

Transport cytosquelettique: Modèle stochastique et importance d'éléments topologiques simples

Adélaïde Raguin¹ and Norbert Kern¹ and Andrea Parmeggiani²

¹ Laboratoire Charles Coulomb, CNRS-UMR5587, CC 069, Université Montpellier II, Place Eugène Bataillon, 34095 Montpellier Cedex 5, France

² Laboratoire de Dynamique des Interactions Membranaires Normales et Pathologiques, CNRS-UMR 5235, CC107, Université Montpellier II, Place Eugène Bataillon, 34095 Montpellier Cedex 5, France

Abstract. La problématique des phénomènes complexes de transport connaît récemment un essor particulier motivé par la variété des domaines de recherche dont ils émergent. C'est notamment le cas de la neurobiologie (plus particulièrement l'étude de certaines maladies dégénératives dont Alzheimer) et de l'urbanisation (pour laquelle la gestion de l'ensemble du trafic est cruciale).

Propulsé par les progrès continus des techniques d'imagerie biologique, la thématique du transport cytosquelettique intracellulaire s'inscrit au centre de ce contexte plus vaste de trafic sur réseau complexe. Indissociable des fonctions vitales de communication et de transport de matière dans la cellule, le cytosquelette suscite de vifs intérêts pour des études biologiques et physiques.

L'étude d'un tel réseau complexe est possible à plusieurs échelles: celle de sa structure globale qui révèle un ensemble de fibres enchevêtrées ou une étude locale fondée sur l'analyse de l'influence de la dynamique locale des moteurs moléculaires en transit sur le cytosquelette plus spécifiquement aux croisements entre les biofilaments. L'étude locale des propriétés du transport dans la cellule bénéficie particulièrement des avancées de l'imagerie microscopique dont le marquage fluorescent de molécules uniques [1]. De plus, les procédés in-vitro de construction artificielle de motifs topologiques simples tels que les jonctions entre microtubules permet une compréhension fine des comportements dynamiques des moteurs moléculaires et renforce l'intérêt des apports de la physique statistique alors en mesure de fonder ses modèles sur une dynamique microscopique au plus proche des observations expérimentales.

Les résultats que nous présenterons sont en liens immédiat avec ces récentes observations intracellulaire. Il s'agit d'exploiter le modèle stochastique simple qu'est TASEP (Totally Asymmetric Simple Exclusion Process) au profit de la construction d'un élément topologique clef du réseau cytosquelettique: la jonction entre des microtubules, et d'exposer l'évolution des résultats analytiques et numériques du modèle TASEP au niveau d'une jonction pour des modèles progressivement plus proches de la réalité biologique.

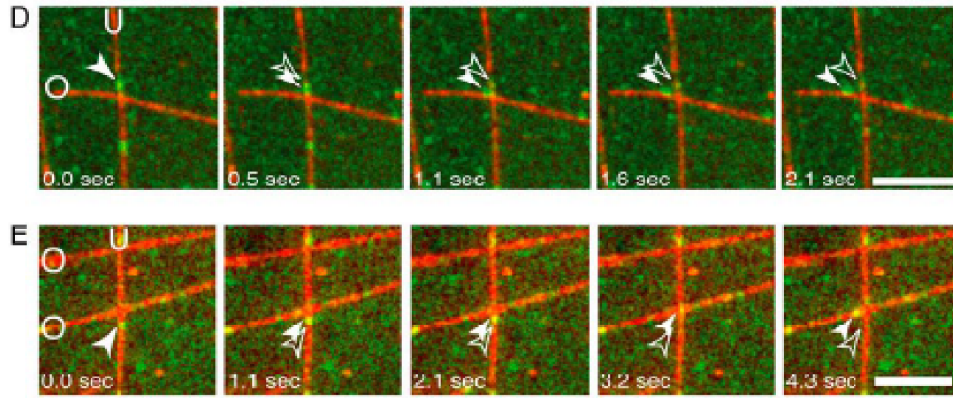


Figure 1. [1] Ross et *al.* Kinesin and Dynein at Intersecting Microtubules: Motor Density Affects Dynein Function, *Biophys. J.* **94**, 3115-3125 (2008)