

Modèle quasi-statique pour simuler les échanges ioniques dans les cellules de garde des plantes

Guillaume MESTDAGH, Équipe Inria Mosaic - Lyon

Christophe GODIN, Équipe Inria Mosaic - Lyon

Alexis DE ANGELI, Institut de sciences des plantes de Montpellier - Montpellier

Les plantes contrôlent leurs échanges gazeux avec l'atmosphère au moyen de petits trous placés sur leurs feuilles, les stomates. Un stomate est flanqué de deux cellules, dites de garde, qui contrôlent son ouverture. En particulier, partant d'une configuration où le stomate est fermé, les cellules de garde initialement au repos se gonflent d'eau pour prendre une forme incurvée libérant le passage à travers le stomate. Les stomates jouent un rôle crucial dans la tolérance de la plante au stress environnemental, et leur étude est liée à des sujets comme la production agricole sous un climat sec.

L'entrée d'eau dans la cellule de garde par osmose est le fruit d'une série d'échanges d'ions entre les différents compartiments de la cellule (cytoplasme et vacuole) et l'extérieur, au moyen de transporteurs actifs et passifs. En particulier, la synchronisation entre les transporteurs des différentes membranes est peu connue [1], et son étude fait intervenir des quantités difficiles à mesurer expérimentalement, comme les concentrations en ions dans la vacuole. Le but du projet est donc de créer un modèle physique pour tenter d'en savoir plus sur l'ouverture du stomate. Ce modèle doit être aussi simple que possible pour être compris par des biologistes.

Dans cet exposé, nous présenterons un modèle illustrant le mécanisme d'ouverture du stomate à partir de phénomènes physiques simples, dans lequel la cellule est réduite à un ensemble de compartiments échangeant des réactifs à l'aide de transporteurs. Alors que de nombreux modèles d'échanges d'ions dans les cellules sont basés sur des équations différentielles ordinaires [3, 2], parfois peu lisibles, nous proposons un modèle quasi-statique basé sur la minimisation d'une fonction d'énergie dans un ensemble admissible qui varie au cours du temps, ce qui réduit le nombre de paramètres nécessaires. Par ailleurs, notre modèle permet de mettre en lumière certains aspects du problème, car les propriétés des termes de la fonction d'énergie sont liées aux rapports de force entre les phénomènes chimiques, électrostatiques et mécaniques qui influencent le système.

Notre implémentation numérique, basée sur la bibliothèque Jax, tire profit de la dérivation automatique pour tester diverses approches numériques à moindre coût. Nous présenterons plusieurs simulations et discuterons l'utilité du modèle pour répondre aux questions de notre collègue biologiste par rapport à un modèle basé sur des EDO. En particulier, nous utiliserons une analyse de sensibilité pour expliquer certains phénomènes observés expérimentalement.

- [1] P. Cubero-Font, A. De Angeli. *Connecting vacuolar and plasma membrane transport networks*. *New Phytologist*, **229(2)**, 755–762, 2021. doi :10.1111/nph.16983.
- [2] S. Gerber, M. Fröhlich, H. Lichtenberg-Fraté, S. Shabala, L. Shabala, E. Klipp. *A thermodynamic model of monovalent cation homeostasis in the yeast *saccharomyces cerevisiae**. *PLoS Comput. Biol.*, 2016.
- [3] A. Hills, Z.-H. Chen, A. Amtmann, M. R. Blatt, V. L. Lew. *Onguard, a computational platform for quantitative kinetic modeling of guard cell physiology*. *Plant Physiology*, **159(3)**, 1026–1042, 2012. doi :10.1104/pp.112.197244.