

42ème Colloque Société Francophone de Biologie Théorique

Laboratoire de Mathématiques et Applications et CHU de Poitiers

Du 21 au 24 juin 2026



Jean-Paul Chehab

Université de Picardie Jules Verne

Yves Coudière

Université de Bordeaux

Didier Dacunha-Castelle

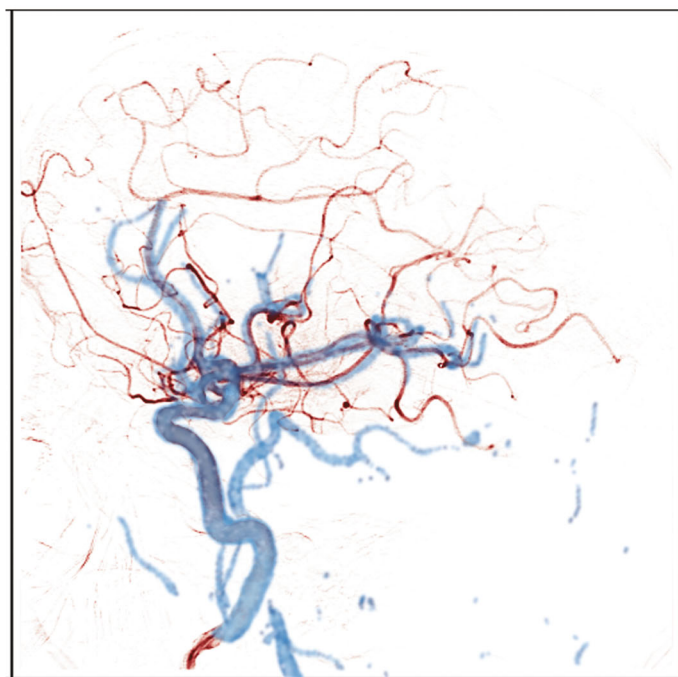
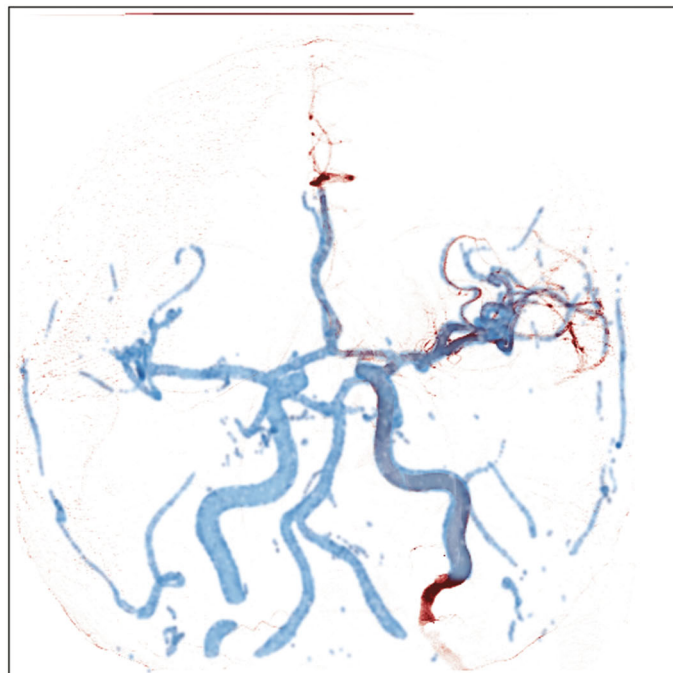
Université Paris-Sud Orsay

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

Faouzi Triki, Université Grenoble-Alpes

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, Annaïck Gardrat, Valérie Joubert, Nathalie Mongin, Madalina Petcu (LMA) ; Carole Guillevin, Rémy Guillevin, Guillaume Herpe (LMA et CHU)



MARGAU
Fédération Mathématique
de Recherche
en Région Nouvelle-Aquitaine



Région
**Nouvelle-
Aquitaine**

GRAND POITIERS
Communauté urbaine
grandpoitiers.fr

Lieu de la conférence

Les trois jours d'exposés auront lieu à proximité du bâtiment H3 du Laboratoire de Mathématiques et Applications, à l'adresse ci-dessous.

Laboratoire de Mathématiques et Applications

UMR 7348 — Bâtiment H3

11 Boulevard Marie et Pierre Curie

86360 Chasseneuil du Poitou – Futuroscope

[Plans et accès – Site du LMA](#)

22 juin	Amphithéâtre du bâtiment H6
23–24 juin	Salle 0-6 du bâtiment H3



MARGAU
Fédération Mathématique
de Recherche
en Région Nouvelle-Aquitaine



Région
Nouvelle-Aquitaine

GRAND POITIERS
Communauté urbaine
grandpoitiers.fr

Programme

Le programme de la journée du **lundi 22 juin** et le livret des résumés sont disponibles séparément aux adresses suivantes :

Programme : [Programme du lundi 22 juin \(PDF\)](#)

Livret des résumés : [Livret des résumés du lundi 22 juin \(PDF\)](#)

Le programme des journées du **mardi 23** et **mercredi 24 juin** figure ci-dessous.

Mardi 23 juin

Horaire	Intervenant(e)	Titre
9:00-9:30	Baudouin Denis de Senneville	Real-Time Image-Guided Minimally Invasive Therapies
9:30-10:00	Clair Poignard	Cardiac vs. tumor electroporation for clinical applications
10:00-10:45	<i>Pause Café</i>	
10:45-11:15	Yves Coudière	Modélisation et simulation numérique crédible de stimulateurs cardiaques artificiels
11:15-11:45	Dumitru Trucu	Novel 3D advancements in multiscale leading edge and bulk dynamics modelling for solid tumours invasion
12:00-14:00	<i>Déjeuner</i>	
14:00-14:30	Jean-Paul Chehab	Stratégies de Stabilisation pour les EDP linéarisées par des méthodes d'optimisation
14:30-15:00	Stéphanie Salmon	Simulations numériques d'écoulements de fluides dans le cerveau
15:00-15:15	Francis Tshiany	Modeling STAT1-p53 cooperation under stress: dynamical regimes and cell-fate decisions mediated by p21 and PUMA
15:15-15:30	Ludivine Lasserre	Modélisation des dynamiques du cortisol et de l'hormone de croissance dans la régulation glycémique du diabète de type 1
15:30-15:45	Oussama Tisbah	Modélisation des interactions écologiques dans les invasions biologiques : une approche par EDO
15:45-16:00	Martin Rosalie	Comparaison de dynamiques chaotiques générées à partir de données de prolifération d'algues
16:00-16:45	<i>Pause Café</i>	
16:45-17:15	Léo Meyer	Spatial phase transition in collective dynamics
17:15-17:45	Faouzi Triki	Local reconstruction of coefficients in quantitative photoacoustic tomography
18:00-19:00	<i>Assemblée générale de la SFBT</i>	
19:30	<i>Dîner</i>	



MARGAU
Fédération Mathématique
de Recherche
en Région Nouvelle-Aquitaine



Région
Nouvelle-
Aquitaine

GRAND POITIERS
Communauté urbaine
— grandpoitiers.fr —

Mercredi 24 juin

Horaire	Intervenant(e)	Titre
9:00-9:30	Denis Noble	La contribution de la biologie théorique à la résolution de l'impasse geno-centrique
9:30-10:00	Eya Torkhani	Geometric Invariants and Motor Primitives as Organizing Principles of Cortico-Cerebellar Dynamics: An Active Inference Framework for Sensorimotor Precision
10:00-10:45	<i>Pause Café</i>	
10:45-11:00	Arthur Traon	Effets hiérarchiques distincts de la spécificité des objectifs et de l'incertitude sur la prise de décision : une étude EEG-fNIRS basée sur l'inférence active
11:00-11:15	Eric Fanchon	Le paysage de Waddington et ses réinterprétations modernes
11:15-11:30	Housseem ben Khalfallah	Système d'aide à la décision clinique pour la prise en charge de la septicémie basé sur la modélisation probabiliste et le raisonnement par trajectoires
11:30-11:45	Joël Gardes	Évolution assistée à l'aide d'une IA générative de l'application Maxwell
11:45-12:00	Ruth Kossi	Inégalités socio-économiques et mortalité par cancer chez les adolescents et jeunes adultes : une analyse comparative internationale (2000-2023)
12:00-14:00	<i>Déjeuner</i>	
14:00-14:15	Hornela Thérèse Ossomba	(Poster) Maxima of the second derivative of the New Cases and Index of Dispersion curves predict epidemic peaks of infectious diseases
14:15-14:30	Jacques Demongeot	Gradient de motifs provenant de la séquence d'un ARN circulaire proposé comme existant à l'origine de la vie sur terre. Exemple de la phylogénie de l'hémoglobine.
14:30-15:00	Thomas Daubon	Lactate Shuttle between Glioblastoma Cells and Neurons : a Cancer Neuroscience Case
15:00-15:30	Didier Dacunha-Castelle	La place de l'évolution et du vivant dans les « sciences en ique »
15:30-16:00	Alfredo Hernandez	Jumeaux Numériques et Intelligence artificielle : Exemples, enjeux et perspectives en technologies pour la santé
16:00-16:45	<i>Pause café et fin de la conférence</i>	



MARGAU
Fédération Mathématique
de Recherche
en Région Nouvelle-Aquitaine



Région
Nouvelle-Aquitaine

GRAND POITIERS
Communauté urbaine
grandpoitiers.fr

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 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.



MARGAU
Fédération Mathématique
de Recherche
en Région Nouvelle-Aquitaine



Région
Nouvelle-
Aquitaine

GRAND POITIERS
Communauté urbaine
grandpoitiers.fr

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'eor (PUPH, AIMOKA), O. Sutter (PH, AIMOKA).



MARGAU
Fédération Mathématique
de Recherche
en Région Nouvelle-Aquitaine



Région
Nouvelle-
Aquitaine

GRAND POITIERS
Communauté urbaine
grandpoitiers.fr

Modélisation et simulation numérique crédible de stimulateurs cardiaques artificiels

Yves Coudière¹, Michael Leguèbe², Valentin Pannetier³

¹Université de Bordeaux, Institut LIRYC et Inria

²Inria et Institut LYRIC

³Université de Bordeaux, Institut LIRYC et Inria

Le soin en rythmologie cardiaque repose en partie sur des dispositifs médicaux, dont la certification et la mise sur le marché sont des processus longs, complexes et coûteux pour l'industrie, les systèmes de santé et les patients. Parallèlement, les modèles mathématiques et les simulations numériques de l'électrophysiologie cellulaire, ainsi que leurs extensions tridimensionnelles permettant de représenter la propagation des potentiels d'action, phénomènes à l'origine du rythme cardiaque, sont bien établis au sein de la communauté scientifique.

La contribution potentielle de ces modèles à la conception, à la certification et à la mise sur le marché des dispositifs médicaux constitue donc une question majeure. Ces dernières années, nous avons étudié cette problématique dans le cadre des stimulateurs cardiaques implantables (pacemakers).

Un effort particulier doit être consacré à l'établissement de la crédibilité des informations issues des simulations numériques afin de permettre leur utilisation dans un cadre de conception, voire de certification. Les arguments doivent expliciter de manière approfondie les choix de modélisation, la qualité des approximations numériques, la sensibilité aux incertitudes, la validation expérimentale, le domaine d'applicabilité, etc. Ces éléments doivent être considérés au regard du niveau de risque associé à une décision motivée par les simulations numériques.

Je présenterai le cadre retenu pour ces activités, fondé sur un standard de vérification et validation (V&V40). Je donnerai ensuite un aperçu des travaux réalisés à propos des stimulateurs cardiaques : modélisation mathématique, analyse numérique et validation expérimentale. Nous verrons apparaître plusieurs questions scientifiques ouvertes à l'occasion de ce travail issu de la collaboration entre biologistes, industriels et spécialistes de la modélisation mathématique et de la simulation numérique. Cette présentation est basée sur le travail du projet européen SimCardioTest, impliquant la société MicroPort CRM. Ce projet s'est conclu avec un code de calcul en source ouverte et une plateforme web commerciale développée par la société InSilicoTrials.



MARGAU
Fédération Mathématique
de Recherche
en Région Nouvelle-Aquitaine



Région
Nouvelle-
Aquitaine

GRAND POITIERS
Communauté urbaine
grandpoitiers.fr

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.



MARGAU
Fédération Mathématique
de Recherche
en Région Nouvelle-Aquitaine



Région
Nouvelle-
Aquitaine

GRAND POITIERS
Communauté urbaine
grandpoitiers.fr

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.



MARGAU
Fédération Mathématique
de Recherche
en Région Nouvelle-Aquitaine



Région
Nouvelle-Aquitaine

GRAND POITIERS
Communauté urbaine
grandpoitiers.fr

Simulations numériques d'écoulements de fluides dans le cerveau

Stéphanie Salmon¹, Olivier Balédent²

¹Laboratoire de Mathématiques de Reims UMR CNRS 9008, Université de Reims Champagne-Ardenne

²Laboratoire 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.



MARGAU
Fédération Mathématique
de Recherche
en Région Nouvelle-Aquitaine



Région
Nouvelle-
Aquitaine

GRAND POITIERS
Communauté urbaine
grandpoitiers.fr

Modeling STAT1–p53 cooperation under stress: dynamical regimes and cell-fate decisions mediated by p21 and PUMA

Francis Tshianyi^{1,2}, Didier Gonze¹

¹*Unit of Theoretical Chronobiology, Faculté des Sciences, Université libre de Bruxelles (ULB), Brussels, Belgium*

²*Département de mathématiques et informatique, Faculté des Sciences et nouvelles technologies, Université de Lubumbashi, Lubumbashi, Democratic Republic of the Congo*

Cell-fate decisions under stress arise from the dynamic interplay between the tumour suppressor *p53*, its regulator *Mdm2*, and downstream effectors such as *p21* and *PUMA*. While stress-induced oscillations of *p53* are well documented, the quantitative role of Signal Transducer and Activator of Transcription 1 (*STAT1*)—which both represses *Mdm2* and co-activates *p53* target genes—remains insufficiently understood.

We develop a mechanistic mathematical model that explicitly couples a stress signal (S) and *STAT1* activity (Σ) to the *p53–Mdm2* core and its downstream effectors. In contrast to classical approaches, stress is incorporated as a continuous control parameter shaping multiple kinetic processes, allowing the system to self-adjust across regimes without parameter re-fitting.

The model exhibits distinct dynamical behaviours, including oscillatory, damped, and plateau responses of *p53*. A bifurcation analysis reveals a two-dimensional oscillatory region in the (S, Σ) plane, delimited by Hopf transitions. Increasing *STAT1* activity shifts and compresses this region, progressively suppressing oscillations and favouring sustained responses.

To connect dynamics with phenotype, we introduce a two-stage decision framework combining early transient detection and late stationary readouts. This approach maps *p53*-driven dynamics onto cell-fate outcomes: sustained oscillations are associated with reversible cell-cycle arrest, damped responses with senescence, and high plateau dynamics with apoptosis.

Simulations across heterogeneous cell populations reproduce experimentally observed fate distributions in different cell lines, highlighting differential sensitivity to *p21* and *PUMA*.

Altogether, our results provide a dynamical systems framework linking stress intensity, cytokine signalling, and cell-fate decisions, and identify *STAT1* as a key regulator of oscillatory regimes and fate control.

A preprint related to this work is available on bioRxiv: [10.1101/2025.10.28.685172](https://doi.org/10.1101/2025.10.28.685172).



MARGAU
Fédération Mathématique
de Recherche
en Région Nouvelle-Aquitaine



Région
Nouvelle-
Aquitaine

GRAND POITIERS
Communauté urbaine
grandpoitiers.fr

Modélisation des dynamiques du cortisol et de l'hormone de croissance dans la régulation glycémique du diabète de type 1

Ludivine Lasserre¹, Jacques Demongeot², Cécile Fougere², Andrei Doncescu^{1,3}

¹Laboratoire de Mathématiques Informatique et Applications, Université des Antilles, France

²Laboratoire AGEIS, Faculté de Médecine, Université Grenoble Alpes, France

³LAAS-CNRS UPR 8001, Toulouse, France

La réponse physiologique à l'hypoglycémie repose sur un ensemble coordonné de mécanismes neuro-endocriniens visant à restaurer rapidement l'euglycémie. Ce processus de contre-régulation glucidique implique plusieurs systèmes hormonaux. Si l'insuline et le glucagon constituent les effecteurs principaux, d'autres hormones, telles que le cortisol, l'hormone de croissance (GH) et l'adrénaline, jouent un rôle essentiel lors d'hypoglycémies prolongées ou répétées. Malgré leur importance physiologique, ces hormones demeurent largement absentes des modèles computationnels actuels du diabète de type 1 (DT1), ce qui limite le réalisme des outils de simulation et des systèmes automatisés de contrôle glycémique. Le simulateur UVA/Padova constitue aujourd'hui la référence en matière de simulation *in silico*. Reconnu par la Food and Drug Administration (FDA) américaine pour l'évaluation préclinique de certaines stratégies thérapeutiques, il décrit finement la pharmacocinétique de l'insuline, ainsi que les dynamiques du glucose. Toutefois, sa représentation de la contre-régulation hormonale reste limitée à l'axe insuline-glucagon, sans prise en compte explicite du cortisol, ni de la GH.

La présente étude propose donc une extension du simulateur intégrant la dynamique du cortisol et de la GH au moyen d'équations différentielles ordinaires physiologiquement fondées. Le modèle repose sur deux composantes complémentaires : les rythmes circadiens endogènes de sécrétion hormonale et la réponse adaptative déclenchée par la baisse de la glycémie. Il reproduit notamment l'élévation matinale du cortisol, associée au phénomène de l'aube et à l'insulinorésistance matinale, ainsi que le pic nocturne de GH, connu pour favoriser la production hépatique de glucose et réduire la sensibilité périphérique à l'insuline. Il décrit également l'activation progressive de ces hormones lors du passage sous un seuil hypoglycémique.

Les simulations mettent en évidence une influence significative de ces dynamiques hormonales sur les profils glycémiques, particulièrement durant les premières heures de la matinée. L'action combinée du cortisol et de la GH contribue à l'élévation de la glycémie à jeun et peut conduire à une sous-estimation des besoins basaux par les approches classiques de contrôle en boucle fermée. Ces résultats soulignent l'intérêt d'intégrer ces mécanismes hormonaux dans les environnements de simulation.

Ce modèle étendu fournit ainsi un cadre plus réaliste pour la conception et l'évaluation d'algorithmes avancés tels que le Model Predictive Control (MPC) ou l'apprentissage par renforcement. Plusieurs perspectives se dégagent de ces travaux. L'intégration de la défaillance autonome liée aux hypoglycémies répétées permettrait de mieux représenter les patients présentant une altération progressive des réponses hormonales. Une validation clinique quantitative, fondée sur des données expérimentales de clamp glycémique, serait nécessaire afin d'estimer les paramètres individuels et d'évaluer la robustesse prédictive du modèle. L'ajout d'autres hormones de contre-régulation, en particulier les catécholamines comme l'adrénaline, permettrait de compléter la description des réponses précoces à l'hypoglycémie. Enfin, la prise en compte du stress psychologique ou physique comme facteur exogène de modulation hormonale ouvrirait la voie à des simulations plus personnalisées et à des stratégies thérapeutiques mieux adaptées aux conditions de vie réelles des patients.



MARGAU
Fédération Mathématique
de Recherche
en Région Nouvelle-Aquitaine



Région
Nouvelle-
Aquitaine

GRAND POITIERS
Communauté urbaine
grandpoitiers.fr

Modélisation des interactions écologiques dans les invasions biologiques : une approche par EDO

Oussama Tisbah^{1,2}, Aziz Alaoui¹, Radouane Yafia²

¹ *Université Le Havre Normandie*

² *Université Ibn Tofail*

Les invasions biologiques constituent aujourd’hui une menace majeure pour la biodiversité et le fonctionnement des écosystèmes. La compréhension et la prédiction de ces dynamiques nécessitent des outils théoriques capables de capturer les interactions complexes entre espèces natives et invasives. Dans ce contexte, les équations différentielles ordinaires (EDO) offrent un cadre mathématique puissant pour modéliser l’évolution temporelle des populations et analyser les mécanismes sous-jacents aux processus d’invasion.

Dans ce travail, nous proposons un modèle dynamique basé sur un système d’EDO décrivant les interactions entre une espèce invasive, une espèce native et, éventuellement un prédateur. Le modèle intègre des processus écologiques essentiels tels que la croissance logistique, la compétition interspécifique et la prédation, à travers des termes fonctionnels adaptés. L’analyse qualitative du système permet d’identifier les équilibres, d’étudier leur stabilité et de déterminer les conditions favorisant l’établissement ou l’éradication de l’espèce invasive.

Ce travail met en évidence l’intérêt des modèles à base d’EDO pour comprendre les invasions biologiques et fournir des outils d’aide à la gestion écologique.



MARGAU
Fédération Mathématique
de Recherche
en Région Nouvelle-Aquitaine



Région
Nouvelle-Aquitaine

GRAND POITIERS
Communauté urbaine
— grandpoitiers.fr —

Comparaison de dynamiques chaotiques générées à partir de données de prolifération d'algues

Martin Rosalie

Université de Perpignan Via Domitia, Laboratoire Génome et Développement des Plantes (UMR-5096)

Les outils de modélisation globale permettent d'obtenir des systèmes d'équations différentielles à partir de séries temporelles. Nous présenterons une application via l'un de ces outils (GPoM) pour faire de la sélection de variables et ainsi tenter d'expliquer la prolifération estivale de l'algue *Ostreopsis* cf. *Ovata*. Nous obtenons alors de nombreux modèles reproduisant en partie la dynamique observée dans les séries temporelles. Les attracteurs chaotiques sont les solutions de ces systèmes et nous utilisons la méthode de caractérisation topologique pour comparer leurs dynamiques. Nous montrons enfin que parmi les modèles générés, la complexité de la structure topologique augmente avec le nombre croissant de termes utilisé dans la construction des systèmes d'équations différentielles à partir des données.



MARGAU
Fédération Mathématique
de Recherche
en Région Nouvelle-Aquitaine



Région
**Nouvelle-
Aquitaine**

GRAND POITIERS
Communauté urbaine
grandpoitiers.fr

Spatial phase transition in collective dynamics

Léo Meyer¹, Pierre Degond², Sara Merino-Aceituno¹

¹*Universität Wien*

²*Institut Mathématiques de Toulouse*

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.



MARGAU
Fédération Mathématique
de Recherche
en Région Nouvelle-Aquitaine



Région
Nouvelle-
Aquitaine

GRAND POITIERS
Communauté urbaine
grandpoitiers.fr

Local reconstruction of coefficients in quantitative photoacoustic tomography

Faouzi Triki

Université Grenoble-Alpes

Quantitative photoacoustic tomography (QPAT) seeks to recover optical parameters of a medium from internal absorbed-energy data generated by optical illumination and measured through acoustic waves [1, 3]. In practice, these data are most reliable only near the illuminated boundary, since attenuation and limited detector sensitivity reduce their usefulness at greater depth [1, 5]. This motivates a local inverse problem: reconstructing the absorption and scattering coefficients only in a boundary layer where the signal remains informative [4, 2]. We consider the stationary radiative transport equation [3, 5] in a smooth bounded domain, with absorption coefficient μ_a , scattering coefficient μ_s , and a prescribed scattering kernel. For a given inflow illumination g , the internal data take the form

$$H(x, g) = \mu_a(x) \int_{\mathbb{S}^{n-1}} u(x, d) ds(d),$$

where u denotes the photon density, solution to the radiative transport equation. We show that with a finite number of suitably chosen illuminations, one obtains a local linear system whose invertibility guarantees unique recovery of the coefficients up to higher-order depth errors. The analysis provides a rigorous explanation of depth-limited resolution in (QPAT) and suggests a practical reconstruction strategy in strongly attenuating media. Numerical experiments support the asymptotic model and illustrate stable coefficient recovery in shallow subregions near the boundary.

References

- [1] Lihong V Wang. Photoacoustic imaging and spectroscopy. CRC press, (2017).
- [2] Kui, Ren and Faouzi Triki. A global stability estimate for the photo-acoustic inverse problem in layered media. *European Journal of Applied Mathematics*, 30(3):505–528, (2019).
- [3] Ren, Kui, Rongting Zhang, and Yimin Zhong. A fast algorithm for radiative transport in isotropic media. *Journal of Computational Physics* 399 (2019).
- [4] Faouzi Triki, and Qi Xue. Hölder stability of quantitative photoacoustic tomography based on partial data. *Inverse Problems* 37.10 (2021).
- [5] Benjamin T Cox, Simon R Arridge, and Paul C Beard. Photoacoustic tomography with a limited-aperture planar sensor and a reverberant cavity. *Inverse Problems*, 23(6):S95, (2007)



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

Denis Noble¹, Reine Bourret²

¹ *Université d'Oxford, Angleterre*

² *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 multi-factorielles 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.



MARGAU
Fédération Mathématique
de Recherche
en Région Nouvelle-Aquitaine



Région
Nouvelle-Aquitaine

GRAND POITIERS
Communauté urbaine
grandpoitiers.fr

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



Effets hiérarchiques distincts de la spécificité des objectifs et de l'incertitude sur la prise de décision : une étude EEG-fNIRS basée sur l'inférence active

Arthur Traon

Laboratoire Interdisciplinaire en Neurosciences, Physiologie et Psychologie : Activité Physique, Santé et Apprentissages - LINP2

Le comportement adaptatif repose sur l'interaction dynamique entre le traitement ascendant des informations environnementales et les ajustements descendants des représentations internes. Cependant, la manière dont l'incertitude environnementale (en tant que contrainte pesant sur les données sensorielles) et la définition d'objectifs (en tant que contrainte descendante pesant sur la précision des stratégies) façonnent conjointement cette organisation hiérarchique reste floue. Pour répondre à cette question, nous avons combiné l'EEG et la fNIRS avec un modèle de processus de décision markovien partiellement observable (POMDP) dérivé de l'inférence active, dans le cadre d'une double tâche de prise de décision séquentielle. Les participants ont effectué la tâche sous différents niveaux d'incertitude et se sont vu attribuer soit un objectif de performance non spécifique (« faites de votre mieux »), soit un objectif spécifique et difficile. L'EEG a capturé la dynamique essai par essai à l'aide de modèles linéaires mixtes basés sur des mesures computationnelles, tandis que la fNIRS a caractérisé l'entropie corticale au niveau des blocs et la topologie du réseau fronto-pariétal à l'aide de la théorie des graphes. Les résultats ont révélé une dissociation fonctionnelle entre les niveaux hiérarchiques de la prise de décision. La définition d'un objectif a amélioré la précision et la vitesse de réponse en stabilisant la sélection de la politique descendante, comme en témoignent les modulations de l'amplitude du P3choix, la réduction de la désynchronisation bêta centro-pariétale pendant la préparation du choix et l'augmentation de l'entropie HbO au sein du DLPFC. À l'inverse, l'incertitude environnementale a principalement modulé la mise à jour ascendante des croyances, comme en témoignent les effets de l'entropie des croyances sur la P3feedback. Au niveau du réseau, les analyses basées sur la théorie des graphes ont révélé une plus grande efficacité globale et une réduction de la longueur des chemins au sein du réseau fronto-pariétal pendant le bloc avec un plus haut degré d'incertitude. Ensemble, ces résultats démontrent que la spécificité des objectifs et l'incertitude agissent de manière sélective sur des niveaux distincts de la hiérarchie décisionnelle, les objectifs spécifiques stabilisant les politiques d'action et l'incertitude modulant la mise à jour des croyances guidée par le retour d'information.



MARGAU
Fédération Mathématique
de Recherche
en Région Nouvelle-Aquitaine



Région
Nouvelle-
Aquitaine

GRAND POITIERS
Communauté urbaine
grandpoitiers.fr

Le paysage de Waddington et ses réinterprétations modernes

Eric Fanchon

TIMC, Université Grenoble Alpes, CNRS, UMR 5525, Grenoble.

Le paysage épigénétique de Waddington est une métaphore classique en biologie du développement qui représente une cellule en cours de différenciation comme une bille roulant sur un paysage dont les vallées ramifiées correspondent aux différents destins cellulaires. Malgré son influence durable, qui se prolonge encore aujourd’hui dans des domaines tels que la biologie des cellules souches, le vieillissement et les approches omiques à l’échelle de la cellule unique, la signification conceptuelle du paysage épigénétique demeure ambiguë. Dans ce travail, nous proposons une analyse critique systématique à la fois de la métaphore originale de Waddington (telle que présentée dans son ouvrage *The Strategy of the Genes – A Discussion of Some Aspects of Theoretical Biology*, 1957) et de ses réinterprétations théoriques modernes.

Au niveau de la métaphore elle-même, plusieurs questions se posent, notamment concernant le statut de la bille (que représente-t-elle réellement ?) ainsi que le caractère statique ou dynamique du paysage lui-même. Ce qui nous mène finalement à nous demander si la métaphore ne donne une vision intuitive des processus de différenciation qu’en apparence, cette intuition étant en fait trompeuse.

Au niveau théorique, plusieurs cadres mathématiques ont été proposés pour formaliser l’idée de paysage, incluant des approches géométriques fondées sur la théorie des systèmes dynamiques et des bifurcations, des décompositions potentiel-flux de dynamiques hors équilibre thermodynamique, ainsi que des quasi-potentiels stochastiques issus de la théorie des grandes déviations. Nous analysons la pertinence des hypothèses sous-jacentes à ces approches et montrons qu’elles diffèrent de manière fondamentale de la vision proposée par Waddington. La clarification de ces différences conceptuelles permet de mieux évaluer la portée et les limites de la métaphore du paysage épigénétique en biologie théorique contemporaine.



MARGAU
Fédération Mathématique
de Recherche
en Région Nouvelle-Aquitaine



Région
Nouvelle-Aquitaine

GRAND POITIERS
Communauté urbaine
— grandpoitiers.fr —

Système d'aide à la décision clinique pour la prise en charge de la septicémie basé sur la modélisation probabiliste et le raisonnement par trajectoires

Houssem ben Khalfallah

TIMC -UGA

La septicémie constitue un enjeu majeur de santé publique, caractérisé par une mortalité élevée et une évolution clinique rapide et hétérogène. Malgré les progrès en soins intensifs, la détection précoce et l'optimisation des décisions thérapeutiques demeurent complexes, en raison de la variabilité inter-patients et de l'observabilité partielle des états cliniques. Dans ce contexte, ce travail propose un système d'aide à la décision clinique (CDSS-Sepsis) visant à assister les cliniciens dans la gestion en temps réel de la septicémie, en combinant modélisation probabiliste, apprentissage automatique et raisonnement basé sur les trajectoires.

Le système repose sur une architecture modulaire intégrant des données cliniques hétérogènes issues des dossiers médicaux électroniques, des résultats biologiques et des constantes vitales. Un module diagnostique permet d'inférer dynamiquement l'état du patient à partir de règles médicales interprétables (SIRS, Sepsis, choc septique), générant ainsi des trajectoires temporelles de l'évolution clinique. Ces trajectoires sont exploitées par un module de similarité patient, qui identifie des cas historiques comparables, afin de soutenir un raisonnement basé sur l'expérience clinique.

La contribution principale de ce travail réside dans l'intégration d'un modèle de décision séquentielle basé sur les processus de décision de Markov partiellement observables (POMDP). Ce cadre permet de modéliser explicitement l'incertitude liée aux observations cliniques et d'estimer les états latents du patient via une mise à jour itérative des croyances. Les matrices de transition et d'observation sont apprises à partir de données réelles de patients en unité de soins intensifs, permettant de simuler des trajectoires cliniquement plausibles. Une politique optimale est ensuite dérivée afin de recommander des stratégies thérapeutiques, notamment antibiotiques, maximisant le bénéfice clinique à long terme.

En complément, des modèles d'apprentissage automatique de type Support Vector Machines (SVM) sont intégrés pour prédire la mortalité hospitalière et la durée de séjour, contribuant à la stratification des risques et à l'optimisation de la gestion des ressources. L'ensemble du système est couplé à une interface interactive permettant la visualisation en temps réel des trajectoires patients, des états de croyance, des prédictions et des recommandations thérapeutiques, favorisant ainsi l'interprétabilité et l'acceptabilité clinique.

L'évaluation expérimentale, réalisée sur une cohorte réelle de 1492 patients en soins intensifs, montre la capacité du système à modéliser de manière réaliste la progression de la septicémie et à fournir une aide à la décision pertinente. Au-delà des performances prédictives, ce travail met en avant l'importance de l'explicabilité, du raisonnement temporel et de l'intégration dans les flux cliniques.

Ce travail présente des composantes du système CDSS-Sepsis, notamment l'intégration du cadre POMDP et du moteur de recommandation thérapeutique, ouvrant la voie à des systèmes d'aide à la décision plus adaptatifs et personnalisés dans les services de soins intensifs.



MARGAU
Fédération Mathématique
de Recherche
en Région Nouvelle-Aquitaine



Région
Nouvelle-
Aquitaine

GRAND POITIERS
Communauté urbaine
grandpoitiers.fr

Évolution assistée à l'aide d'une IA générative de l'application Maxwell

Joël Gardes, Jacques Demongeot

TIMC UGA

La plateforme Maxwell est un ensemble logiciel permettant un classement agnostique et non supervisé de contenus numériques. Ce classement se fait via une mesure de similarité des codages binaires des contenus. Cette mesure est une approximation de la complexité de Kolmogorov. Notre algorithme de mesure de similarité reprend intégralement les propriétés de la mesure de distance normalisée de compression de Vitanyi et al. tout en évitant les problèmes inhérents à l'utilisation de logiciels de compression sans pertes « sur étagère » tels que bzip2 par exemple. En effet, ces compresseurs, dont l'objectif est d'obtenir une compression maximale, conduisent dans notre cas, à une des valeurs de distance non symétriques, selon l'ordre dans lequel sont présentés les contenus à mesurer. En simplifiant l'algorithme de compression qui ne contient plus que la transformée de Burrows Wheeler suivie d'un codage par plages de redondances (run-length encoding), nous retrouvons la symétrie de distance au prix d'une performance de compression moins bonne.

Ainsi, la distance d'information que nous mettons en œuvre présente, *sui generi*, les propriétés d'identité, de symétrie et d'inégalité triangulaire, conduisant à des classements fiables et discriminants de corpus numériques variés. Elle offre ainsi une solution efficace pour valider la qualité des corpus avant de les utiliser dans un apprentissage de modèles pour l'IA. Du fait de la taille importante de ce genre de corpus, nous nous sommes penchés sur l'amélioration des performances de notre méthode en matière de temps d'exécution et d'occupation de la mémoire. Actuellement, la version de Maxwell accessible via GitLab, utilise massivement un parallélisme des traitements au niveau CPU. Il ressort que l'utilisation de GPU n'apporte aucun gain de performances en raison de la complexité de distribution des opérations de tris alphabétiques inclus dans la transformée de Burrows Wheeler.

Aussi avons-nous abordé la question de l'optimisation au niveau CPU en nous focalisant sur une meilleure gestion des files d'attente, à un tronçonnage des séquences à mesurer en fonction des ressources disponibles et en évitant tout débordement de mémoire (swap). Pour ce faire, il existe une multitude de solutions logicielles dont la combinaison est plutôt complexe à faire. Aussi avons-nous eu recours à une IA générative pour nous aider à conduire les développements en collant au plus près de l'état de l'art et, surtout, en établissant les conditions optimales de surveillance du système.

L'objet de notre exposé sera de présenter la version actuelle de Maxwell et la méthode que nous avons utilisée, ainsi que les précautions que nous avons dû prendre pour que l'IA ne dérive pas des objectifs initiaux que nous lui avons imposés, notamment, respecter l'intégrité mathématique de notre algorithme de mesure. Nous pensons que cette approche reflète bien le contexte actuel de développements de logiciels complexes.



MARGAU
Fédération Mathématique
de Recherche
en Région Nouvelle-Aquitaine



Région
Nouvelle-
Aquitaine

GRAND POITIERS
Communauté urbaine
grandpoitiers.fr

Inégalités socio-économiques et mortalité par cancer chez les adolescents et jeunes adultes : une analyse comparative internationale (2000-2023)

Ruth Kossi¹, Jacques Demongeot²

¹ Université Claude Bernard Lyon 1, Lyon, France

² Université Grenoble Alpes, Laboratoire TIMC (UMR CNRS 5525), Grenoble, France

Les cancers chez les adolescents et jeunes adultes (AJA, 15-39 ans) représentent un défi épidémiologique mondial encore insuffisamment documenté. Cette étude modélise les inégalités de mortalité AJA dans 37 pays (2000-2023) à partir du *Global Burden of Disease* (GBD 2023) et d'indicateurs socio-économiques (UNDP, OMS, Banque Mondiale). Une ACP sur sept variables standardisées (ASIR, ASMR, MIR, IDH, UHC, dépenses de santé, urbanisation) a structuré l'espace épidémiologique en gradients distincts. Une classification k -means ($k = 3$, validée par ANOVA de Welch) révèle trois profils de pays : la mortalité est jusqu'à trois fois plus élevée dans le cluster à faible IDH confirmant l'existence d'un gradient socio-économique majeur dans les inégalités de santé chez les AJA, et une corrélation négative marquée (ρ de Spearman) entre couverture sanitaire et mortalité. Les tendances temporelles sont estimées par régression log-linéaire (EAPC) ; une analyse de ruptures (*joinpoint*) est en cours afin de caractériser les dynamiques sur trois sous-périodes et une possible accélération post-COVID-19. Des modèles de panel (effets fixes et aléatoires, sélection par le test de Hausman) sont en cours afin d'estimer l'association ajustée entre déterminants socio-économiques et mortalité. Des fractions attribuables populationnelles sous hypothèses contrefactuelles permettront de quantifier la part de la mortalité potentiellement attribuable aux inégalités socio-économiques. Un focus France examinera sa trajectoire par cancer et par sexe.

Mots-clés : AJA, cancer, inégalités, ACP, k -means, EAPC, *joinpoint*, modèles de panel, IDH, GBD 2023.



MARGAU
Fédération Mathématique
de Recherche
en Région Nouvelle-Aquitaine



Région
Nouvelle-
Aquitaine

GRAND POITIERS
Communauté urbaine
grandpoitiers.fr

(Poster) Maxima of the second derivative of the New Cases and Index of Dispersion curves predict epidemic peaks of infectious diseases

Hornela Thérèse Ossomba^{1,2}

¹*Epidemiology and public health department, Centre Pasteur of Cameroon, Yaoundé, Cameroon*

²*2TIMC, Faculté de Médecine, University Grenoble Alpes, La Tronche France*

Many former studies have tried to predict the occurrence of epidemic peaks after an endemic period as observed in many outbreaks of epidemic diseases. The forecasting methods used are very diverse, some are purely statistical involving either a sudden change of the moments of the empirical distribution of the new cases numbers of newly infected patients, or a linear extrapolation like in time series approach and others need a mathematical model, e.g., a differential system modeling the infectious dynamics like the classical SIR model and its numerous generalizations.

The originality of the present work lies in focusing on the maxima of the second derivative of whole upward epidemic curves (new cases and index of dispersion curves), rather than on the new cases curve peaks, in order to save time in making predictions from the endemic data with a sufficient anticipatory delay. One of the objectives of this work is the following: does an epidemic model respond in the same way and/or with the same relevance depending on whether the studied pathology to forecast is bacterial (like cholera) or viral (like influenza)? The idea behind this is that despite the modeling is not the same for endemic pathologies with seasonal peaks (often bacterial) as it is for emerging pathologies with sudden outbreaks (often viral) but it is possible to propose a simple and robust health surveillance/monitoring tool that capable of providing early warning of the risk of an epidemic peak associated with a +/- endemic and/or emerging bacterial or viral outbreak data. It would be interesting to work on the conditions to be set in order to strengthen the predictive relevance of the proposed forecasting methodology.

Finally, prediction approaches based on identifying singularity points in epidemic curves have shown that it is possible to infer effective spread from aggregated temporal data, paving the way for early warning tools (Liang & Gong, 2017; Tuyet Hanh et al., 2020). As a result, various studies, depending on their context, we establish dispersion indices as key tools for predicting infectious diseases.



Gradient de motifs provenant de la séquence d'un ARN circulaire proposé comme existant à l'origine de la vie sur terre. Exemple de la phylogénie de l'hémoglobine.

Jacques Demongeot

TIMC - UGA

L'origine de la vie sur terre est un sujet controversé. Il existe trois écoles de pensée, l'une proposant l'ADN comme molécule originelle, l'autre l'ARN et la troisième une combinaison d'ARN et d'ADN en équilibre. Cette dernière approche, appelée la troisième voie de l'évolution, combine les idées de code circulaire et de proto-ribosome.

Une des propositions de la troisième voie consiste à rechercher un ARN circulaire minimal pouvant se conformer également en un ADN de type « hairpin » et étant susceptible d'avoir favoriser la polymérisation de petits peptides constitués de chaînes ayant une succession aléatoire de n'importe lesquels des 20 acides aminés. Ce problème n'a qu'un nombre restreint de solutions, dont le barycentre (pour les distances classiques utilisées pour les séquences génomiques, à savoir celles de Hamming circulaire, la distance edit et la distance shuffle) est la séquence AUG-GUACUGCCAUAUCAAGAUGA, appelée AL (pour « Archetypal Loop »). Une fois circularisée et lue par codons chevauchants, cette séquence présente une succession de triplets allant du codon START au codon STOP, en passant par un représentant et un seul de chaque classe de synonymie du code génétique. Comme il existe une affinité faible (de type van der Waals) entre un acide aminé et les codons affectés à sa classe de synonymie, on conçoit que la forme circulaire puisse servir de catalyseur à la synthèse peptidique originelle.

Pour conforter cette hypothèse, on peut rechercher la phylogénie de protéines anciennes ayant un rôle important dans le métabolisme cellulaire, depuis les Archées (organismes unicellulaires considérés comme les plus anciennes formes de vie) jusqu'aux mammifères. On prendra l'exemple de l'hémoglobine, pour exhiber un gradient d'apparition de motifs pentamériques issus de la séquence AL, dont la fréquence diminue au cours de l'évolution. On comparera cette évolution à celle de protéines plus ubiquitaires, comme les hélicases et les polymérases, responsables de la duplication des ARNs, assurant à AL une auto-reproduction fiable capable d'assurer la survie du système initial ARN-peptide.



MARGAU
Fédération Mathématique
de Recherche
en Région Nouvelle-Aquitaine



Région
Nouvelle-
Aquitaine

GRAND POITIERS
Communauté urbaine
grandpoitiers.fr

Lactate Shuttle between Glioblastoma Cells and Neurons : a Cancer Neuroscience Case

Thomas Daubon¹, Mathis Pinglaut¹, Claire Larrieu¹, Yahaya Yabo², Axell Davoust¹, Antonio C Pagano Zottola¹, Mathieu Larroquette¹, Sebastian Lillo¹, Johanna Galvis¹, Doriane Bomont¹, Macha Nikolski¹, Oceane Martin¹, Audrey Burban¹, Dieter Henrik Heiland²

¹IBGC CNRS UMR5095, University of Bordeaux, France

²Translational Neurosurgery, Friedrich-Alexander Universität Nuremberg-Erlangen, Erlangen, Germany

Glioblastoma (GB) is a highly infiltrative brain tumor characterized by poor prognosis and limited median survival, even under aggressive therapeutic management. Tumor progression relies heavily on metabolic exchanges. In the healthy brain, lactate symbiosis occurs between glycolytic astrocytes and oxidative neurons, with neurons consuming astrocytic lactate to fuel the TCA cycle. We previously demonstrated that a similar lactate symbiosis exists within GB, where glycolytic and oxidative tumor cell populations cooperate to sustain growth and invasion (Guyon et al., 2022, EMBO Mol Med). Importantly, targeting lactate metabolism with antiepileptic agents that inhibit lactate dehydrogenase reduces GB growth, while inhibiting oxidative populations with complex I inhibitors efficiently limits tumor progression (Burban et al., 2025, EMBO Mol Med).

Surgical resection remains the standard of care for GB, aiming to remove the bulk of the tumor. However, we hypothesized that resection disrupts intratumoral metabolic organization, forcing residual invasive cells to undergo metabolic reprogramming. To test this, we performed spatial transcriptomics (MERSCOPE and Visium) on patient samples collected during short-term re-resections, ranging from days to weeks after surgery. We observed the emergence of a hypoxic environment, recruitment of distinct immune cell subsets, increased ROS signaling, and a metabolic switch toward oxidative phosphorylation. Mouse models undergoing GB resection confirmed these findings, and mass spectrometry imaging of recurrent xenografts revealed a sharp rise in lactate production. In vitro, simulations of lactate fluctuations reproduced this shift, showing mitochondrial downregulation and elevated ROS production. ROS acted as signaling molecules, enhancing hypoxia-inducible factor 1 α (HIF1 α) activity and upregulating lactate transporter MCT1. Functionally, GB cells deprived of lactate regained proliferative capacity, mirroring tumor regrowth after surgery. In vivo, treatment of resected tumors with LDH inhibitors or ROS scavengers significantly delayed recurrence, highlighting the therapeutic relevance of targeting these adaptive processes.

We further hypothesized that excess lactate generated in the post-resection context could be taken up by neurons, leading to neuronal hyperactivation that in turn promotes GB progression. To test this GB–neuron metabolic coupling, we disrupted the neuronal lactate transporter MCT2 in both in vitro and in vivo models. Loss of neuronal lactate uptake reduced GB cell invasion and proliferation, supporting the concept of a bidirectional lactate shuttle sustaining relapse.

In conclusion, surgical resection induces a profound metabolic reprogramming in GB, characterized by increased oxidative metabolism, ROS signaling, and altered tumor–neuron interactions. These adaptations fuel tumor recurrence. Targeting the metabolic vulnerabilities emerging after resection—such as lactate dynamics, ROS signaling, and neuron–tumor metabolic crosstalk—represents a promising therapeutic strategy to limit GB relapse and improve patient outcomes.



MARGAU
Fédération Mathématique
de Recherche
en Région Nouvelle-Aquitaine



Région
Nouvelle-
Aquitaine

GRAND POITIERS
Communauté urbaine
grandpoitiers.fr

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.



MARGAU
Fédération Mathématique
de Recherche
en Région Nouvelle-Aquitaine



Région
Nouvelle-
Aquitaine

GRAND POITIERS
Communauté urbaine
grandpoitiers.fr

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.



MARGAU
Fédération Mathématique
de Recherche
en Région Nouvelle-Aquitaine



Région
Nouvelle-Aquitaine

GRAND POITIERS
Communauté urbaine
grandpoitiers.fr