

# Modélisation du mouvement collectif de cellules : estimation d'énergie et simulations numériques

*jeudi 9 novembre 2023 15:30 (45 minutes)*

Les cellules et leur environnement constituent une matière active à l'origine de dynamiques complexes, par exemple lors du développement embryonnaire, de la croissance d'une tumeur ou d'un processus de cicatrisation. Dans une approche interdisciplinaire, combinant mathématiques et biophysique, nous nous intéressons à la modélisation mathématique du mouvement collectif de cellules. Chaque cellule possède une polarité, c'est-à-dire une direction privilégiée pour exercer des forces et se déplacer, qui a tendance à s'aligner localement avec celle des cellules voisines. C'est de cet alignement entre voisins qu'émergerait, comme dans le cas d'un vol d'étourneau ou d'un banc de poissons, la migration cellulaire collective observée expérimentalement.

Dans cet exposé, nous présenterons donc la construction d'un modèle mathématique continu pour les milieux polaires actifs à surface libre. Nous utiliserons une extension de la méthode des matériaux standards généralisés : nous définirons une énergie libre de Helmholtz et un potentiel de dissipation (qui rend compte des processus irréversibles, comme les frottements entre cellules et avec le substrat), à partir desquels nous déduirons des équations constitutives qui vérifient, par construction, le second principe de la thermodynamique. Leur formulation se fera à l'aide de principes issus de la théorie des gels actifs, elle-même basée sur la théorie des cristaux liquides, théories qui montrent comment introduire un champ non mécanique partageant les caractéristiques attendues de la polarité.

L'approche thermodynamique a l'avantage de définir et de permettre d'estimer naturellement l'énergie du système. Tandis que pour les matériaux passifs, une telle estimation se doit de montrer la décroissance en temps de l'énergie libre, pour les matériaux actifs (donc pour les cellules) cette propriété n'est pas toujours vérifiée. Dans le contexte biophysique qui nous intéresse, cette estimation est donc précieuse car elle donne une idée de l'influence des termes actifs sur la dynamique du système. Nous illustrerons enfin le modèle par des simulations numériques obtenues à l'aide de la méthode des éléments finis.

**Orateur:** SHOURICK, Nathan

**Classification de thématique:** Exposé