

Modélisation de la dynamique des membranes à courbure variable sous l'effet des fluctuations thermiques.

Mohammed Adel DJIBAOUI, LPMC - Amiens

Robert BOUZERAR, LPMC - Amiens

Mohammed GUEDDA, LAMFA - Amiens

Du fait de leur organisation et des fonctions multiples qui leur sont conférées par leur structure complexe, les membranes cellulaires présentent un intérêt à la fois fondamental et applicatif mais leur approche nécessite souvent une approche interdisciplinaire combinant outils mathématiques et physiques et connaissances biologiques. Reflet de cette complexité, l'élucidation de la relation entre leurs structures et leurs fonctions multiples se heurte à des obstacles majeurs. D'origine structurale et fonctionnelle, la complexité des membranes biologiques résulte d'un vaste ensemble d'interactions moléculaires s'exprimant dans les processus biologiques mais aussi de l'exploitation de couplages naturels entre divers mécanismes physico-chimiques.

De nombreux modèles relevant de la Biophysique visent une description mécanique et thermodynamique de ces membranes s'appuyant sur la fameuse fonctionnelle (énergie) de Canham-Helfrich [3, 2], prenant en compte la forme, c'est-à-dire la géométrie et la topologie des membranes et permettant la détermination des configurations d'équilibre des membranes. Du point de vue mécanique, ces membranes présentent les caractéristiques combinées de solides et de fluides (écoulement interne à la membrane comme évoqué dans le vieux modèle de la mosaïque fluide [5]).

L'étude présentée ici concerne un modèle mécanique simple de membranes cellulaires planes ou courbées et permettant de décrire les interactions induites entre protéines incluses dans celle-ci [1]. Basé sur une extension simple de la fonctionnelle de Helfrich, le modèle décrit d'abord la dynamique déterministe des déplacements normaux de membranes élastiques homogènes et isotropes. Le spectre des excitations de basse énergie (ondes de courbure) est discuté dans le cas de membranes de haute symétrie telles les vésicules sphériques ainsi que la forme générale de la compliance de celles-ci. Dans une seconde étape, la théorie générale des fluctuations thermiques [4] de la membrane est présentée ainsi que ses effets sur les interactions résiduelles entre protéines incluses, de nature entropique. La forme du potentiel d'interaction correspondant est calculée numériquement dans le cas de membranes planes. Le rôle potentiel de ces interactions sur l'organisation des protéines au sein de la membrane est discuté. Leurs réorganisations au sein de la membrane pourraient être approchées efficacement comme transitions de phases de la membrane 'habillée' par une analogie intéressante de notre modèle avec le gaz de Coulomb 2D.

- [1] G. Benga, R. P. Holmes. *Interactions between components in biological membranes and their implications for membrane function*. Progress in biophysics and molecular biology, **43(3)**, 195–257, 1984.
- [2] P. B. Canham. *The minimum energy of bending as a possible explanation of the biconcave shape of the human red blood cell*. Journal of theoretical biology, **26(1)**, 61–81, 1970.
- [3] W. Helfrich. *Elastic properties of lipid bilayers : theory and possible experiments*. Zeitschrift für Naturforschung c, **28(11-12)**, 693–703, 1973.
- [4] J. Prost, J.-B. Manneville, R. Bruinsma. *Fluctuation-magnification of non-equilibrium membranes near a wall*. The European Physical Journal B-Condensed Matter and Complex Systems, **1**, 465–480, 1998.
- [5] T. L. Steck. *The organization of proteins in the human red blood cell membrane : a review*. The Journal of cell biology, **62(1)**, 1, 1974.