

# Un modèle fluide de migration unicellulaire

Christèle ETCHEGARAY, Université Paris-Sud

Nicolas MEUNIER, Université Paris-Descartes

Raphaël VOITURIEZ, CNRS - UPMC

**Mots-clés :** Migration cellulaire, gel actif, convection-diffusion

La migration cellulaire joue un rôle fondamental dans bon nombre de processus physiologiques, comme l'embryogenèse, la cicatrisation, ou encore la formation de métastases. Or, le comportement migratoire d'une cellule est le résultat d'une activité complexe intégrée sur différentes échelles spatiales et temporelles, rendant sa compréhension difficile. Notre but est de construire un modèle minimal de trajectoires tenant compte des différentes échelles impliquées dans la migration.

Nous nous intéressons ici à la reptation de cellules placées sur une surface adhésive plane. Une étude récente [3] met en évidence un processus universel par lequel les structures responsables de la migration renforcent la polarisation de la cellule, ce qui favorise en retour un déplacement directionnel. Cette boucle positive passe par le transport d'un marqueur moléculaire, dont la répartition inhomogène caractérise un état polarisé.

Dans cet exposé, je présenterai un modèle déterministe de migration unicellulaire en domaine non-déformable. Dans un premier temps, j'expliquerai comment les structures internes liées à la migration peuvent être décrites par un fluide actif, suivant [1]. Dans cette approche, le caractère actif est porté notamment par des termes de bord, ce qui fait son originalité. Puis, nous verrons que la concentration en marqueur est soumise à une équation de convection-diffusion, où le champ de convection correspond au champ de vitesse du fluide. Enfin, la répartition du marqueur sur le bord du domaine exerce un feedback sur le fluide.

Du point de vue analytique, il est possible d'étudier le modèle 1D, et de mettre en évidence des états stationnaires, ainsi qu'un phénomène de dichotomie : une masse critique distingue la convergence vers un état stationnaire de l'apparition d'un blow-up en temps fini. Nous verrons que ce modèle étend des résultats obtenus pour un modèle de polarisation [2]. Des simulations numériques 2D seront présentées. Enfin, nous verrons comment considérer la même dynamique sur un domaine à frontière libre, et obtenir des simulations numériques de déplacement et déformations cellulaires réalistes.

## Références

- [1] K. KRUSE, J. F. JOANNY, F. JÜLICHER, AND J. PROST., *Contractility and retrograde flow in lamellipodium motion.*, Phys Biol, 3(2):1307, Jun 2006.
- [2] T. LEPOUTRE, N. MEUNIER AND N. MULLER, *Cell polarisation model: the 1D case*, J. Math. Pures Appl.
- [3] P. MAIURI, ET AL., *Actin flows mediate a universal coupling between cell speed and cell persistence*. Cell 161, 374 386 (2015).

**Christèle ETCHEGARAY**, Bât. 425, Faculté des Sciences d'Orsay, Université Paris-Sud, 91405 Orsay cedex  
christele.etchegaray@math.u-psud.fr

**Nicolas MEUNIER**, MAP5, Université Paris Descartes, 45 rue des Saints Pères, 75270 Paris Cedex 06  
nicolas.meunier@parisdescartes.fr

**Raphaël VOITURIEZ**, Laboratoire de la Physique Théorique et de la Matière Condensée, Laboratoire Jean Perrin, CNRS/UPMC, 4 Place Jussieu, 75255 Paris Cedex  
voiturie@lptmc.jussieu.fr