
Modèle physique apportant un nouvel éclairage sur les interactions complexes entre les molécules membranaires

Mohammed Adel Djibaoui*¹

¹Université de Picardie Jules Verne – Université de Picardie Jules Verne, Chemin du Thil, 80000 Amiens – Chemin du Thil - 80000 Amiens, France

Abstract

Du fait de leur organisation et des fonctions multiples qui leur sont conférées par leur structure complexe (2), 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 résultant d'un vaste ensemble d'interactions moléculaires s'exprime dans les processus biologiques mais aussi de l'exploitation de couplages naturels entre divers mécanismes physico-chimiques. De nombreux modèles pertinents de la Biophysique visent une description mécanique et thermodynamique de ces membranes s'appuyant sur la fameuse fonctionnelle (énergie) de Canham-Helfrich (3, 5, 20), 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 (3)). 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 (14, 15). 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 (1, 6, 16). 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 conformité de celles-ci (7, 8, 9). 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 (13, 17, 18). 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.

Mots clés : Membrane cellulaire ; Helfrich ; Courbure ; Fluctuations thermiques ; mouvement aléatoire

Références (1) ORSI, Mario, HAUBERTIN, David Y., SANDERSON, Wendy E., et al. A quantitative coarse-grain model for lipid bilayers. The Journal of Physical Chemistry B,

*Speaker

2008, vol. 112, no 3, p. 802-815.

(2) BENGA, Gheorghe et HOLMES, Ross P. Interactions entre les composants des membranes biologiques et leurs implications pour la fonction membranaire. *Progrès de la biophysique et de la biologie moléculaire*, 1984, vol. 43, no 3, p. 195-257.

(3) SEIFERT, Udo. Configurations of fluid membranes and vesicles. *Advances in physics*, 1997, vol. 46, no 1, p. 13-137.

(4) PROST, J. et BRUINSMA, R. Shape fluctuations of active membranes. *Europhysics Letters*, 1996, vol. 33, no 4, p. 321.

(5) HELFRICH, Wolfgang. Elastic properties of lipid bilayers : theory and possible experiments. *Zeitschrift für Naturforschung c*, 1973, vol. 28, no 11-12, p. 693-703. (6) DEVAUX, Philippe F. Static and dynamic lipid asymmetry in cell membranes. *Biochemistry*, 1991, vol. 30, no 5, p. 1163-1173.

(7) HENLE, Mark L., MCGORTY, R., SCHOFIELD, Andrew B., et al. The effect of curvature and topology on membrane hydrodynamics. *Europhysics Letters*, 2008, vol. 84, no 4, p. 48001.

(8) RÓŻYCKI, Bartosz et LIPOWSKY, Reinhard. Spontaneous curvature of bilayer membranes from molecular simulations : Asymmetric lipid densities and asymmetric adsorption. *The Journal of chemical physics*, 2015, vol. 142, no 5, p. 02B601-1.

(9) SREEKUMARI, Aparna et LIPOWSKY, Reinhard. Lipids with bulky head groups generate large membrane curvatures by small compositional asymmetries. *The Journal of Chemical Physics*, 2018, vol. 149, no 8, p. 084901.

(10) CAMPELO, Felix, FABRIKANT, Gur, MCMAHON, Harvey T., et al. Modeling membrane shaping by proteins : focus on EHD2 and N-BAR domains. *FEBS letters*, 2010, vol. 584, no 9, p. 1830-1839.

(11) CAMPELO, Felix et KOZLOV, Michael M. Sensing membrane stresses by protein insertions. *PLoS computational biology*, 2014, vol. 10, no 4, p. e1003556.

(12) FARSAFAD, Khashayar et DE CAMILLI, Pietro. Mécanismes de déformation membranaire. *Opinion actuelle en biologie cellulaire*, 2003, vol. 15, no 4, p. 372-381.

(13) ARANDA-ESPINOZA, Helim, BERMAN, A., DAN, Nily, et al. Interaction between inclusions embedded in membranes. *Biophysical journal*, 1996, vol. 71, no 2, p. 648-656.

(14) MAHATA, Paritosh, SINGHAL, Lakshya, PRASAD, Ravi Kant, et al. Computational investigation for deformation of lipid membrane by BAR proteins due to electrostatic interaction. *Materials Today : Proceedings*, 2022, vol. 61, p. 1-9.

(15) ZHOU, Y. C., ARGUDO, David, MARCOLINE, Frank V., et al. A computational model of protein induced membrane morphology with geodesic curvature driven protein-membrane interface. *Journal of computational physics*, 2020, vol. 422, p. 109755.

(16) DASGUPTA, Anirvan et TAMADAPU, Ganesh. In-plane dynamics of membranes having constant curvature. *European Journal of Mechanics-A/Solids*, 2013, vol. 39, p. 280-290.

(17) KIM, K. S., NEU, John, et OSTER, George. Curvature-mediated interactions between membrane proteins. *Biophysical journal*, 1998, vol. 75, no 5, p. 2274-2291.

(18) DAN, Nily. Membrane-induced interactions between curvature-generating protein do-

mains : the role of area perturbation. *AIMS Biophysics*, 2017, vol. 4, no 1, p. 107-120.

(19) BRANNIGAN, Grace, LIN, Lawrence C.-L., et BROWN, Frank LH. Implicit solvent simulation models for biomembranes. *European Biophysics Journal*, 2006, vol. 35, p. 104-124.

(20) CANHAM, Peter B. The minimum energy of bending as a possible explanation of the biconcave shape of the human red blood cell. *Journal of theoretical biology*, 1970, vol. 26, no 1, p. 61-81