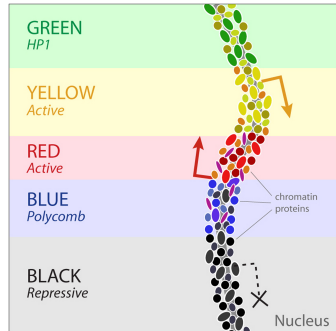
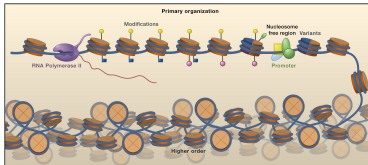
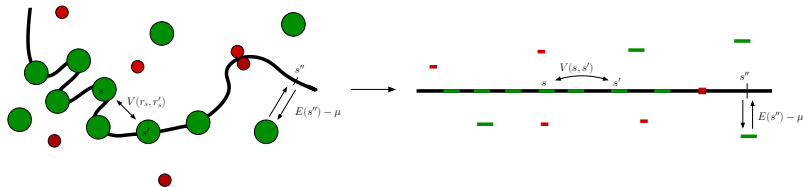


Modélisation biophysique de la chromatine

C. Vaillant, B. Audit, F. Argoul & A. Arneodo
Laboratoire de Physique - ENS de Lyon



Ce qu'on peut faire : Modèle de fibre de 11 nm (Structure primaire)

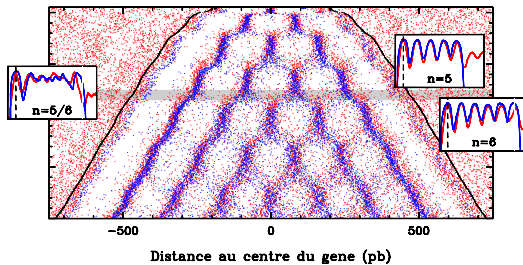
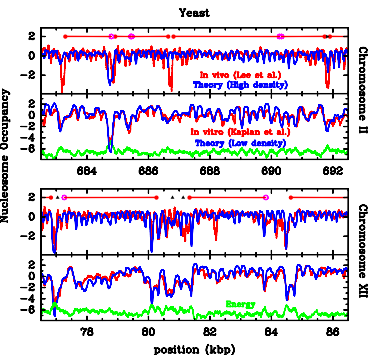


chromatine = fluide unidimensionnel non uniforme

- ▶ “Mélange” : nucleosomes, facteurs de transcriptions, insulateurs...
- ▶ Dynamique : adsorption, desorption, diffusion.
- ▶ Energies potentielles d’adsorption : non-uniforme = $E(s, t)$ vs génome & épigénome.
- ▶ Potentiels chimiques uniforme μ .
- ▶ Interactions : volume exclu, attractions.

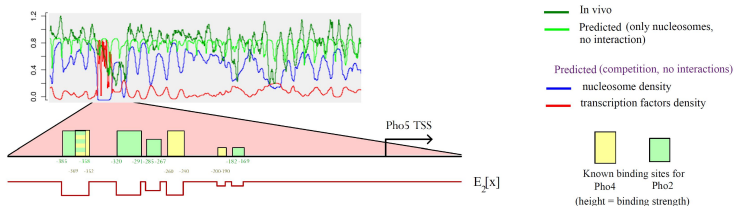
Modèle de base

- ▶ nucleosome, volume exclu $l = 146pb$.
- ▶ $E(s) = E_{nuc}(s) + E_{ext}(s)$
- ▶ $E_{nuc}(s)$: séquence génomique = modèle élastique inhomogène.
- ▶ E_{ext} : effets des FT, insulateurs = “barrières verticales”
- ▶ Equilibre thermodynamique (kT).

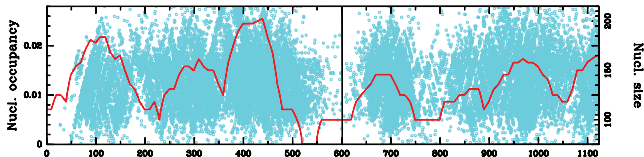


Modèle étendu

- Compétition nucléosomes, FT, insulateurs...

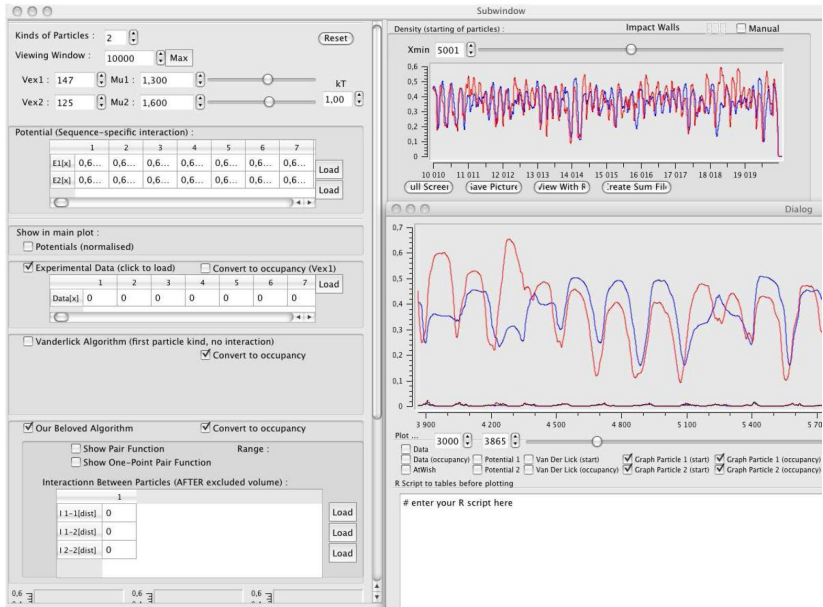


- Taille l variable : contrôlée par séquence, variants, fixation de FT.



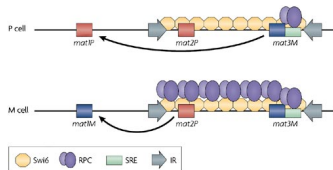
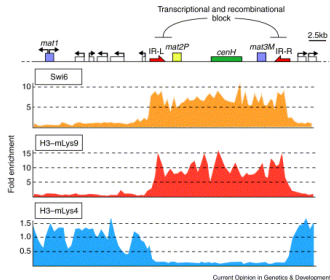
- Attraction courte portée : contrôlée par hist. modif., remodelleurs, pontage protéique.

et son logiciel d'utilisation “amicale”



Projet : modèle d'heterochromatine

Système : locus Mat, *S. pombe*



A développer :

- ▶ Modèle d'association/dissociation HP1 : pot. E_{HP1} vs $H3K9me1,2,3$
- ▶ Modèle dynamique : initiation, propagation et maintien
- ▶ Modèle réplication.
- ▶ Modèle spatial : effet de boucles, de colocalisation 3D.

Ce qu'on attend du GdR

Collaboration avec Equipes Th. et Exp. :

- ▶ $E_{nuc}(s)$ vs génome & epigénome : méthylation ADN, variants.
- ▶ Profils expérimentaux *in vivo* et *in vitro* d'hétérochromatine (dynamique)
- ▶ Exp. Molécules uniques : mesure de variabilité.
- ▶ Modèle 3D de chromatines.

