

Modélisation mathématique du cancer et de son environnement

Florence HUBERT, I2M, Aix-Marseille Université - Marseille
Mathieu MEZACHE, MaIAGE, INRAE - Jouy-en-Josas

La modélisation mathématique du cancer est devenue un outil incontournable dans la compréhension et la recherche en oncologie. Les méthodes utilisées sont variées et nous proposons un aperçu de quelques-unes des approches actuellement développées. Dans ce minisymposium, on se concentre plus précisément sur l'interaction entre la tumeur et son environnement.

Les orateurs presentis sont :

- Marie-Jose Chaaya (I2M, Aix-Marseille Université) : elle présentera un modèle d'interactions entre tumeur–système nerveux dans le cas du cancer du pancréas. Le modèle couple une équation structurée par phénotype pour la progression tumorale avec un système dynamique pour représenter l'évolution de la concentration d'axones. Le modèle est construit à partir d'hypothèses biologiques et est calibré sur des données expérimentales en utilisant une procédure d'optimisation. La motivation principale est de quantifier l'impact de la dénervation sur la croissance tumorale à un moment donné et de confirmer ou de réfuter certaines hypothèses biologiques.
- Christian Tayou Fotso (LJAD, Université Côte d'Azur) : il présentera un modèle de mélange pour étudier les interactions tumeur–système immunitaire. Les équations prennent en compte la géométrie de l'expansion tumorale et le mouvement des cellules immunitaires, piloté par des mécanismes de diffusion et de chimiotaxie. Elles prennent également en compte les contraintes liées aux nutriments et à l'oxygène. En outre, l'action des cytokines sur le microenvironnement tumoral joue un rôle crucial dans le développement des tumeurs. Des recherches numériques/simulations analysent l'impact des différents paramètres de modélisation.
- Alexandre Poulain (Laboratoire Paul Painlevé, Université de Lille) : il présentera une modélisation mathématique des tumeurs en utilisant l'équation de Cahn-Hilliard. Cet exposé traitera de l'équation de Cahn-Hilliard et de son application à la représentation mathématique des tumeurs. Durant cet exposé, des aspects de modélisation, d'analyse de propriétés des solutions du modèle et de simulation numérique seront abordés. En particulier, l'exposition d'un nouveau modèle couplant Cahn-Hilliard et Navier-Stokes compressible sera proposée. Ce modèle a pour but de représenter l'invasion d'un tissu sain par une tumeur et d'étudier les effets mécaniques lors de ce processus.
- Sébastien Benzekry (équipe COMPO, Inria–Inserm) : il présentera une approche intégrant modélisation cinétique et apprentissage pour la prédiction des résultats de l'immunothérapie dans le cancer du poumon. Dans son exposé, il présentera les résultats de deux études. Toutes deux portent sur la prédiction des résultats après une immunothérapie dans le cancer du poumon (Non-Small Cell Lung Cancer). La première combine l'apprentissage automatique et la pharmacométrie pour les prédictions individuelles, la seconde est une analyse intégrative de biomarqueurs multimodaux de niveau profond recueillis au cours de la grande étude clinique PIONeeR. L'ajout de caractéristiques dynamiques basées sur un modèle aux données d'apprentissage améliore le pouvoir prédictif de cette approche et aboutit à un modèle intégratif qui surpasse les méthodes de prédiction les plus récentes.

Cette thématique de recherche est supportée par le groupe MABIOME.