

plusieurs éléments susceptibles d'agir – ensemble ou séparément – sur le bras de levier : des pivots simples, des éléments introduisant une flexibilité dans le bras, d'autres retenant le bras d'effort ou le bras de charge, augmentant soit l'effort, soit la résistance à l'effort, selon les besoins. Ce levier à tableau adaptable ouvrira peut-être des perspectives en mécanique.

Les protéines, en particulier la titine (une longue molécule du sarcomère des muscles striés des vertébrés) et la partie S2 des myosines, qui permet de rassembler deux têtes ensemble (voir la figure 2, en orange), peuvent également nous apprendre à concevoir des structures plus robustes aux contraintes mécaniques. Ces dernières années, des techniques telles la microscopie à force atomique et la dynamique moléculaire ont commencé à révéler la séquence d'événements survenant quand des protéines sont soumises à des contraintes mécaniques. En cours de développement, ces méthodes se limitent à des expériences simples, tel l'étirement d'une protéine par ses deux extrémités. Néanmoins, elles

montrent que les protéines développent toute une variété de réponses à l'étirement mécanique. L'une d'elles, fréquemment observée, est la rupture séquentielle de certaines interactions.

Des structures plus robustes

Ainsi, la simulation d'un étirement du domaine IG27 de la titine et du segment S2 de la myosine de la coquille Saint-Jacques suggère que les liaisons de longues chaînes latérales flexibles se rompent après celles des chaînes latérales hydrophobes plus courtes et des liaisons hydrogène de la chaîne protéique principale. Kathryn Scott, de l'Université d'Oxford, en Angleterre, et ses collègues ont suggéré que la présence de domaines résistants adjacents à d'autres moins robustes diminue la probabilité d'erreurs de repliement lorsque l'étirement est stoppé. Ce panachage créerait en outre une hiérarchie dans les interactions, qui s'adapterait à différents niveaux de contraintes mécaniques.

Globalement, toutes ces études suggèrent que les protéines « robustes » alternent des éléments ayant divers types de réponses aux contraintes mécaniques. Elles peuvent ainsi osciller entre des conformations rigides, nécessaires par exemple pour les fonctions enzymatiques, et des conformations flexibles ou partiellement dépliées, par exemple pour engendrer un mouvement, changer de conformation en réponse à la liaison d'une autre protéine ou, simplement, préserver leur intégrité. De même, on pourrait envisager, à différentes échelles (mécanique, nanotechnologies, etc.), des structures de forme bien définie dans les conditions normales de fonctionnement et qui s'incurveraient sans se rompre dans des conditions de forte contrainte.

Cela ne fait plus aucun doute, la biomimétique inclut désormais une nouvelle sous-spécialité, la protéomimétique. La vérification des mécanismes inspirés des protéines, l'étude de leurs applications et la recherche de nouvelles idées dans d'autres protéines sont autant de pistes à explorer. ■

Les Petits Précis à déguster sont une introduction ludique à l'algèbre, la géométrie, la physique ou encore la chimie. Au fil des pages, le lecteur est entraîné dans un voyage fascinant à travers la vie et les découvertes des plus grands scientifiques jusqu'à nos jours. Illustré de nombreux exemples, chaque titre est enrichi d'exercices et autres énigmes qui constituent autant de défis à relever...

Belin:
Disponible en librairie
ou sur www.pourlascience.fr/librairie

**176 pages - 16,00€
14,5 x 21,5 cm
cartonné**

**savourez-la science
avec Les petits précis
à déguster !**