

Modélisation mathématique de la dynamique des télomères

Marie DOUMIC, Ecole polytechnique et Inria - Palaiseau

Les télomères sont des séquences d'ADN spécifiques situées aux extrémités des chromosomes. Ils agissent comme des capuchons pour les protéger de la dégradation et de la fusion avec d'autres chromosomes, mais lors de la réplication de l'ADN, ils ne sont répliqués que partiellement. En l'absence d'une enzyme particulière, la télomérase, permettant leur rallongement, leur érosion progressive entraîne à terme ce qu'on appelle la *sénescence répllicative*, liée au vieillissement et à la suppression des tumeurs.

Dans cet exposé, je passerai en revue les modèles mathématiques de la dynamique de raccourcissement-rallongement des télomères, par processus de branchement ou par équations intégral-différentielles [1], des résultats récents sur leur comportement asymptotique [3], ainsi que leur comparaison avec des données issues de *Saccharomyces cerevisiae* [2, 4].

- [1] M. Doumic, T. Teixeira, Z. Xu. *Telomere dynamics and length distribution viewed through the mathematical lens*. In progress.
- [2] V. Gavilanes, M. Doumic, Z. Xu. *Mathematical modeling of telomere length distributions informs on telomere dynamics parameters*. In progress.
- [3] J. Olayé, M. Tomašević. *Long-time behaviour of a multidimensional age-dependent branching process with a singular jump kernel modelling telomere shortening*. *Electronic Journal of Probability*, **31**, 1–97, 2026.
- [4] A. Rat, V. Martinez Fernandez, M. Doumic, M. T. Teixeira, Z. Xu. *Mathematical model linking telomeres to senescence in saccharomyces cerevisiae reveals cell lineage versus population dynamics*. *Nature Communications*, **16(1)**, 1024, 2025.