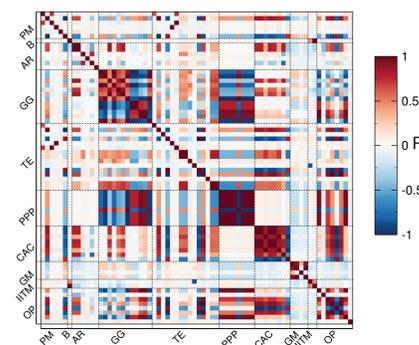
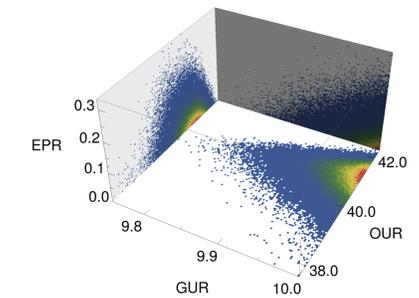
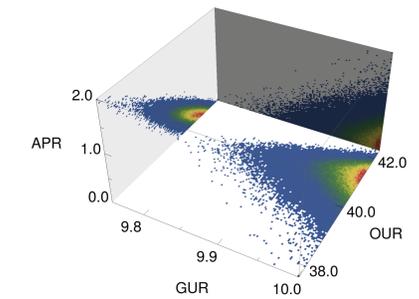
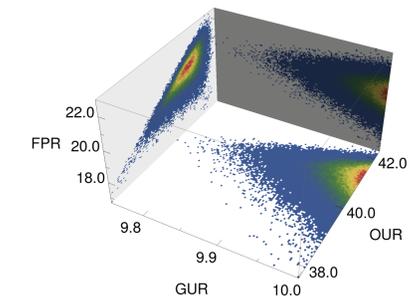


caractérisation de V



Résumé

Le contexte

La semi automation des techniques de séquençage à haut-débit permet aujourd'hui d'obtenir des reconstructions métaboliques toujours plus précises. Idéalement, on voudrait exploiter ces reconstructions pour simuler le métabolisme : en cette manière, ça serait possible de mieux comprendre comment certaines pathologies affectent le fonctionnement du métabolisme, ou comment modifier le métabolisme microbien pour obtenir la production d'un donné composé chimique.

Le problème

Malheureusement, l'étude des équations de bilan de masse pour les reconstructions à l'échelle du génome est aujourd'hui encore prohibitive. Pour simplifier le problème, on assume généralement que le métabolisme fonctionne à un état stationnaire hors-équilibre. Mais aussi dans ce-cas-ci, il reste une multitude de phénotypes compatibles avec un système donné d'équations de bilan de masse stationnaire. Normalement, ces phénotypes sont difficiles à caractériser.

Notre contribution

Nous proposons un nouveau système pour échantillonner l'espace des phénotypes possibles à l'état stationnaire. Non seulement notre méthode est plus rapide de celles publiées (jusqu'à présent) dans la littérature, mais elle nous permet aussi de comprendre comment les différentes réactions sont corrélées, comment et pourquoi l'absorption de certains nutriments conduit à la production de certains métabolites et de voir comment une perturbation (p.e. une maladie) affecte le métabolisme.