

Stochastyczne modele regulacji genów; czy matematyka stosowana jest stosowana ?

Jacek Miękiś

W najprostszym modelu ekspresji genu, na podstawie informacji zawartej w DNA, w procesie transkrypcji produkowane są cząsteczki mRNA, a następnie w procesie translacji cząsteczki białka. Oba procesy mogą być regulowane/autoregulowane. Uwzględnienie regulacji i opóźnień czasowych sprawia, że nie potrafimy uzyskać ścisłych wyrażeń analitycznych opisujących powyższe procesy biochemiczne. Musimy stosować przybliżenia, wykorzystywać różnice w skalach czasowych, małe parametry. Czy w ten sposób oddalamy się od matematyki, ale za to przybliżamy do biologii?

J. Miękiś, IMPAN i MIMUW, WARSZAWA
Adres e-mail: miekisz@mimuw.edu.pl