

Méthodes mathématiques pour l'oncologie

Hugo MARTIN, INSERM unité 900 - Saint-Cloud

L'apport des mathématiciennes et mathématiciens à l'oncologie ne cesse de croître, voir par exemple [3, 1]. Nous nous proposons ici de donner la parole à de jeunes chercheurs et chercheuses dont les travaux de recherche s'appliquent à l'oncologie, et dont les méthodes relèvent aussi bien du déterministe que du stochastique.

Les orateurs et oratrices de ce mini-symposium sont :

- Emma Leschiera : elle nous parlera d'un modèle décrivant les interactions entre les cellules CD8 T et une population hétérogène de cellules tumorales, qui tient compte du déplacement des cellules CD8 T par chimiotactisme. Sont ainsi mises en lumière deux composantes essentielles de l'hétérogénéité tumorale qui influent sur la réponse immunitaire : le nombre de sous-populations dans la tumeur et leur diversité antigénique.
- Hugo Martin : je parlerai d'un modèle EDO de pharmacocinétique et pharmacodynamique de chronothérapie du témozolomide, couplé à une EDP de population, rendant compte de la dynamique de la distribution de dommages à l'ADN dans la population. Il s'agit ici de reproduire les données d'un travail expérimental [2]. Pour cela, on calibre le modèle avec un algorithme standard de minimisation afin de trouver l'heure optimale (au sens de l'efficacité, qui est souvent en opposition de phase avec la toxicité) de prise du médicament.
- Mathieu Mézache : il nous parlera d'un modèle de croissance du cancer pancréatique couplé aux axones neuronaux, permettant de décrire et simuler les interactions entre ces deux types de cellules. La motivation principale de ce travail est de quantifier l'impact de la dénervation sur la croissance de la tumeur à un moment précis, afin d'en tirer des connaissances biologiques. Pour cela, le modèle est calibré à partir d'une procédure d'optimisation.
- Alexandre Poulain : il nous présentera une modélisation se basant sur l'équation de Cahn-Hilliard, plus exactement une variante qui rend compte de tumeurs solides. Après un exposé des difficultés, en particulier numériques, Alexandre nous parlera d'une relaxation de ce modèle mise au point pour répondre à celles-ci. S'en suivra son analyse théorique et la présentation d'un schéma numérique de type éléments finis qui préserve des propriétés intéressantes du système.

Références

- [1] Víctor M. PÉREZ-GARCÍA et al. « Applied Mathematics in Oncology. How can we help cancer patients? » In : *ICIAM Valencia Intelligencer*. 2019.
- [2] Emily A. SLAT et al. « Cell-intrinsic, Bmal1-dependent Circadian Regulation of Temozolomide Sensitivity in Glioblastoma ». In : *Journal of Biological Rhythms* 32.2 (mar. 2017), p. 121-129.
- [3] K.A. ZIELIŃSKA et V.L. KATANAIEV. « Information Theory : New Look at Oncogenic Signaling Pathways ». In : *Trends in Cell Biology* 29.11 (nov. 2019), p. 862-875.