

# La modélisation du transport actif sur réseau

Izaak Neri<sup>1</sup> and Norbert Kern<sup>1</sup> and Andrea Parmeggiani<sup>2</sup>

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

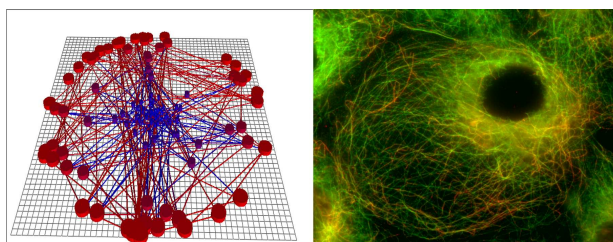
<sup>2</sup> Laboratoire de Dynamique des Interactions Membranaires Normales et Pathologiques, CNRS-UMR 5235, CC107, Université Montpellier II, Place Eugène Bataillon, 34095 Montpellier Cedex 5, France

**Abstract.** Les cellules vivantes s'appuient fortement sur le transport cytosquelettique pour délivrer efficacement vésicules et cargaisons biochimiquement actives dans le cytoplasme. Le mouvement hors équilibre et stochastique des protéines motrices sur les filaments du cytosquelette (voir actine filamentueuse et microtubules) est à la base de cette forme de trafic intracellulaire et intercellulaire.

Pour comprendre les différents régimes de fonctionnement du transport cytosquelettique et les propriétés biologiques associées, les outils de modélisations peuvent apporter une connaissance importante et aider à l'interprétation des expériences. Toutefois, la complexité du réseau de microfilaments, ainsi que son extension en taille, posent des véritables challenges aux modélisateurs, même pour réaliser de simples simulations de transport.

Je présenterai, par des méthodes numériques et analytiques, un cadre général pour l'étude du transport collectif sur des réseaux de complexité topologique croissante, jusqu'au cytosquelette de la cellule entière. Des nouvelles propriétés, véritables prédictions du modèle pour des expériences in-vitro et in-cellulo, émergent en fonction de la complexité du réseau et de ses propriétés de connectivité entre les filaments du cytosquelette. De plus, l'approche méthodologique développée, et supportée par des outils numériques de visualisation, peut s'appliquer à une grande variété de mécanismes microscopiques de transport biologique.

Ces résultats sont publiés récemment [1] accompagnés par un résumé vulgarisé [2].



**Figure 1.** Gauche: illustration de l'état de densité des segments et jonctions dans le réseau irrégulier. Les segments rouges sont à haute densité et les bleus à basse densité. Les jonctions d'haute densité se trouvent à une distance plus grande par rapport au centre. Droite: réseau de microtubules dans une cellule Cos (figure par Philippe Montcourrier (CRBM))

- [1] I. Neri, A. Parmeggiani, N. Kern, Totally Asymmetric Simple Exclusion Process on Networks, *Phys. Rev. Lett.* **107**, 068702 (2011)
- [2] M. Schirber, Random Roads Less Travelled, *Phys. Rev. Focus*, <http://focus.aps.org/story/v28/st6>