

# Métabolisme et croissance cellulaire

La croissance et la division cellulaire que nous étudions dans ce cours nécessitent une consommation d'énergie par la cellule. Cette énergie provient des nutriments (sucre) qui sont transformés en ATP qui est le "fuel chimique" utilisé par la cellule pour remplir ses fonctions cellulaires. Cette transformation est assurée par le mécanisme fondamental : la respiration (aérobie) et la fermentation (anaérobie). L'hydrolyse de l'ATP fournit ensuite l'énergie nécessaire pour les fonctions cellulaires : croissance, division, motilité.

Le métabolisme est essentiel pour le être vivant mais il est peu étudié par les physiciens : il pose cependant un grand nombre de problèmes physiques complexes. L'énergie est consommée par de très nombreux réacteurs chimiques et même les fonctions cellulaires simple impliquent un réseau de réacteurs chimiques (quand elles sont vraiment connues) trop complexe pour traiter explicitement sa cinétique. C'est pour les propriétés mécaniques des cellules que je discute beaucoup dans ces cours, on pourrait faire un "course-graining" pour éliminer la plupart des variables et construire une théorie macroscopique du métabolisme. Une telle procédure n'a pas été mise en place même si il existe des travaux dans cette direction : M. Esposito, Yang Heimann et al. "Physical Bioengineering" PNAS (2021) + C. Weber (comme condensats)

Une question simple que l'on peut poser est celle du coût énergétique d'un gène i.e. quelle est l'énergie consommée par une cellule pour synthétiser une protéine à partir des acides aminés. Cette question est des auteurs théorique par Lynch et Marinov et Hwang et Hwang-Watson. Il faut en principe estimer le coût de la transcription du gène avec les étapes initiation et elongation puis de la traduction.

Un très joli article de Kapri et Barkai fait ce travail pour la levure S. cerevisiae. Un gène "non nécessaire" fluorescent (lucifèrane) est ajouté à la levure dans différents environnements et la fitness est calculé comme le taux de division en fonction du nombre de copies du gène (mesurée par fluorescence). fitness = "aptitude".

Par la fitness on inclut aussi la réaction des autres gènes à

la synthèse induite (dont seuls le signal n'est pas évident). La production de la nouvelle protéine diminue le taux de croissance et le mécanisme dominant dépend de l'environnement (transcription, traduction et initiation ou elongation). La cellule réagit en augmentant son volume.

Pour les bactéries qui croissent vite la production n'est pas limitée par le nombre de ribosomes. Les auteurs attribuent cela au fait que la durée du cycle est plusieurs fois plus grande que le temps de production d'un ribosome (ce qui n'est pas vrai pour les bactéries et les cellules mammifères). (YEPG = gélose milieut nutritive pour la bactérie)

Une manière plus générale de poser le problème est de comprendre comment la cellule répartit des ressources énergétiques et comment elle modifie cette répartition pour s'adapter rapidement à son environnement. Cette question a surtout été posée pour les bactéries et nous allons nous concentrer sur les bactéries. Une spécificité est que leur coût énergétique de production de protéines est dominé par la traduction et l'étape d'elongation. Cela signifie que l'on peut discuter l'allocation des ressources, en discutant de l'allocation des ribosomes sachant qu'une partie importante des ribosomes sont à produire des ribosomes et des protéines associées aux ribosomes comme les tRNA synthétases qui chargent les tRNA sur le ribosome.

Nous suivrons dans ce cours l'approche du groupe de T. Hwa qui donne une approche théorique simple qui explique bien les résultats expérimentaux. Séminaire M. Coentino, Spécifique aux bactéries

## I - Lois de croissance

Pour la bactérie E. Coli un consensus existe sur la composition à l'état stationnaire de macromolécules (ADN, ARN, protéines) en fonction du taux de croissance qui peut être changé en changeant l'environnement et la qualité des nutriments entre 20 minutes et quelques heures Schaeffer 1958, Bremer et Dennis 1996, Scott et al 2010

### 1. Fraction en masse de protéines ribosomales

Le paramètre mesuré objectivement est le rapport  $\tau$  entre la masse d'ARN et la masse de protéines. Ce rapport est associé à la fraction de protéines ribosomales (associées au ribosome). Dr.

$$\text{On écrit } M_{\text{RNA}} = \frac{M_{\text{RNA}}}{M_{\text{rRNA}}} \times \frac{M_{\text{rRNA}}}{M_R} \times M_R \quad \text{la première fraction est}$$

l'ensemble de la fraction des ARN ribosomiques (85%) la deuxième est liée à la structure du ribosome A.Yonath. La masse de protéines associées au ribosome  $M_{R2}$  contient les protéines du ribosome + les protéines associées à son fonctionnement (tRNA synthétase, protéines d'entraînement et d'elongation).

Dans la suite, nous écrivons  $M_{\text{RNA}} = p M_R \quad (p \approx 0,76) \quad (r = p \phi_R)$   
Le résultat expérimental est que le taux de croissance augmente linéairement avec le taux de croissance

$$r = r_0 + k_r \quad \text{Figure 1} \quad R_g \quad r = k_r / k_p \dots \text{traduction}$$

le coefficient  $k_r$  est proportionnel au taux de traduction moyen. (voir ci-dessous) qui peut être varié en ajoutant des antibiotiques.

Une deuxième variable consiste à fixer la qualité des nutriments et à changer le taux de croissance en variant le taux de traduction et montre que le rapport  $r$  décroît avec le taux de croissance

$$r = r_{\max} - \frac{r}{k_n} \quad k_n \text{ augmente avec la qualité des nutriments} \quad \text{Figure 2}$$

## 2. Séction de protéines

L'idée est de diviser l'ensemble des protéines en 3 secteurs (classes) de protéines - les protéines ribosomiques, les protéines essentielles à la cellule en fraction  $\phi_R$  qui ne dépend pas du taux de croissance et une fraction de protéines métaboliques (enzymes);  $\phi_p$ . Les fractions de masses sont telle que  $\phi_R + \phi_p + \phi_i = 1$ . Quant on varie le taux de croissance

$$\phi_R + \phi_p = 1 - \phi_i = \phi_R^{\max} \quad \phi_R^{\max} = r^{\max}/p \quad \text{et donc } \phi_p = \frac{1}{k_n p}$$

En ajoutant une protéine non nécessaire  $\phi_i$   $\phi_R + \phi_p + \phi_i \leq \phi_R^{\max}$  et  $\frac{1}{k_n p}$

$\phi_p$  et  $\phi_R$  décroissent  $\text{Figure 2} \quad p(\phi_R^{\max} - \phi_R) = \frac{2}{k_n}$

## 3. Synthèse de protéines, traduction

La croissance de la masse est exponentielle  $\frac{dM}{dt} = r M$ . Mais elle est dominée par la traduction et proportionnelle au nombre de ribosomes actifs  $\frac{dM}{dt} = N_R \cdot k_t$  Nous distinguons les ribosomes actifs de ribosomes inactifs  $\frac{dM}{dt} = k_t (N_R - N_R^{\text{inactif}})$

$$\text{On peut écrire cette relation } r = \gamma (\phi_R - \phi_R^{\text{inactif}}) \quad \text{avec } \gamma = \frac{k_t}{M_R}$$

$$\text{En combinant avec la loi expérimentale } \gamma = p K_t \quad \text{et } K_t = \frac{M_R}{\phi_R}$$

proportionnel au taux de traduction. ( $\Phi_R = \frac{\lambda}{\gamma} + \Phi_a^{\text{max}}$ )

#### 4. Flux d'acides aminés

Nous reprendrons les équations que nous avons vues dans le cours 3  
 $\frac{dM_a}{dt} = k_a f_a M_p - \beta \frac{dM_p}{dt}$ . La création d'acides aminés dans la cellule est due au transport membranaire dont les protéines font partie du secteur P. Le deuxième terme décrit la consommation d'acides aminés par formation de protéines. On suppose aussi que la masse est dominée par les protéines. Pour la fraction de masse cela donne

$$\frac{da}{dt} = k_a f_a \Phi_p - \lambda (\beta + \alpha) \quad (\alpha \text{ négligeable}) \quad \text{dans l'état stationnaire} \\ \text{on trouve } \lambda = \gamma \Phi_p = \gamma (\Phi_R^{\text{max}} - \Phi_R) \quad \text{où } \gamma = \frac{k_a f_a}{\lambda}$$

Re: le transport des acides aminés est assez semblable au  $\beta$  transport des sucre étudié par J. Monod (1949) en utilisant une cinétique de Michaelis-Menten  $k_a = \frac{k_{cat} A_e}{A_e + K_a}$  où  $A_e$  est la concentration in acides aminés à l'extérieur de  $A_e + k_a$  la cellule. En combinant avec l'équation de traduction, on trouve si  $A_e$  est grand

$$\lambda = \lambda_{inf} = \frac{\Phi_R^{\text{max}} - \Phi_R^{\text{min}}}{1/\beta + 1/\gamma}$$

$$\begin{cases} \frac{\lambda}{\gamma} = \Phi_R^{\text{max}} - \Phi_R \\ \frac{\lambda}{\gamma} = \Phi_R - \Phi_R^{\text{min}} \end{cases} \quad (\text{vérifié avec a})$$

#### II Taux de biosynthèse de la cellule

##### 1. Régulation par les acides aminés

Dans la cellule, la qualité des nutriments et l'efficacité de la traduction sont régulées par le "pool" d'acides aminés : pour une valeur de  $a$ ,  $\Phi_R$  s'ajuste.

Si  $a$  est trop grand la source d'acides aminés est supérieure à la demande.  $\Phi_R$  augmente et  $\Phi_p$  diminue, ce qui décroît le transport d'acides aminés. Si  $a$  est très grand il y a des mécanismes de régulation, soit du mécanisme de transport ( $f_a$ ) soit de la synthèse de la protéine de transport ( $k_a$ ). Vérifier avec a.

Si  $a$  est trop petit il n'y a pas assez de protéines (synthétases) pour changer les tRNA et la traduction ne marche plus.  $\gamma$  tend vers zéro

Scott et al utilisent des lois de "Michaelis-Menten" (Hill)

$$V(a) = \frac{V_0}{1 + (a/K_V)^2} \quad \gamma(a) = \gamma_0 \frac{(a/K_\gamma)^2}{1 + (a/K_\gamma)^2}$$

Les relations sur la traduction et le flux d'acides aminés obéissent

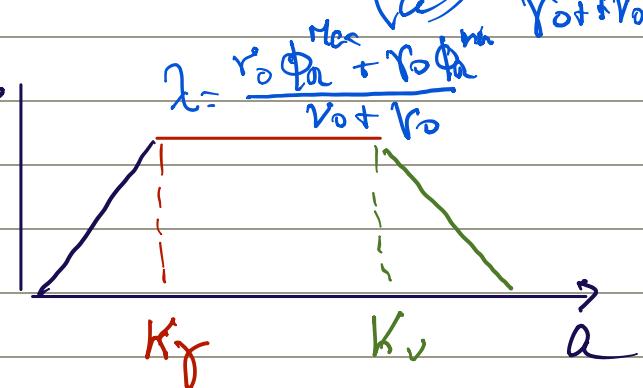
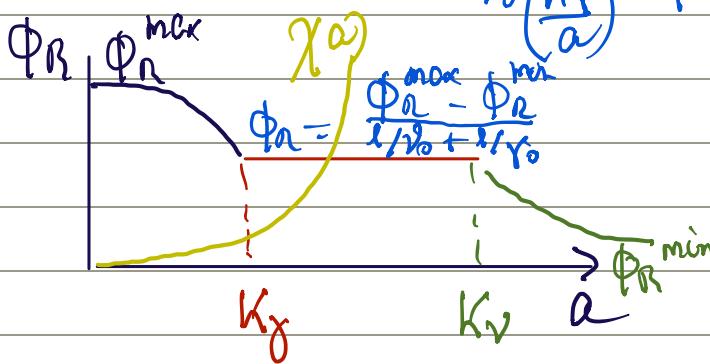
$$\lambda = \frac{\Phi_R^{\max} - \Phi_R^{\min}}{1/\nu + 1/\gamma} \text{ et } \Phi_R = \frac{\nu}{\nu + \gamma} \Phi_R^{\max} + \frac{\gamma}{\nu + \gamma} \Phi_R^{\min} \quad \text{Pour } E \text{ Coli } K_f \leq K_r$$

$\alpha < K_f < K_r$ ,  $\Phi_R = \frac{\nu_0 \Phi_R^{\max} + (\alpha/K_r)^2 \Phi_R^{\min}}{\nu_0 + (\alpha/K_r)^2}$  décroît avec  $\alpha$  et

$$\text{et } \lambda = \frac{\nu_0 \gamma (\Phi_R^{\max} - \Phi_R^{\min})}{\nu_0 + \gamma_0 (\alpha/K_r)^2} \frac{(\alpha/K_r)^2}{K_f}$$

$K_f < \alpha < K_r$ ,  $\Phi_R = \frac{\nu_0 \Phi_R^{\max} + \gamma_0 \Phi_R^{\min}}{\nu_0 + \gamma_0}$   $\lambda = \frac{\nu_0 \gamma_0 (\Phi_R^{\max} - \Phi_R^{\min})}{\nu_0 + \gamma_0}$

$K_r < \alpha < K_f$ ,  $\Phi_R = \frac{\gamma_0 (K_r/\alpha)^2 + \gamma_0 \Phi_R^{\min}}{\gamma_0 (K_r/\alpha)^2 + \gamma_0}$   $\lambda = \gamma_0 \nu_0 \left( \frac{K_r}{\alpha} \right)^2 \frac{\Phi_R^{\max} - \Phi_R^{\min}}{\nu_0 + \gamma_0 \left( \frac{K_r}{\alpha} \right)^2}$



Le taux de croissance maximal augmente avec  $\nu_0$  figure

## 2. Régulation de la concentration en ribosomes, taux de croissance

Il manque une relation entre  $\Phi_R$  et  $\alpha$  pour fixer le taux de croissance de la cellule ! Cette relation est fournie par la régulation de la concentration en ribosomes. Les mécanismes sont connus et vont dans le même sens.

- Les protéines ribosomales se lient aux rRNA pour former les ribosomes.

Si la concentration en ARN ribosomal est faible il n'y a pas assez de rRNA et les protéines ribosomales se lient à leur propre ARN messager et répètent leur propre traduction. Cela ajuste le rapport entre protéine ribosomale et rRNA.

- L'autre mécanisme est une régulation de la transcription des ARN ribosomiques. Si les ARN de transfert ne sont pas chargés, la synthèse de rRNA est réprimée par l'alarmone ppGpp. Si la concentration en acides aminés est grande l'alarmone n'est pas produite et  $\Phi_R$  est grand.

Donc la fraction de ribosomes qui produisent des ribosomes est une fonction  $\chi(\alpha)$  qui augmente avec la concentration en acides aminés.

Mais dans notre modèle simple cette fraction est aussi égale à la

fraction de protéines qui forment les subunités. Soit  $\phi_R = \gamma(a)$ . L'intersection entre les courbes  $\phi_R(a)$  et  $\gamma(a)$  fixe  $a$  et  $\phi_R$  dans la cellule donc le taux de croissance  $\lambda$ . Si cette intersection est telle que  $K_y < a < K_x$ , le taux de croissance est à peu près égal à sa valeur maximale qui dépend très peu de  $a$  dans cette gamme. C'est la manière par laquelle la bactérie optimise son taux de croissance.