

42ème Colloque Société Francophone de Biologie Théorique

Laboratoire de Mathématiques et Applications et CHU de Poitiers

Du 21 au 24 juin 2026



Anne-Karine Bouzier-Sore

Centre de Résonance Magnétique
des Systèmes Biologiques, Bordeaux

Jean-Paul Chehab

Université de Picardie Jules Verne

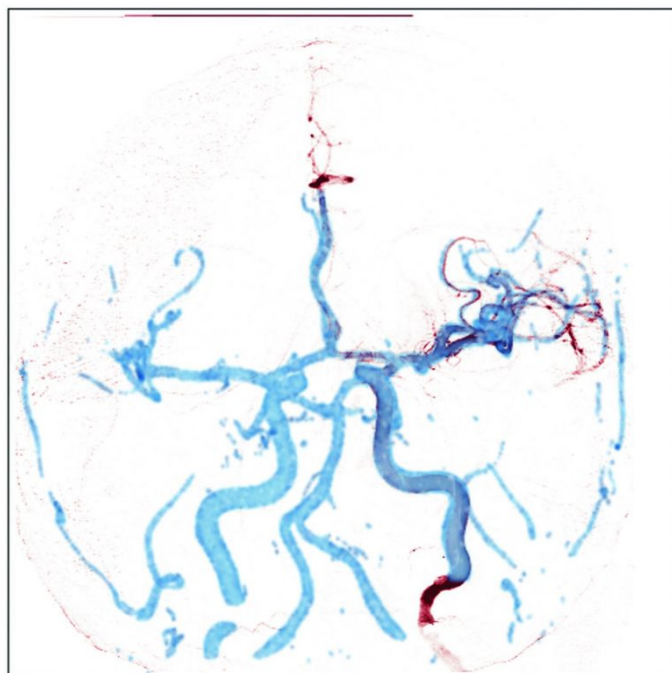
Yves Coudière

Université de Bordeaux

Didier Dacunha-Castelle

Université Paris-Sud Orsay

Thomas Daubon, Institut de Biochimie
et Génétique Cellulaires, Bordeaux



Baudouin Denis de Senneville

Institut Mathématique de Bordeaux

Alfredo Hernandez, INSERM, Rennes

Leo Meyer, Faculté de Mathématiques
de l'Université de Vienne, Autriche

Denis Noble, Université d'Oxford, Royaume Uni

Luc Pellerin, CHU et Université de Poitiers

Clair Poignard, INRIA, Rennes

Stéphanie Salmon, Université de Reims

Eya Torkhani, Université Paris Nanterre

Dumitru Trucu, Université de Dundee, Ecosse

Comité scientifique

Pierre Auger (Académie des Sciences), **Alain Bardou** (INSERM U642, Rennes), **Jean-Baptiste Bellet**,
(Université de Poitiers), **Laurence Cherfils** (Université de La Rochelle), **Julien Dambrine** (Université de Poitiers),
Jacques Demongeot (Université de Grenoble-Alpes), **Rémy Guillevin** (CHU et Université de Poitiers),
Alain Miranville (Université Le Havre Normandie), **Martin Rosalie** (Université de Perpignan Via Domitia),
Angélique Stéphanou (CNRS Alpes)

Comité d'organisation

Jocelyne Attab, **Philippe Augustin**, **Jean-Baptiste Bellet**, **Matthieu Brachet**, **Julien Dambrine**, **Nathalie Mongin**,
Madalina Petcu (LMA) ; **Carole Guillevin**, **Rémy Guillevin**, **Guillaume Herpe** (LMA et CHU)

Dernière mise à jour le 16 avril 2026



MARGAU
Fédération Mathématique
de Recherche
en Région Nouvelle-Aquitaine

Jumeaux Numériques et Intelligence artificielle : Exemples, enjeux et perspectives en technologies pour la santé

Alfredo Hernandez — Université de Rennes, Inserm, LTSI - UMR 1099, F-35000 Rennes, France

Le rôle de la modélisation, de la simulation et de l'intelligence artificielle (IA) appliquées à l'analyse des processus biologiques ou physiologiques est désormais clairement établi. Les méthodes et techniques associées à ces champs de recherche promettent une médecine personnalisée, une amélioration de la qualité, de l'efficacité et d'accès aux soins, une meilleure prévention et gestion des maladies. . . Cependant des défis éthiques, techniques et relationnels majeurs doivent être surmontés pour garantir sécurité, efficacité, équité et confiance, notamment en termes de transparence et d'explicabilité.

Cette présentation développe une vision intégrée de continuum entre les modèles à boîte noire, souvent utilisés en apprentissage automatique, et les modèles de connaissances, employés dans des approches de jumeaux numériques. Au centre de ces différentes approches se trouvent des modèles, créés avec différents formalismes mathématiques, avec différentes propriétés, et très largement utilisés de façon indépendante. Plusieurs exemples de notre activité de recherche dans le cadre de l'étude des systèmes cardiovasculaire et respiratoire seront présentés. Ils couvrent chacun de ces formalismes, ainsi que le couplage entre différents formalismes, dans le cadre de modèles hybrides. Une approche intégrée permettant de coupler ces modèles avec le monde réel, en utilisant un véritable paradigme de jumeau numérique sera également présenté, avec des exemples. Ces approches intégrées facilitent la transparence, l'explicabilité et, in fine, le transfert technologique pour créer des dispositifs médicaux innovants, utilisés dans la clinique.

La place de l'évolution et du vivant dans les « sciences en ique »

Didier Dacunha-Castelle — ancien Professeur Université Paris Saclay (mathématiques Orsay)
et à l'ENS

Les mathématiques comme la physique prennent des orientations nouvelles et doivent repenser leurs fondements en lien avec l'informatique et la biologie, surtout avec l'évolution. Deux domaines sont les moteurs de ces orientations, les mathématiques de l'aléatoire, probabilités et statistiques, et la logique. J'insisterai sur le caractère le plus souvent aléatoire du vivant, sur l'apport de la statistique moderne, dont l'intelligence artificielle, et ses analogies avec l'intelligence dans le vivant liée à la capacité prédictive des espèces et sur le problème du code neuronal où de nouvelles voies sont à explorer.

La partie logique est fondée sur un théorème essentiel de Jean Louis Krivine (2020) : A toute démonstration mathématique on peut faire correspondre un programme. C'est l'extension de la correspondance de Curry-Howard qui portait des mathématiques élémentaires. Ces programmes sont écrits dans un langage machine, la logique combinatoire de Curry-Krivine. Je ne donnerai aucun détail technique sauf sur l'introduction en mathématiques de concepts de l'informatique. Conséquence : une preuve est correcte ssi le programme associé est sans bug.

La thèse est celle-ci : Le cerveau est en interaction avec son environnement. La trace de cette interaction pour la partie physique de l'environnement, après évolution, est devenue non aléatoire, ce sont des programmes ou plus exactement des bibliothèques de programmes dont certains paramètres sont fixés de manière quasi instantanée. Ce sont des programmes universels et intemporels, héréditaires car l'environnement physique (du cerveau) des mammifères a été très stable pendant des millions d'années. Ces programmes correspondent à ce que l'on appelle malheureusement les lois de la physique, en fait des énoncés mathématiques obtenues par décompilation des programmes du cerveau ! Cette démarche introspective est ce que l'on appelle l'intuition mathématique ! Les mathématiques et la physique (écrite en mathématiques) sont donc un produit de la dynamique culturelle propre à la seule espèce Sapiens. La seule mathématique présente dans le cerveau est celle acquise par un individu au cours de son existence, rien d'héréditaire. Ces mathématiques sont ensuite utilisées à d'autres usages que ceux relevant de l'évolution, par exemple à fabriquer un avion. Les mathématiques traduites des programmes installés lors de l'évolution comprennent l'Analyse (en gros les mathématiques des réels) par exemple la mécanique quantique. L'évolution « explique » la place de l'observateur unique. L'intrication des particules conduit à des paradoxes car les expériences relèvent de la présence simultanée de deux observateurs, situation ne relevant en aucun cas de l'évolution ! Ce type de considération s'applique à l'IA. Il y a assez peu de ressemblance entre les réseaux de neurones artificiels et le fonctionnement du cerveau.

Les programmes du cerveau sont écrits dans un code inconnu, le connaître apportera un grand progrès scientifique. Les mathématiques sont donc obtenues par décompilation de ces programmes, elles sont un langage de programmation très efficace, par exemple une instruction comme l'infini que l'on comprend bien ici comme un raccourci. L'imagerie médicale malgré ses immenses progrès, ne permet pas, à ce jour, d'avancées sur le code neuronal. Et l'IA ne trouvera pas, sans doute d'applications dans cette direction, malgré ses apports à la biologie, l'évolution explique en partie les qualités et les limites de l'IA.

La contribution de la biologie théorique a la resolution de l'impasse geno-centrique

Denis Noble — Université d'Oxford, Angleterre
Reine Bourret — Chercheur indépendant, Paris, France

Plus d'un quart de siècle après la promesse de Francis Collins (directeur des NIH) que, dans les dix ans suivant le séquençage du génome humain, les maladies mortelles courantes seraient éradiquées, le Projet Génome Humain a lamentablement échoué dans sa mission. Parallèlement, tous les pays développés sont confrontés à une crise de leurs systèmes de santé, saturés par les maladies liées au vieillissement. Ce que nous appelons l'impasse génocentrique n'a pas seulement échoué dans sa mission primordiale; elle a également privé d'autres approches des maladies multifactorielles des financements nécessaires, ce qui, à la limite, retarde les progrès de la médecine et donc prive les populations de prévention ou de traitements adéquats.

Notre présentation exposera une voie de sortie de cette impasse. Nous présentons ce travail lors de cette réunion car il illustre combien négliger la biologie théorique constitue une stratégie risquée en recherche dans le domaine capital qu'est la santé. Nous démontrerons comment la modélisation informatique en biologie a non seulement permis d'identifier la causalité, mais aussi qu'elle ne se confond généralement pas avec l'association. Un score d'association nul peut même masquer une causalité fonctionnelle importante. Notre exemple détaillera également le processus de développement d'un nouveau médicament sûr.

Cette impasse aurait-elle pu être évitée ? Oui, si le monde avait bien écouté ceux qui analysent comment interpréter les scores d'association génomique.

Cardiac vs. tumor electroporation for clinical applications

Clair Poignard — AIMOKA: Inria, APHP, Univ. Sorbonne Paris-Nord

Electroporation consists of destabilizing the cell membrane using short, high-voltage pulses. Depending on the electrical parameters, it can either induce cell death with minimal thermal effects — referred to as irreversible electroporation — or transiently increase membrane permeability to molecules such as cytotoxic drugs or plasmids — referred to as reversible electroporation. In tumor ablation, electroporation enables non-thermal destruction of cancer cells while preserving surrounding healthy tissues. These unique advantages make it a powerful alternative to conventional thermal ablation techniques, particularly for tumors located near vital structures. In cardiology, electroporation has recently emerged as a promising alternative to radiofrequency ablation because it selectively disrupts cardiomyocytes without damaging nearby structures such as the esophagus, allowing safer and more precise lesion formation. Despite these advantages, the underlying biophysical phenomena are not yet fully understood, and electroporation-based therapies remain complex. Therefore, mathematical modeling plays a key role in elucidating and optimizing these processes, supporting the development of these promising but technically demanding treatments. In my talk, I will present recent results in the mathematical and numerical modeling of electroporation for both cardiac and tumor ablation, and outline numerical perspectives to advance and optimize electroporation-based therapies through the development of digital twins of clinical procedures.

The cardiac EP modeling has been conducted in tight collaboration with A. Collin (Prof. Nantes Univ.), G. Caluori (IHU Lyric) and M. Legu'ebe (Inria Center at Bordeaux Univ.), while the tumor ablation modeling arises from tight collaboration with B. Denis de Senneville (DR CNRS, Team MONC, Inria Centre at Bordeaux Univ.), O. S'ror (PUPH, AIMOKA), O. Sutter (PH, AIMOKA).

Astrocyte-Neuron Lactate Shuttle: Concept, Evidence and Role(s)

Luc Pellerin — IRMETIST Inserm U1313, University and CHU of Poitiers, France

For a long time, glucose was considered the sole brain energy substrate predominantly used by neurons to satisfy all their energy needs. A new view emerged in the late 90's with the proposal of the astrocyte-neuron lactate shuttle. Originally based on *in vitro* observations, it receives over the last three decades several supporting evidence both *in vitro* and *in vivo*. The main concept proposes that astrocytes respond to signals (essentially of neuronal origin but not exclusively) by enhancing their lactate production. In parallel, active neurons take up lactate present in the extracellular space and oxidize it as their main source of energy. The process is supported by cell-specific expression of isoforms for key enzymes and transporters. Thus, astrocytes express the monocarboxylate transporters MCT1 and MCT4, the latter being adapted for lactate efflux in a glycolytic environment, while neurons express the high affinity transporter MCT2. As such, the concept does not preclude the use of glucose by neurons but questions its exclusive use as an energy source. In addition to its role as an essential energy substrate, lactate is emerging as a critical signal acting either through receptors, redox mechanisms or epigenetic regulation via lactylation. The mechanism by which one of the major neuronal signals, the excitatory neurotransmitter glutamate, triggers a glycolytic response of astrocytes has been described in detail. Thus, glutamate uptake via high affinity, Na^+ -dependent glutamate transporters causes a rise in intracellular Na^+ concentrations that will activate the glial α_2 subunit of the Na^+ , K^+ ATPase. This stimulation is sufficient to promote glucose uptake by astrocytes. Due to their high expression of PKM2, a critical factor that determines the degree of aerobic glycolysis notably in cancer cells, astrocytes from different brain regions are geared to exhibit a strong glycolytic profile and will preferentially produce lactate, especially upon stimulation, either from extracellular glucose or from glycogen. This metabolic specialization of astrocytes can subserve different functions, such as activity-dependent energy substrate supply, regulation of excitability, modulation of synaptic transmission or glucose sensing. A range of *in vivo* experiments have demonstrated that astrocytes represent a prominent site of glucose uptake in active brain regions. Moreover, it was shown that astrocyte-derived lactate and its uptake by neurons is essential to sustain brain responses, as visualized by functional magnetic resonance imaging *in vivo*. In parallel, it was shown by different approaches and in different brain regions that astrocyte-derived lactate and its uptake by neurons is necessary to support neurogenesis as well as learning and memory processes. New evidence indicate that lactate shuttling between astrocytes and neurons is implicated in numerous central functions such sleep regulation, hypothalamic control of food intake, social interactions or decision making. Despite being often misportrayed by its detractors, the astrocyte-neuron lactate shuttle has proven its usefulness and expanded beyond neuroenergetics, becoming a leading concept in neurobiology.

Novel 3D advancements in multiscale leading edge and bulk dynamics modelling for solid tumours invasion

Dumitru Trucu — University of Dundee, Scotland, United Kingdom

Despite all recent *in vivo*, *in vitro*, and *in silico* advances, the understanding of the genuine biologically multiscale process of solid tumour invasion remains one of the greatest open questions for scientific community. In this talk we present novel mathematical multiscale moving boundary modelling and structural analytical approaches for tumour invasion. Specifically, we focus on characterizing mathematically key aspects of the dynamic interactions that the migratory cancer cells population and the accompanying matrix degrading enzymes (MDEs) have with the extracellular matrix (ECM) components, and in particular with the ECM fibres. These are complex interactions enabled by a series of integrated multiscale systems, which are at least two-scale in nature and share (and contribute to) the same tumour macro-dynamics (i.e., tissue-scale dynamics) but have independent-in-nature micro-dynamics (i.e., cell-scale dynamics). For instance, on the bulk of the tumour, of major interest is the dynamics of fibres degradation and structural realignment occurring at micro-scale as well as the immediate impact that this continuously changing field of oriented ECM fibres has over the tumour macro-dynamics. On the other hand, the cell-scale proteolytic micro-dynamics occurring at the tumour invasive edge interacts with the peritumoural ECM fibres through the molecular fluxes of MDEs. This interfacial cell-scale interaction not only results in changes in the micro-scale structural distribution of peritumoural ECM fibres but also influences directly the overall tumour morphology evolution.

From mathematical modelling perspective, the initial multiscale moving boundary framework introduced and established in Trucu et al. 2013 (<https://doi.org/10.1137/110839011>) and further developed in Shuttleworth and Trucu 2019 (<https://doi.org/10.1007/s11538-019-00598-w>) and Suveges et al. 2021 (<https://doi.org/10.3390/math9182214>) was appropriately built to enable a flexible platform for addressing all these collective cell motility dynamic aspects common to most solid tumours growth and spread. However, remaining always mindful of the far greater complexity exhibited by the invasion process *in vivo*, in this talk we will discuss three novel advancements that we propose for this multiscale framework that aim to address ever more sophisticated, cross-scale interconnected processes underlying solid cancer progression, notably glioblastoma invasion of the brain and its post-surgical recurrence. Specifically, these advancements aim to bring to the fore key aspects regarding ECM fibres effects at tumour interfaces and nutrient availability within cellular sensing regions. These extensions are structured on the following three avenues and include: (1) influence of the interfacial ECM fibres of tumour boundary movement; (2) non-local collective cell motility “go-or-grow” behaviour; and (3) transitions from isotropic to anisotropic GBM invasion patterns. With this updated multiscale moving boundary modelling framework, we proceed to investigate further aspects in GBM dynamics, including the emergence of cellular stress and stress-induced resistance mechanisms driven by hypoxia and treatment, as well as the role of metabolic factors in relapse.

Spatial phase transition in collective dynamics

Léo Meyer — Universität Wien

Pierre Degond — Institut Mathématiques de Toulouse

Sara Merino-Aceituno — Universität Wien

I will present the result of a collaboration with Pierre Degond and Sara Merino-Aceituno. We study the emergence of band patterns in the Vicsek model, a minimal agent-based model of alignment dynamics with noise. Agent-based simulations on periodic domains display coexisting ordered (high-density, aligned) bands and disordered (low-density, non-aligned) regions, a phenomenon not explained by classical parameter-driven phase transitions. We review prior kinetic and macroscopic results that identify a spatial phase transition : depending on the local density ρ relative to a critical threshold ρ_c , different PDEs govern different spatial regions—Self-Organized Hydrodynamics (SOH) in the ordered regime ($\rho > \rho_c$) and a degenerate diffusive correction (at order ε) in the disordered regime ($\rho < \rho_c$). Building on this framework, we propose a model that couples the ordered and disordered macroscopic equations to simulate the continuum dynamics, with the goals of reproducing band formation at the macroscopic level, exploring pattern formation, and connecting the linear stability properties of the coupled model with those of SOH.

Real-Time Image-Guided Minimally Invasive Therapies

Baudouin Denis de Senneville — University of Bordeaux, CNRS, INRIA, Bordeaux INP, IMB,
UMR 5251, F-33400 Talence, France

This study presents the development of innovative mathematical and computational frameworks aimed at optimizing image-guided, minimally invasive ablation of malignant tumors, a pivotal advancement in the rapidly expanding field of interventional radiology. As a cornerstone of modern precision medicine, interventional radiology employs minimally invasive techniques to target deep-seated tissues, thereby reducing patient trauma and expediting recovery. At the core of these ablation procedures lies the precise deposition of energy, such as electromagnetic fields or thermally induced fluxes, via specialized devices like needles or electrodes.

While these techniques offer substantial clinical promise, their success critically depends on accurate treatment planning and real-time evaluation of therapeutic dose delivery. Mathematical modeling plays a transformative role in this context by providing a rigorous, quantitative framework to simulate the complex biophysical interactions governing energy deposition and tissue response. These models integrate multiphysics phenomena, including heat transfer, electromagnetic field distribution, and tissue perfusion, to predict the spatial and temporal evolution of the ablation zone. By coupling advanced mathematical models with high-resolution imaging and machine learning-driven image processing algorithms, we enable real-time adaptation of treatment parameters, thereby enhancing the precision and reproducibility of ablation outcomes. This approach not only reduces inter-patient variability compared to systemic therapies but also facilitates personalized treatment optimization, minimizing collateral damage to healthy tissues. Furthermore, the integration of predictive models with clinical imaging data allows for adaptive feedback loops, ensuring that therapeutic doses are delivered with sufficient accuracy.

This approach demonstrates the capacity of computational methodologies to optimize ablation protocols, facilitating the development of tailored, patient-specific cancer therapies and significantly improving treatment efficacy and safety in clinical oncology.

Simulations numériques d'écoulements de fluides dans le cerveau

Stéphanie Salmon — Laboratoire de Mathématiques de Reims UMR CNRS 9008, Université de Reims Champagne-Ardenne

Olivier Balédent — Laboratoire Chimère, CHU Amiens-Picardie, Amiens, France

Depuis plusieurs années, nous nous intéressons à l'interaction entre les écoulements sanguins cérébraux et les écoulements de liquide-cérébro-spinal (LCS). Ce dernier présent dans tout le système nerveux central (cerveau et moëlle épinière) permet à la fois une protection mécanique du cortex, la régulation de la pression intra-crânienne à tout instant mais aussi un nettoyage du cerveau de la présence de toxines via le système glymphatique. A travers plusieurs modèles, de dimensions et complexité différentes, nous développons des simulations numériques pour étudier ces interactions et pour mieux en comprendre le dérèglement. Ces simulations s'appuient à la fois sur des images médicales permettant d'appréhender la géométrie des vaisseaux et sur des données mesurées par Imagerie par Résonance Magnétique (IRM). En effet, l'IRM est la technique qui nous permet de quantifier les écoulements dynamiques du sang dans les vaisseaux intra-crâniens et la pulsativité du LCS. Nous exploitons ainsi des mesures sur des cohortes de sujets sains, de sujets jeunes et vieux, pour comprendre l'impact du vieillissement, ainsi que sur des cohortes de patients atteints d'hyper-tension intracrânienne pour lesquels nous avons aussi accès au monitoring de la pression.

Stratégies de Stabilisation pour les EDP linéarisées par des méthodes d'optimisation

Jean-Paul Chehab — LAMFA - CNRS UMR 7352, Université de Picardie Jules Verne

Nous adaptons une technique d'optimisation, initialement développée pour les problèmes de mise à jour de modèles matriciels quadratiques, afin de construire des stabilisateurs optimaux pour les équations aux dérivées partielles (EDP) linéarisées. L'approche proposée est flexible, elle permet l'optimisation des opérateurs de masse, d'amortissement et de rigidité individuellement ou simultanément. Elle est également facile à implémenter dans les environnements numériques standards. Nous analysons les propriétés numériques et pratiques de la méthode, en soulignant sa robustesse même avec des discrétisations d'ordre faible et sa capacité à produire des opérateurs de stabilisation interprétables. L'efficacité et la polyvalence de l'approche sont démontrées par des expériences numériques sur plusieurs EDP linéarisées représentatives, notamment les équations de Klein-Gordon, de Boussinesq, de Benjamin-Bona-Mahony et de Korteweg-de Vries. Nos résultats indiquent que la méthode constitue un outil unifié, efficace et modulaire pour la stabilisation des EDP.

Geometric Invariants and Motor Primitives as Organizing Principles of Cortico-Cerebellar Dynamics: An Active Inference Framework for Sensorimotor Precision

Eya Torkhani — Linp2 - Université Paris Nanterre

Ce travail de recherche explore comment les primitives du mouvement constituent un cadre géométrique d'analyse pertinent permettant de formaliser le couplage perception-action, en l'articulant au principe d'énergie libre et à l'inférence active. L'objectif est de comprendre comment les réseaux cérébraux et cérébelleux s'ajustent dynamiquement afin de stabiliser les modèles internes en fonction de la complexité géométrique des trajectoires, des modalités sensorielles et des contraintes temporelles.

Nous faisons l'hypothèse que la géométrie des formes agit comme une contrainte structurante sur l'espace des prédictions sensorimotrices modulant la précision des inférences. Une complexité géométrique accrue, ainsi qu'une exécution lente, solliciteraient davantage la coopération cortico-cérébelleuse afin d'optimiser la précision spatio-temporelle des prédictions.

Pour tester cette hypothèse, une tâche multimodale combinant trois formes géométriques (ellipse, lemniscate, feuille de trèfle) et deux vitesses d'exécution a été étudiée en IRMf. Les données ont été analysées à l'aide de la modélisation causale dynamique (temporelle et spectrale) et d'analyses multivariées de la connectivité fonctionnelle. Des indices cinématiques (notamment le jerk) et comportementaux ont été intégrés afin de relier les performances motrices aux ajustements de connectivité effective.

Les résultats montrent que les mouvements lents engagent un réseau distribué associé à un contrôle prédictif et correctif, tandis que les mouvements rapides reposent sur un contrôle anticipatif et localisé. La forme la plus complexe, la feuille de trèfle, renforce le couplage cortico-cérébelleux dans les modalités motrices et visuelles, suggérant une augmentation de la demande computationnelle liée à des précisions des modèles internes.

Par ailleurs, une modulation descendante de la connectivité pariéto-visuelle en fonction de la complexité géométrique est compatible avec un ajustement attentionnel de la précision sensorielle. Un parallèle fort apparaît entre les domaines perceptif (visuel) et moteur : dans les deux cas, la dynamique temporelle révèle un renforcement des modèles internes et une coopération accrue entre boucles feedforward et feedback. Enfin, les analyses spectrales au repos suggèrent le maintien de ces organisations sous forme de gradients prédictifs, témoignant d'une architecture inférentielle commune et géométriquement contrainte.

Finalement, ces résultats soutiennent l'idée que le couplage perception-action repose sur un mécanisme unifié d'inférence, ajustant en continu la précision des signaux sensoriels et moteurs afin de réduire l'incertitude et stabiliser l'action, la géométrie du mouvement apparaissant ici comme variable organisatrice des dynamiques cérébrales.

Mots-clés : primitives géométriques, mouvement, inférence active, couplage perception-action, connectivité effective, fonctionnelle, géométrie cérébrale