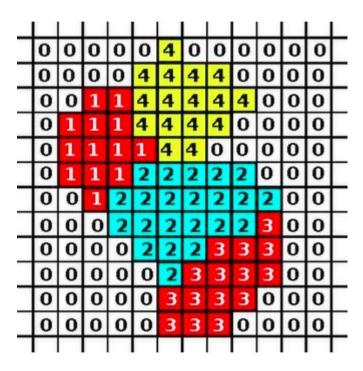
# Modélisation dynamique de l'interface entre deux tissus cellulaires

Stage M2 SBCP Djamal Chekroun 28 juin 2022

#### Objectifs du stage

- mettre au point un programme informatique modélisant en 2D l'interface entre deux tissus cellulaires actifs, soumis à l'agitation thermique et aux réarrangemements entre cellules,
- simuler la division et l'apoptose des cellules,
- caractériser les spectres des interfaces (après avoir vérifié la décorrélation temporelle sur une longue période),
- caractériser la forme des interfaces et leurs spectres par rapport à un modèle théorique,

#### Modèle Cellulaire de Potts



Grille de cellules

A chaque pas de temps, exécution d'un Monte Carlo Sweep

2	3	4
2	1_	1
6	1	5

Modification 1=> 4 si energie plus basse ou avec la probabilité exp(-deltaE/T)

## Modélisation de l'énergie

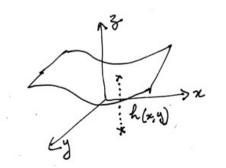
Cellules biologiques actives en 2D:

$$H = \sum_{cells < i,j>} \gamma_{ij} \mathcal{L}_{ij} + \frac{B}{2A_0} \sum_{cells i} (A_i - A_i^0)^2$$

Modèle cellulaire de Potts :

$$H = \sum_{sites < k, l > J(\sigma_k, \sigma_l)(1 - \delta_{\sigma_k, \sigma_l}) + \lambda \sum_{cells \ i} \frac{(A_i - A_i^0)^2}{A_i^0}$$

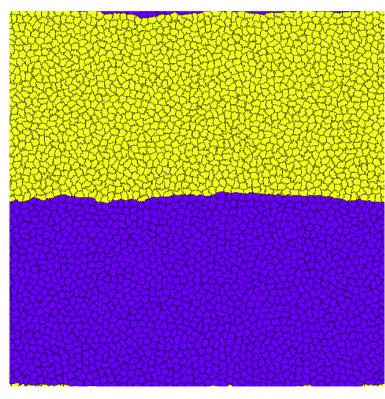
Analogie avec le spectre d'une membrane :



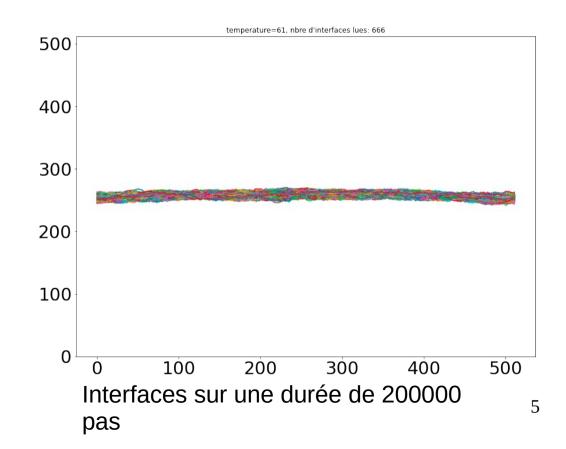
Amplitude des modes :

$$<|\tilde{h}(\overrightarrow{k})|^2> = \frac{k_b T}{\sigma k^2 + \kappa_b k^4}$$

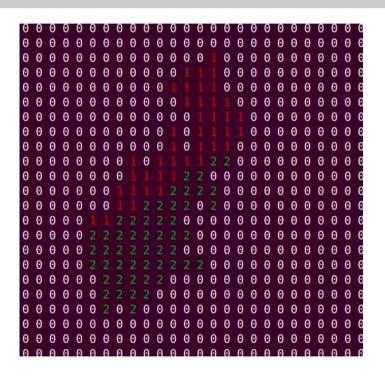
## Interface avec agitation thermique



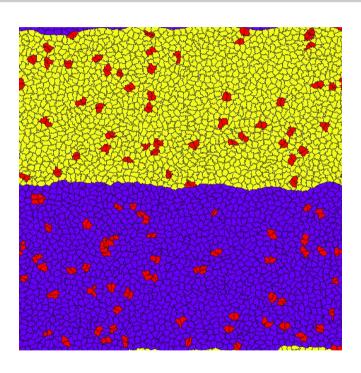
Grille 512x512



#### Modélisation de la division cellulaire



Division cellulaire et contrôle de la connexité



Affichage des cellules divisées

X % des cellules de surface > (3/4) surface cible divisent à chaque pas

## Modélisation de l'apoptose

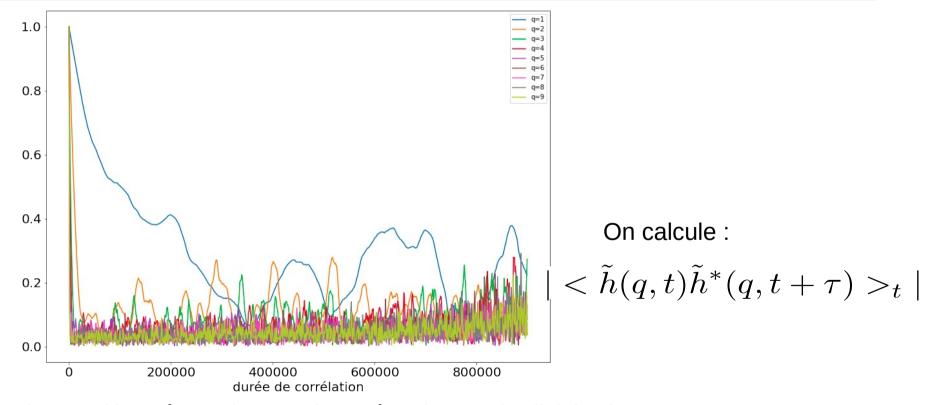
L'apoptose est déclenchée lorsque les cellules sont trop compressées (il s'agit en fait d'une extrusion en 3 dimensions).

Elle est déclenchée dans la modélisation lorsque la surface moyenne pour un type de cellules est plus faible d'un certain seuil que la surface cible.

Et alors un pourcentage équivalent des cellules sont détruites.

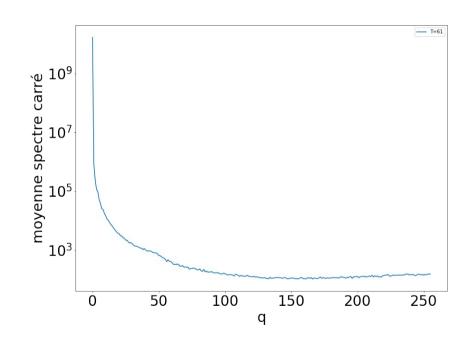
Si surface moyenne < surface cible (1-y%) alors y % des cellules sont condamnées à chaque pas

#### Corrélations temporelles des spectres

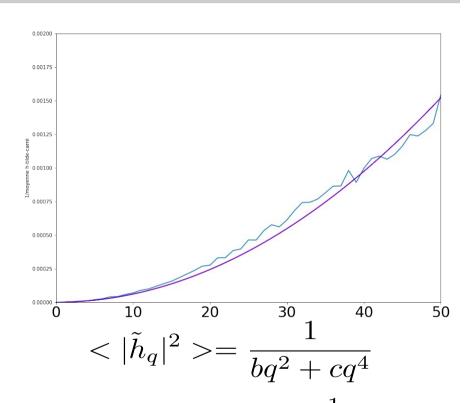


On n'atteint pas l'homéostasie avec les mécanismes de division/apoptose retenus

## Spectres avec agitation thermique

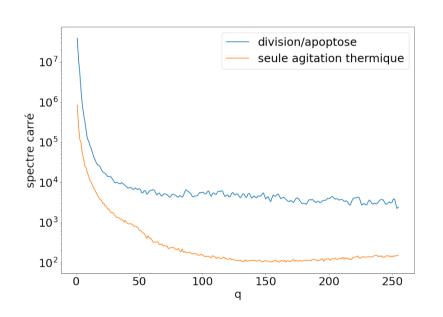


Modes principaux aux longueurs d'onde < taille cellule

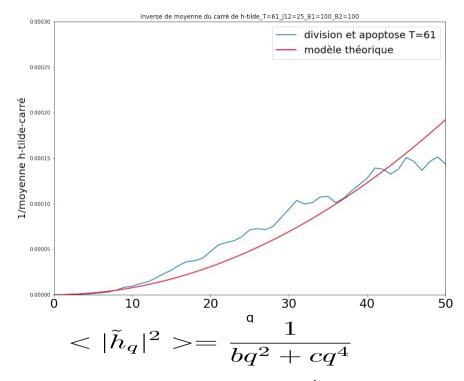


On représente : 
$$\frac{1}{<|\tilde{h}_q|^2>}$$

## Spectres avec division/apoptose



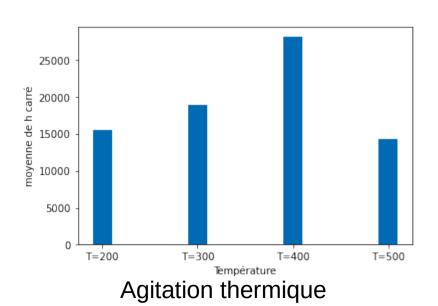
Spectres avec/sans division/apoptose

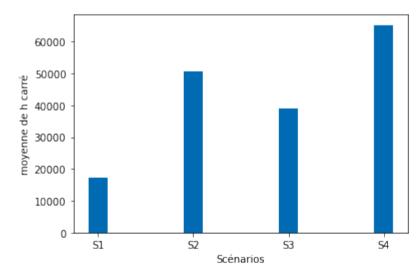


On représente : 
$$\frac{1}{<|\tilde{h}_q|^2>}$$

## Température effective

On calcule la rugosité  $<\!\!h^2\!\!>_{\rm t}$  avec  ${\bf h}^2\!\!=\!\sum_{i=0}^N h_i^2$  ,  ${\it h}_{\rm i}$  hauteur centrée





Division cellulaire/apoptose

=> température effective S1 = 300

#### Conclusions

Le programme modélisant l'interface entre deux tissus cellulaires actifs avec agitation thermique, division cellulaire, apopotose est opérationnel de même que le script en Python faisant l'analyse des interfaces et de leur spectre.

On a montré que l'évolution avec division et apoptose est plus dynamique qu'avec la seule agitation thermique, l'intensité des fluctuations étant supérieure à tous les modes.

L'adéquation est bonne avec le modèle théorique, avec un module de flexion négligeable dans tous les cas.

Avec les mécanismes de division/apoptose implémentés, l'homéostasie n'est pas complétement atteinte après une longue durée.

On peut faire correspondre à une configuration division/apoptose une agitation thermique au travers d'une température effective

## Architecture logicielle

#### Programme C:

- à partir d'un programme existant,
- éxecute à chaque pas de temps un Monte Carlo Sweep
- produit le fichier des interfaces et les graphiques

#### Script Python:

- lit le fichier des interfaces
- calcule les spectres et les corrélations temporelles
- produit les graphiques

#### 2 repos github:

- lecture commentée du code existant
- code écrit ou modifié