comment aborder ces questions en s'appuyant sur une méthode de pénalisation.

Références

- [1] BANSAYE, V. AND DELMAS, J.-F. AND MARSALLE, L. AND TRAN, V. C., *Limit theorems for Markov processes indexed by continuous time Galton-Watson trees*, The Annals of Applied Probability, p. 2263–2314, 2011..
- [2] CLOEZ, B., *Limit theorems for some branching measure-valued processes*, arXiv preprint arXiv :1106.0660, 2011..
- [3] MALRIEU, F., *Some simple but challenging Markov processes*, Ann. Fac. Sci. Toulouse Math. (6) vol. 24(4), 857–883 2015..
- [4] DAVIS, M. H. A., *Piecewise-deterministic Markov processes : a general class of nondiffusion stochastic models*, J. Roy. Statist. Soc. Ser. B 46, no. 3, 353–388, With discussion. MR MR790622 (87g :60062), 1984..