

Andrzej Tomski
Uniwersytet Jagielloński

**OD RÓWNAŃ FOKKERA-PLANCKA DO
ALTERNATYWY FOGUELA, CZYLI SŁOWO O
STOCHASTYCZNEJ EKSPRESJI GENÓW**

Poznanie mechanizmów stojących za ekspresją genów w organizmach eukariotycznych, rozumianą jako wszystkie transformacje, które przechodzi gen od momentu swojej aktywacji, przede wszystkim procesów translacji i transkrypcji, jest kluczem do zrozumienia działania naszego organizmu, a przede wszystkim odpowiedzi na pytanie o naturę procesów chorobowych. O ile badanie dynamiki przyrostu molekuł mRNA czy protein prowadzi do układów równań różniczkowych, których stopień komplikacji zależy od złożoności biologicznego łańcucha przemian, to należy także wprowadzić czynniki stochastyczne, gdyż niektóre procesy mogą zachodzić losowo, co potwierdza się empirycznie. Referat będzie poświęcony szczególnej klasie takich procesów - kawałkami deterministycznych procesów Markowa. Zostaną przypomniane pojęcia związane z semigrupami Markowa i metodami badania ich asymptotycznej stabilności (twierdzenie Lasoty-Yorke'a, półgrupy częściowo całkowite) oraz generowania nowych semigrup (twierdzenie perturbacyjne). Wprowadzając gęstości rozważanego procesu dochodzimy do równań Fokkera-Plancka, znanych z fizyki i mechaniki teoretycznej. Odniesiemy się do zgodności między numerycznymi obliczeniami, a asymptotyczną stabilnością semigrupy generowanej przez te równania. Mimo, że mamy do czynienia z układami liniowych równań różniczkowych i proces przyjmuje tylko skończoną liczbę wartości, to już wprowadzenie dodatkowego, trzeciego równania, które z powodów biologicznych ma swoje uzasadnienie, czyni problem bardzo skomplikowanym zagadnieniem ze względów geometrycznych. Jest to jednak ciekawy temat do badania w przyszłości.

Bibliografia

- [1] A. Bobrowski, T.Lipniacki, K.Pichór, R.Rudnicki, *Asymptotic behavior of distributions of mRNA and protein levels in a model of stochastic gene expression*, J.Math.Anal.Appl.333 (2007) 753-769
- [2] A.Brasier, M.Kimmel, T.Lipniacki, A.Marciniak-Czochra, P.Paszek *Transcriptional stochasticity in gene expression*, Journal of Theoretical Biology 238 (2006) 348-367
- [3] R.Rudnicki, *Dynamika populacyjna*.