

# Un modèle de migration cellulaire incluant l'action des microtubules

**Rémi TESSON**, Aix-Marseille Université

**Florence HUBERT**, Aix-Marseille Université

**Stéphane HONORE**, Aix-Marseille Université

**Mots-clés** : Stokes, Volumes finis, Réaction-Diffusion, DDFV, Level-Set, Migration Cellulaire

L'angiogenèse et les métastases sont deux phases du développement du cancer qui font intervenir de manière cruciale la migration cellulaire. L'efficacité de drogues, telles les anti-microtubules, dans l'altération de la migration des cellules a été démontrée, ce qui justifie leur utilisation actuelle en tant que thérapies ciblées contre le cancer.

La migration cellulaire étant un processus biologique complexe, le but de ce travail est de proposer un modèle mathématique permettant de décrire la migration d'une cellule afin de mieux comprendre l'implication des microtubules dans ce processus.

Nous étudions initialement un modèle proposé dans [1] qui décrit la déformation et le mouvement de la membrane d'une cellule. Il s'agit d'un modèle 2D à frontière mobile dans lequel l'ensemble  $\Omega(t)$  représentant la cellule se déplace dans le plan à une vitesse déterminée par des équations de Stokes. Le modèle prend en compte l'action d'une force protrusive qui représente l'effet de certains signaux biochimiques générés par la cellule. L'évolution de ces signaux biochimiques étant décrite à l'aide d'équations de type réaction-diffusion.

Nous introduisons par la suite dans ce modèle une force contractile générée par un second signal biochimique. Ces signaux biochimiques peuvent être biologiquement reliés à l'action des protéines Rac et Rho sur respectivement la force protrusive et la force contractile. Les microtubules servent alors à moduler l'action de ces différentes protéines au sein du cytoplasme.

Nous présenterons la modélisation permettant d'aboutir au système d'EDO constitué d'équations de Stokes et d'équations de réaction-diffusion. Ensuite nous proposerons plusieurs méthodes numériques permettant de traiter ce genre de modèle. En particulier nous nous concentrerons sur la problématique du suivi d'interface. Des résultats numériques viendront illustrer les méthodes présentées.

## Références

- [1] S. VANDERLEI, J.J FENG AND L. EDELSTEIN-KESHET, *A computational model of cell polarization and motility coupling mechanics and biochemistry*, Multiscale Model Simul, 2010.

**Rémi TESSON**, I2M,39, rue F. Joliot Curie 13453 Marseille Cedex 13  
remi.tesson@univ-amu.fr

**Florence HUBERT**, I2M,39, rue F. Joliot Curie 13453 Marseille Cedex 13  
florence.hubert@univ-amu.fr

**Stéphane HONORE**, CRO2, Aix-Marseille université  
stephane.honore@univ-amu.fr