

Modeling of the nuclear organization, telomere clustering and to the genetic expression regulation.

Date : 03/04/2009

Laboratory
Modeling cellular Biology
Dept. Biology
46 rue d'Ulm
75005 Paris
Unit Director : Triller

PhD Supervisor
David Holcman
email : holcman@biologie.ens.fr
phone : +33 144323661

Subjects / Tools-Methodologies:

- 1 :cluster of telomeres / modeling and experiments
- 2 :motion of random objects / modeling and simulation
- 3 :applied mathematics / partial differential equations

Summary of lab's interests

The main interest of our group is to study the function of cellular microstructures in cellular biology and to develop related modeling tools. Our goal is to identify principles underlying cellular and network function in normal and pathological conditions. For that purpose, in collaboration with experimental groups, we aim to answer basic questions in cellular biology such as what defines trafficking in cells, how cells respond to stimuli, what makes virus particles optimal. We are currently working on the nucleus organization, cytoplasmic viral trafficking and synapses.

Summary of project

L'organisation du noyau des cellules eucaryotes est encore mal connue. En particulier, les extrémités des chromosomes, les télomères sont essentielles à la stabilité de la transmission de l'information génétique; ils sont impliqués dans la répression des gènes pendant la transcription et leur raccourcissement est souvent lié au vieillissement et à certains cancers. Les télomères de la levure (*S. Cerevisiae*), au nombre de 32 peuvent s'agréger au cours de la division cellulaire. La formation et l'organisation de ces clusters est une question centrale car ils conditionnent l'expression génétique. Des études expérimentales ont déjà permis de quantifier la dynamique de formation des clusters, le nombre de télomères qui les forment, ainsi que leurs positions dans le noyau. Utilisant ces données expérimentales et en collaboration avec l'Institut Curie (UMR 218, A. Taddéi), nous proposons d'analyser ces données et de modéliser l'agrégation des télomères. Dans une première approche les télomères seront considérés comme des particules browniennes confinées dans un domaine compact (le noyau) et pouvant interagir. Dans un deuxième temps, nous proposons de modéliser et de simuler les chromosomes comme des polymères. Ce sujet ouvre de nouvelles perspectives mathématiques, dans la modélisation des interactions de particules. Nous utiliserons des simulations browniennes, des équations de Markov et des équations aux dérivées partielles.