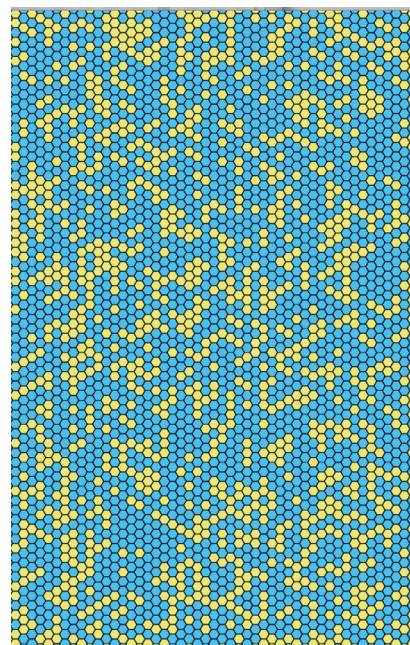
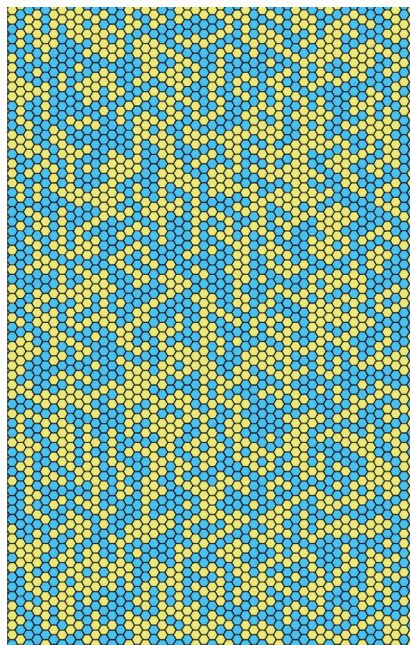
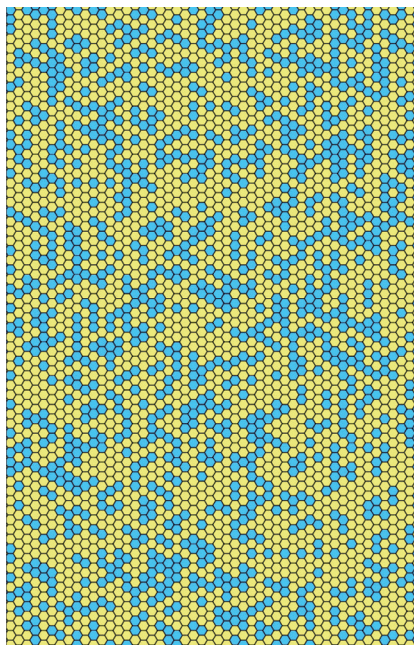




8. SELON LA VALEUR DE LA PROBABILITÉ de choisir un carreau bleu, l'allure du réseau et ses propriétés seront différentes. Le réseau est illustré ici pour trois valeurs de cette probabilité p : 0,35 (à gauche), 0,5 (au

milieu) et 0,65 (à droite). Pour $p < 1/2$ (et pour un réseau de taille infinie), la probabilité d'avoir un chemin percolant bleu, qui traverse tout le réseau, est nulle. Elle est strictement positive dès que $p > 1/2$.

✓ BIBLIOGRAPHIE

V. Beffara et H. Duminil-Copin, *Lectures on planar percolation with a glimpse of Schramm-Loewner Evolution*, juin 2011 (www.unige.ch/~duminil/publi/lecture_notes_percolation.pdf).

W. Werner, *Percolation et modèle d'Ising*, *Cours spécialisés*, vol. 16, Société mathématique de France, 2009.

S. Smirnov, *Towards conformal invariance of 2D lattice models*, *International congress of mathematicians*, vol. II, pp. 1421-1451, European Mathematical Society, Zurich, 2006 (<http://arxiv.org/abs/0708.0032>).

W. Kager et B. Nienhuis, *A guide to stochastic Löwner evolution and its applications*, 2006 (<http://arxiv.org/abs/math-ph/0312056>).

G. Grimmett, *Percolation*, Springer, 1999.

B. Sapoval, *Universalités et fractales*, Flammarion, 1997.

De nombreuses autres questions peuvent être posées sur ce modèle de percolation. Supposons par exemple que l'un de ses enfants ait dupé Maxime en lui fournissant une pièce de monnaie biaisée. Celle-ci tombera sur face avec la probabilité p et donc sur pile avec probabilité $1-p$, mais p ne vaut plus $1/2$. La situation est alors très différente (voir la figure 8). Si $p < 1/2$, on verra surtout des hexagones jaunes. Au contraire, lorsque $p > 1/2$, les bleus dominent. C'est très différent du cas $p = 1/2$, où les nombres de cases jaunes et bleues sont équilibrés.

Un exemple de système critique

Imaginons que l'on considère des hexagones de plus en plus petits ; ou, ce qui revient au même, que les hexagones soient de taille fixée et que l'on considère une cuisine de plus en plus grande. Une question naturelle est la suivante : quelle est la probabilité que l'on puisse rallier le bord de la pièce en partant du centre et en ne marchant que sur des hexagones bleus ?

Lorsque $p < 1/2$, nous sommes presque sûrement sur une petite île et il nous sera impossible de nous en échapper : la probabilité de pouvoir rejoindre le bord par un chemin bleu tend vers 0 lorsque la cuisine grandit. En revanche, lorsque

$p > 1/2$, la probabilité de pouvoir nous échapper restera supérieure à une certaine valeur, et ce indépendamment de la taille de la pièce. En fait, si l'on prolonge la pièce à l'infini, un hexagone appartiendra à un chemin infini d'hexagones bleus contigus avec une probabilité positive. Ce phénomène constitue la transition de phase de la percolation et a été prouvé en 1982 par Harry Kesten, de l'Université Cornell.

Les physiciens disent qu'un système est dans un état critique si toute variation infime des paramètres entraîne un bouleversement global du système. La valeur $p = 1/2$ est donc la valeur critique du modèle de la percolation. Si l'on diminue un tout petit peu p , on obtient un continent d'hexagones jaunes qui s'étend d'un bout à l'autre du réseau ; si l'on augmente un tout petit peu p , on obtient au contraire une mer d'hexagones bleus.

L'étude d'une transition de phase qui se produit pour une valeur critique d'un paramètre est au cœur de la physique statistique d'aujourd'hui (voir l'encadré page 51). Les modèles de percolation, dont la formulation est simple, voire ludique, rentrent dans ce cadre. À l'instar d'autres modèles de la physique statistique, ils se révèlent d'un grand intérêt pour la physique, la biologie et d'autres sciences, et offrent aux mathématiciens un terrain... de jeu encore loin d'être épuisé. ■

Rendez-vous sur www.pourlascience.fr

- Retrouvez gratuitement les actualités scientifiques quotidiennes.
- Recevez nos lettres d'information et réagissez aux articles en vous inscrivant sur www.pourlascience.fr/newsletters.php.
- Recherchez et commandez les archives parues depuis 2004 de *Pour la Science* et des *Dossiers Pour la Science*.
- Accédez aux numéros numériques compris dans votre abonnement en créant votre compte.
- Suivez notre actualité en direct



<http://www.pourlascience.fr/rss>



<http://twitter.com/pourlascience>



<http://www.pourlascience.fr/pls-facebook>



À très bientôt sur www.pourlascience.fr !

■ POUR LA
SCIENCE.fr

Le site de référence de l'actualité scientifique internationale

Le désordre intrinsèque des protéines

A. Keith Dunker et Richard Kriwacki

Selon les fonctions qu'elles accomplissent dans les cellules, les protéines présentent une conformation rigide ou, au contraire, très flexible. Les biologistes commencent à étudier le rôle des protéines « intrinsèquement désordonnées » dans diverses maladies.

Les quelque 20 000 gènes du patrimoine génétique humain codent des millions de protéines. On ignore leur nombre précis, mais on sait qu'elles sont très nombreuses étant donné le nombre de fonctions qu'elles assurent dans l'organisme. Ainsi, certaines protéines nommées enzymes catalysent les réactions biochimiques ; des protéines soutiennent les parois des cellules ; des protéines sont des moteurs ou des transporteurs intracellulaires ; des protéines agissent dans la communication hormonale ; les anticorps, des agents du système immunitaire, sont aussi des protéines, etc.

Étant donné l'importance des protéines, on pourrait penser que les biologistes n'en ignorent rien. Et pourtant, notre connaissance de cette famille de molécules organiques est incomplète. Les biologistes savaient depuis longtemps que les protéines sont constituées d'acides aminés liés entre eux comme des perles sur un fil. Mais ils étaient convaincus que pour qu'une protéine fonctionne correctement, sa chaîne d'acides aminés devait d'abord se replier d'une façon précise et adopter

une conformation rigide. Aujourd'hui, il est avéré qu'une multitude de protéines effectuent leurs tâches sans jamais se replier complètement et que certaines se replient uniquement quand cela est indispensable. En fait, on estime qu'un tiers ou plus de toutes les protéines humaines sont « intrinsèquement désordonnées », c'est-à-dire qu'elles contiennent au moins certaines parties non repliées, ou désordonnées.

Historiquement, les biologistes ont d'abord caractérisé la structure des enzymes. Elles sont constituées de nombreuses parties mobiles et pourvues de « charnières » permettant aux différents segments de pivoter les uns autour des autres. Ainsi, ces protéines sont souvent décrites comme des combinaisons de parties rigides, telles les différentes parties d'une chaise pliante. Quant aux protéines intrinsèquement désordonnées, elles ressemblent à des spaghettis en cours de cuisson, remuant sans cesse dans une casserole d'eau bouillante.

Il y a 15 ans, cette conception de la structure des protéines aurait semblé totalement insensée. Aujourd'hui, les scientifiques ont compris que cet aspect amorphe et cette

flexibilité ont probablement contribué à l'apparition de la vie sur Terre. La flexibilité joue aussi un rôle crucial dans les cellules, par exemple lors de l'activation des gènes ou de la division cellulaire. Et cette nouvelle approche n'éclaire pas seulement la biologie cellulaire fondamentale, elle ouvre également de nouvelles pistes de recherche pour mieux comprendre et, par conséquent, mieux traiter certaines maladies, tel le cancer.

Des complémentarités parfaites

L'idée selon laquelle une structure tridimensionnelle rigide détermine la fonction d'une protéine est apparue en 1894. Un chimiste de l'Université de Berlin, Emil Fischer, a émis l'hypothèse que les enzymes interagissent avec leurs substrats (les molécules des réactions qu'elles catalysent) en se liant spécifiquement à des formes complémentaires à leur surface. Les enzymes ne reconnaîtraient pas les molécules dont la conformation serait différente, même si la différence est minime. En d'autres termes,