

Simulation en MGS du déplacement du spermatozoïde du nématode *Ascaris suum*

Olivier MICHEL

LaMI¹, Équipe SPÉCIF, UMR 8042 CNRS, Université d'Évry val d'Essonne, GENOPOLE
Tour Évry-2, 523 Place des terrasses de l'agora, 91000 Évry Cedex

2 décembre 2003

Nombre d'étudiants : 1 binôme

Mots-clés : graphe de voronoï, simulation, éléments finis, modélisation biologique, modélisation des systèmes dynamiques, langage de programmation.

Public visé : DEA Informatique, DEA Bio-Informatique, stage ENS, stage IIE, stage Polytechnique.

Contexte de l'étude

Le projet MGS développe un langage de programmation original dédié à la modélisation et la simulation de processus biologiques à structure dynamique. Pour ce faire, MGS permet la représentation d'organisations complexes entre des entités variables et hétérogènes, ainsi que leur transformation par des règles locales. Ces travaux trouvent leurs inspirations dans les travaux de J. Von Neuman sur les automates cellulaires, A. Lindenmayer sur les L systèmes, G. Paun sur les P systèmes, G. Berry *et al.* sur la CHAM et la réécriture de multi-ensembles.

La structure de données fondamentale en MGS est la *collection topologique*. Une collection topologique est un ensemble d'éléments organisés par une relation de voisinage. Une *transformation* permet de spécifier de nouvelles fonctions sur les collections par des cas filtrant des *sous-collections*. Ces notions permettent d'unifier dans le même cadre formel les différents modèles de calculs cités plus haut. Pour chacun des modèles il suffit de choisir le bon voisinage pour la collection utilisée. Un point remarquable est l'existence d'un langage de filtres, utilisé pour écrire les règles d'une transformation, qui est commun à tous les types de collection. Ce langage de filtres se fonde sur la notion de voisinage et de chemin.

Sujet du stage

Le spermatozoïde du nématode *ascaris suum* se déplace en utilisant une protusion lamellipodale, adhésion et rétraction, suivant un processus analogue à celui de la motilité amœboïde que l'on retrouve dans d'autres cellules eucaryotes. Cependant, plutôt que d'utiliser un cytosquelette d'actine pour produire les déplacements, le spermatozoïde du nématode utilise une protéine (la MSP). De plus, le spermatozoïde du nématode ne dispose pas de moteur moléculaire ni de protéine de liaison d'actine qui caractérise la motilité à base d'actine.

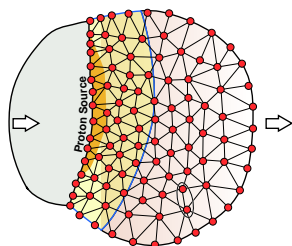


Fig. 1 – Modèle à éléments finis du lamellipode. Celui-ci est triangulé de façon à ce que chaque nœud représente une masse de cytosquelette contenue dans le polygone (Voronoi) environnant.

Un modèle à éléments finis mécano-chimique du déplacement du spermatozoïde du nématode a été réalisé par [Bottino et al.(2002)]². À partir de ce modèle, une simulation en `Matlab` validant le modèle a pu être effectuée. La triangulation du modèle à éléments finis donne lieu à une structure de données de graphe de Voronoï.

L'objectif du stage est de développer en MGS un modèle et une simulation du processus décrit ci-dessus. Ce type de modèle devrait s'exprimer particulièrement simplement en MGS puisque la structure de données de *graphe de Voronoï* est disponible et manipulée de façon uniforme.

¹*Contacts* : par courrier électronique : michel@ReMoVeMeFIRST.lami.univ-evry.fr. Des informations supplémentaires sont disponibles à partir de la page : <http://mgs.lami.univ-evry.fr>

²[Bottino et al.(2002)] Bottino, D., Mogilner, A., Roberts, T., Stewart, M., Oster, G., 2002. How nematode sperm crawl. *Journal of Cell Science* 115 (2). <http://mgs.lami.univ-evry.fr/Ascaris.pdf>