ID de Contribution: **38** Type: **Non spécifié**

Caractérisation des phénotypes dans l'espace de flux du métabolisme microbien

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, par exemple, de mieux comprendre comment certaines pathologies affectent le fonctionnement du métabolisme.

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 a 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.

Nous proposons un nouveau système pour échantillonner l'espace des phénotypes possibles à l'état stationnaire: notre méthode (qui est, notablement, plus rapide que plusieurs algorithmes publiés dans la littérature), nous permet 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.

Güell *et al.*, Mapping high-growth phenotypes in the flux space of microbial metabolism, *J. R. Soc. Interface*, **12**, 20150543 (2015)

Author: Dr MASSUCCI, Francesco Alessandro (Universitat de Barcelona)

Orateur: Dr MASSUCCI, Francesco Alessandro (Universitat de Barcelona)