

Modelización hidrodinámica de partículas autopropulsadas y de rotores. Movimiento de bacterias.

Isaac Llopis*, Ignacio Pagonabarraga

Departament de Física Fonamental, Facultat de Física, Universitat de Barcelona, Barcelona, Spain

Muchas bacterias se desplazan en fluidos autopropulsadas por mecanismos internos. Hay diferentes mecanismos, los más habituales son la oscilación de uno o varios flagelos situados en una región de la membrana (Fig.1), es el caso de la *E.coli*, por ejemplo. Otro mecanismo es el movimiento cíclico no reversible de cilios situados a lo largo de toda la membrana bacteriana, como en la opalina.

Estos organismos micrométricos se mueven a velocidades tales que el número de Reynolds es tal que el término inercial puede menospreciarse. El acoplamiento hidrodinámico es esencial para la cooperación entre partículas y su agregación en el movimiento colectivo. Hemos elaborado un modelo sencillo de partículas autopropulsadas para estudiar el papel de la hidrodinámica en el movimiento de este tipo de objetos. Para ello se han hecho simulaciones lattice-Boltzmann. A través de este método hemos simulado la dinámica de partículas autopropulsadas que se mueven en un fluido de número de Reynolds bajo. El modelo numérico incluye el acoplamiento hidrodinámico con el solvente en el que se mueven las partículas, de una manera tal que es fácil controlar el papel de la hidrodinámica en tales suspensiones.

Las funciones de distribución de velocidades muestran grandes desviaciones respecto al comportamiento gaussiano en tiempos tales que las partículas aún no han colisionado con las vecinas, lo que llamamos tiempos cortos. Esto es una clara evidencia de que el sistema se encuentra fuera del equilibrio termodinámico. A tiempos largos las partículas colisionan repetidas veces con otras, cambiando considerablemente la configuración respecto a la condición inicial.

El desplazamiento cuadrático medio nos da la información de los diferentes regímenes dinámicos, después de colisionar repetidas veces, el movimiento es difusivo. Sin embargo, a fracciones volúmicas bajas, eventualmente, hay una transición a movimiento balístico debido a la cooperación entre ellas¹ (Fig.2).

En la charla se discutirán las estructuras formadas y como se correlacionan con el comportamiento dinámico.

En la biología también hay varios ejemplos de rotores, como la base de los cilios o la ATP-asa. Presentamos un mecanismo análogo al de propulsión para ellos. En este caso, al tenerlos en suspensión, se desplazarán pero no lo harán por ellos mismos sino por las interacciones con los otros rotores. Caracterizaremos la velocidad colectiva y su implicación a tiempos largos, cuando se difunden en el sistema. Analizaremos las diferencias con la difusión de suspensiones de partículas pasivas y el estado de equilibrio o no equilibrio, junto a la medida de una cierta

temperatura efectiva que caracterice el sistema².



Figura 1. La bacteria *E. coli* usa estructuras largas y delgadas llamados flagelos para propulsarse ella misma (Nicolle Rager Fuller, National Science Foundation).

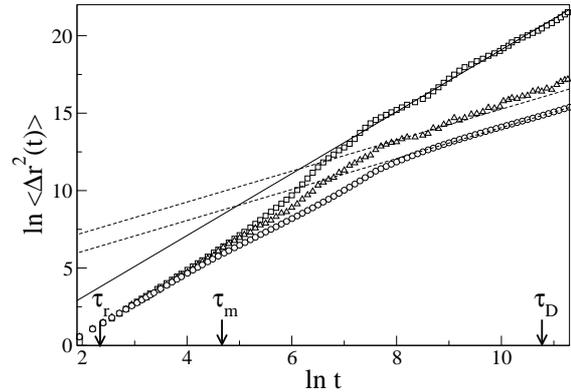


Figura 2. Desplazamiento cuadrático medio en una suspensión de partículas activas en un sistema bidimensional de 400 partículas a $Re = 0.25$. La línea continua corresponde al movimiento balístico, $\langle \Delta r^2(t) \rangle \sim t^2$, la línea discontinua al difusivo, $\langle \Delta r^2(t) \rangle \sim t$. Los círculos son los datos de fracción volúmica alta (0.282) mientras que los cuadrados y triángulos son a fracción volúmica baja (0.1) para dos condiciones iniciales diferentes. Los tiempos característicos: $\tau_r \sim R^2/\nu \sim 10$, $\tau_m \sim R/u_\infty \sim 100$ y $\tau_D \geq R^2/D \sim 5 \cdot 10^4$.

¹ I. Llopis and I. Pagonabarraga, *Europhys. Lett.* **75**, 999 (2006).

² I. Llopis and I. Pagonabarraga, *submitted to Eur. Phys. J. E.*

* isaacll@ffn.ub.es