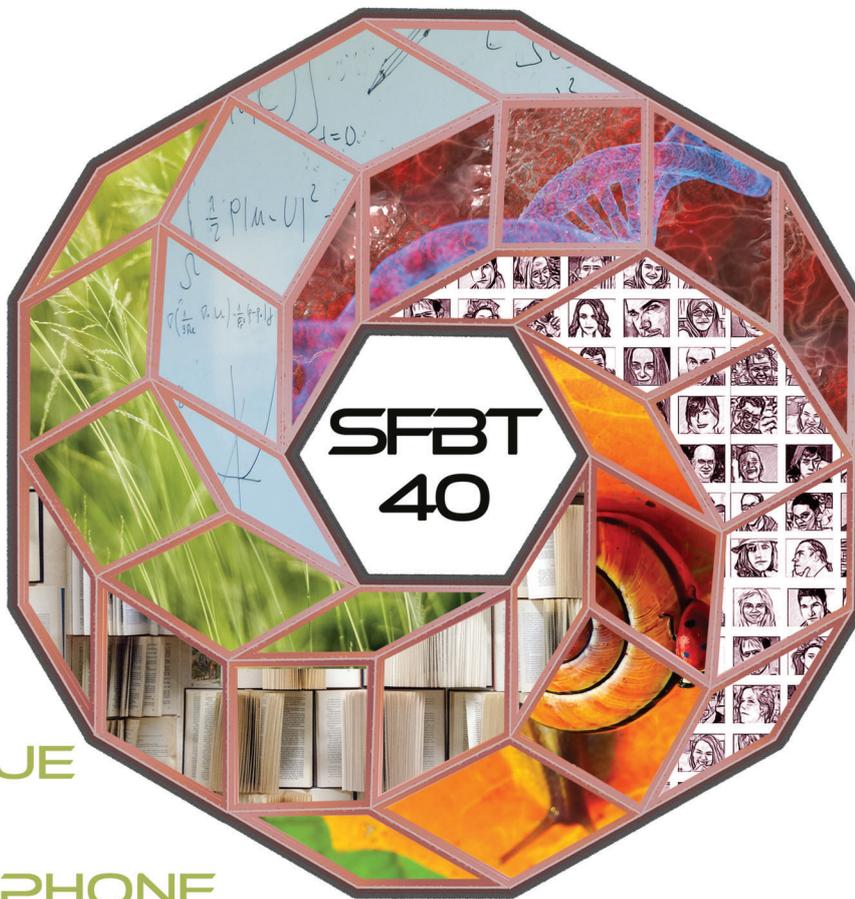


CHU de Poitiers
SP2MI, Futuroscope

27- 30 juin 2022



40^{ÈME}
COLLOQUE
SOCIÉTÉ
FRANCOPHONE
DE BIOLOGIE THÉORIQUE

Aziz Alaoui (Le Havre)
Benjamin Ambrosio (Le Havre)
Pierre Auger (Lyon)
Jacques Demongeot (Grenoble)
Mathieu Desroches (Sophia Antipolis)
Stefania Gatti (Modena, Italie)
Albert Goldbeter (Bruxelles)
Quentin Griette (Bordeaux)
Erwan Hingant (Amien)
Virginie Le Rolle (Rennes)
Pierre Magal (Bordeaux)
Pierre Magistretti (Lausanne, Suisse)
Evariste Sanchez Palencia (Académie des Sciences)
Olivier Saut (Bordeaux)
Angélique Stéphanou (Grenoble)

Comité Scientifique

J.-P. Françoise
(Paris 6)

R. Guillevin
(Poitiers)

A. Miranville
(Poitiers)

Comité d'Organisation

L. Cherfils
(LaSIE, La Rochelle)

M. Brachet
(LMA Poitiers)

J. Dambrine
(LMA Poitiers)

R. Guillevin
(LMA, CHU Poitiers)

A. Miranville
Président
(LMA Poitiers)

C. Taing
(LMA Poitiers)

P. Vanhaecke
(LMA Poitiers)

<http://www-math.sp2mi.univ-poitiers.fr/SFBT2022/fr/>

**40^{ème} Colloque de la Société Francophone de Biologie Théorique
(SFBT 2022)**

Programme du 27 au 30 juin 2022 à POITIERS

Lundi 27 juin 2022 : CHU de Poitiers

9h00 à 9h45	Accueil des participants et ouverture du colloque
9h45 à 10h30	Virginie LE ROLLE (MCF, Université Rennes 1)
10h30 à 10h55	Lu LI (Doctorante, DACTIM-MIS, LMA, et CH de Poitiers)
10h55 à 11h20	Carole GUILLEVIN et Clément GIRAUD (IR, CHU de Poitiers)
11h20 à 11h30	Pause - café
11h30 à 11h55	Anouar KHERKOUCHE (Doctorant, XLIM, Université de Poitiers)
11h55 à 12h20	Alexandre FENNETEAU (Doctorant, XLIM, Université de Poitiers)
12h20 à 12h45	Guillaume HERPE (Doctorant, DACTIM-MIS, LMA, et CHU de Poitiers)
12h45 à 14h00	Pause déjeuner
14h00 à 14h25	Clément THOMAS (Doctorant, DACTIM-MIS, LMA, et CHU de Poitiers)
14h25 à 14h50	Matthieu COUPET (Doctorant, XLIM, Université de Poitiers)
14h50 à 15h15	Adrien RAISON (Doctorant, XLIM, Université de Poitiers)
15h15 à 15h40	Carole GUILLEVIN et Clément GIRAUD (IR, CHU de Poitiers)
15h40 à 16h05	Julien DAMBRINE (MCF, DACTIM-MIS, LMA)
16h05 à 16h50	Aziz ALAOUI (PR, Université du Havre)
17h00 à 18h00	Pierre MAGISTRETTI (EPFL, Lausanne - Suisse), Exposé grand public

Mardi 28 juin 2022 : Laboratoire de Mathématiques et Applications (LMA)

9h00 à 9h45	Stefania GATTI (PR, Université de Modène, Italie)
9h45 à 10h30	Jacques DEMONGEOT (PR, Université Grenoble Alpes)
10h30 à 11h15	Pause - café
11h15 à 12h00	Mathieu DESROCHES (CR, INRIA, Sophia Antipolis)
12h00 à 14h30	Pause déjeuner
14h30 à 15h15	Angélique STEPHANOU (CR, CNRS, Université Grenoble Alpes)
15h15 à 16h00	Pause - café
16h00 à 16h45	Pierre AUGER (DR, IRD, Bondy)
À partir de 19h30	Dîner de gala

Mercredi 29 juin 2022 : Laboratoire de Mathématiques et Applications (LMA)

08h45 à 09h30	Evariste SANCHEZ PALENCIA (Académie des Sciences, Paris)
09h30 à 10h00	Pause - café
10h00 à 10h45	Yijun LOU (PR, Hong Kong Polytechnic University, Hong Kong, Chine)
10h45 à 11h30	Pierre MAGAL (PR, Université de Bordeaux)
12h00 à 14h30	Pause déjeuner
14h30 à 15h15	Benjamin AMBROSIO (MCF, Université du Havre)
15h15 à 15h45	Pause - café
15h45 à 16h30	Albert GOLDBETER (PR, Université Libre de Bruxelles, Belgique)
16h30 à 19h30	Assemblée Générale de la SFBT et discussions

Jeudi 30 juin 2022 : Laboratoire de Mathématiques et Applications (LMA)

9h00 à 9h45	Erwan HINGANT (MCF, Université d'AMIENS)
9h45 à 10h30	Quentin GRIETTE (MCF, Université de Bordeaux)
10h30 à 11h15	Pause - café
11h15 à 12h00	Olivier SAUT (DR, INRIA, Bordeaux)
12h00	Clôture du Colloque
À partir de 12h30	Déjeuner

Personnes à contacter :

Organisateurs :

Alain MIRANVILLE : alain.miranville@math.univ-poitiers.fr

Rémy GUILLEVIN : remy.guillevin@math.univ-poitiers.fr

Secrétariat :

Léa NABIT : lea.nabit@math.univ-poitiers.fr



RESUMES

**Approches à base de modèles pour la caractérisation des profils de réponse à la thérapie
de resynchronisation cardiaque**

Virginie Le Rolle

Université Rennes 1

Synchronisation de réseaux complexes de systèmes de réaction-diffusion -Application pour des modèles proie-prédateur

Aziz Alaoui

Université du Havre

Nous présentons un réseau complexe innovant de systèmes de réaction-diffusion situés dans des domaines distincts, avec couplages aux bords. Il modélise l'évolution de populations en interaction vivant dans un environnement fragmenté, dont les individus migrent d'un habitat à une autre. Les déplacements des individus sont modélisés par des couplages aux limites mixtes, impliquant à la fois les conditions aux limites de Neumann et de Robin. Nous étudions les cas de diffusion dans des habitats isotropes et anisotropes et établissons des conditions originales suffisantes de synchronisation dans ce modèle de réseau complexe.

Nous appliquons nos résultats théoriques à un modèle prédateur-proie non linéaire et explorons numériquement l'émergence de la synchronisation de patterns de Turing hétérogènes.

Some recent results on a tumor growth model with brain lactate kinetics

Stefania Gatti

Université de Modène, Italie

This talk is devoted to a mathematical model for high grade gliomas, taking into account lactates kinetics, as well as chemotherapy and antiangiogenic treatment. We validate the model, proving the existence and uniqueness of biologically relevant solutions. We also perform numerical simulations based on different therapeutic situations which can be found in the literature. These simulations are consistent with what is expected in these situations.

Un ARN « proto-ribosome » à l'origine de la vie et ses reliques dans le ribosome actuel

Jacques Demongeot

Université Grenoble Alpes

Le débat entre les théories classiques sur l'origine de la vie, ADN premier ou ARN premier n'est pas clos et les arguments en faveur de l'une ou l'autre de ces théories ont récemment alimenté un débat dans lequel les deux ont un haut degré de vraisemblance. En particulier, les travaux récents de l'équipe de Steven Benner et Elisa Biondi ont relancé la compétition entre les deux théories en donnant un avantage à l'ARN premier [1]. Il semble donc intéressant de proposer une troisième voie intermédiaire, basée sur l'existence d'un ARN qui aurait pu exister avant les stades ultérieurs postulés par ces théories et donc être le chaînon manquant vers une origine commune de celles-ci [2]. Nous exhibons donc un ARN candidat existant sous forme d'anneau ou de « hairpin » dans les premiers stades de la vie, qui aurait pu agir comme un « proto-ribosome » [3-8].

Ensuite, nous montrons que des reliques de cet ARN candidat putatif existent dans des molécules actuellement impliquées dans la fabrication ribosomique, les concentrations de ces reliques dépendant de l'importance de ces molécules dans le processus de traduction. La structure primordiale représente le noyau fonctionnel de la traduction et les reliques proviennent de l'addition, au cours de l'évolution, de fonctionnalités ribosomiques successives rendant la traduction plus efficace et plus sûre.

Références

1. C.A. JEROME, H.J. KIM, S.J. MOJZSIS, S.A. BENNER, E. BIONDI. *Astrobiology*, 22, 629-636 (J 2022)
2. M. THELLIER, J. DEMONGEOT. Naive queries about the origin of life. *Biophysical Journal* (submitted).
3. J. DEMONGEOT, H. SELIGMANN. Evolution of tRNA subelement accretion from small and large ribosomal RNAs. *Biosystems* (revised).
4. J. DEMONGEOT, A. MOREIRA, H. SELIGMANN. Negative CG dinucleotide bias: An explanation based on feedback loops between Arginine codon assignments and theoretical minimal RNA rings. *Bioessays*, 43, 2000071 (2021).

5. J. DEMONGEOT, H. SELIGMANN. Accretion history of large ribosomal subunits deduced from theoretical minimal RNA rings is congruent with histories derived from phylogenetic and structural methods. *Gene*, 738, 144436 (2020).
6. J. DEMONGEOT, H. SELIGMANN. Theoretical minimal RNA rings maximizing coding information overwhelmingly start with the universal initiation codon AUG. *BioEssays*, 42, 1900201 (2020).
7. J. DEMONGEOT, A. HENRION CAUDE. The old and the new on the prebiotic conditions of the origin of life. *Biology*, 9, 88 (2020).
8. J. DEMONGEOT, V. NORRIS. Emergence of a “Cyclosome” in a Primitive Network Capable of Building “Infinite” Proteins. *Life*, 9, 51 (2019).

Cross-scale excitability in networks of synaptically-coupled quadratic integrate-and-fire neurons

Mathieu Desroches

INRIA, Sophia Antipolis

Excitability is a hallmark of many biological signalling processes. In recent years, excitability in single cells has been related to multiple-timescale dynamics through canards, special solutions which determine the effective thresholds of the all-or-none responses. However, the emergence of excitability in large populations remains an open problem. In this talk, I will present recent results showing that the mechanism of excitability in large networks and mean-field descriptions of coupled quadratic integrate-and-fire (QIF) cells mirrors that of the individual components. The approach initially exploits the Ott-Antonsen ansatz to derive low-dimensional dynamics for the coupled network and then use it to describe the structure of canards via slow periodic forcing. I will show that the thresholds for onset and offset of population firing can be found in the same way as those of the single cell. The goal is to combine theoretical analysis and numerical computations to develop a novel and comprehensive framework for excitability in large populations, applicable not only to models amenable to Ott-Antonsen reduction, but also to networks without a closed-form mean-field limit, in particular sparse networks. This is joint work with Daniele Avitabile (VU Amsterdam, The Netherlands), and G. Bard Ermentrout, University of Pittsburgh, USA).

Investigation of the metabolic heterogeneity in tumour spheroids with a hybrid multi-scale model

Angélique Stephanou

CNRS et Université Grenoble Alpes

We developed a hybrid multi-scale model to describe the growth of tumour spheroids as observed in vitro. The model specifically focuses on the description of the cell energy metabolism that involves the cooperative effects of oxidative phosphorylation and glycolysis. To that end, we used coupled ordinary differential equations for the cell metabolism that are solved for each cell of an agent based model. The diffusion of the two main nutrients, oxygen and glucose, are described with partial differential equations. The consumption rates of these substrates are modulated by the extracellular acidity in agreement with recent experimental observations. Our simulation results show that the cell metabolism is spatially and temporally heterogeneous in the growing spheroids. A whole landscape of metabolic attractors can be described where the Warburg effect, often described as a hallmark of cancer, appears as a transient state.

Modèles bioéconomiques de pêcheries : Augmentation du rendement maximal durable pour une pêcherie multi-site

Pierre Auger

IRD, Bondy

Nous présentons une revue des modèles mathématiques de pêche en mettant l'accent sur les modèles bioéconomiques avec un prix de marché variable de la ressource dépendant de l'offre et de la demande. Les modèles sont des systèmes d'équations différentielles ordinaires décrivant l'évolution temporelle de la biomasse des poissons et de l'effort de pêche dans différents sites de pêche. Nous supposons en outre que les mouvements des poissons et des bateaux entre les sites de pêche sont rapides par rapport à la dynamique locale. En tirant partie des échelles de temps, un modèle réduit est dérivé, décrivant l'évolution temporelle de la biomasse totale et de l'effort de pêche total de la pêcherie multi-site à une échelle de temps lente. Dans un premier temps, le cas d'une fonction de demande linéaire par rapport au prix est étudié. On montre qu'il peut exister jusqu'à 3 équilibres positifs avec multi-stabilité. Deux équilibres localement stables peuvent coexister, l'un correspondant au cas d'une pêcherie surexploitée et l'autre correspondant à une pêcherie durable à long terme. Dans un deuxième temps, le cas d'une fonction de demande non linéaire est étudié. Il est montré qu'un équilibre de pêche « catastrophique » conduisant à l'extinction du poisson avec un effort de pêche élevé et un prix en plein boom peut se produire. Nous illustrons nos résultats avec le cas de la pêcherie du « thiof », espèce de poisson emblématique et surexploitée au Sénégal pour laquelle d'importantes variations du prix de marché ont été observées ces dernières années. On considère enfin une communauté proie-prédateur de poissons sur deux sites de pêche. Nous supposons que seul le prédateur est pêché et non sa proie, qui se développe de manière logistique sur chaque site. Nous montrons que la capture totale du système des deux sites connectés peut être supérieure à la somme des captures sur chaque site isolé.

Paradoxes de «fuite en avant» et commentaires sur l'utilisation de la valeur sélective

Evariste Sanchez Palencia et Jean-Pierre Francoise

Académie des Sciences et Sorbonne Université, Paris

Dans le cadre de l'écologie dynamique, on considère une compétition de deux espèces (populations $x(t)$ et $y(t)$) dans un habitat fournissant des ressources limitées dont profitent simultanément mais de façons différentes les deux espèces. Plus particulièrement, on considère des situations où l'une des deux espèces (y par exemple) l'emporte sur l'autre, autrement dit, l'attracteur se situe dans le sous-espace $x=0$. Il y a alors des larges plages des valeurs des paramètres où se présente le paradoxe suivant : en gardant tous les paramètres fixés sauf le taux de natalité des x , qui augmente, au lieu de permettre la survie des x (ce qui semble logique), l'attracteur reste toujours dans le sous-espace $x=0$ et même la vitesse d'approche augmente (plus le taux de natalité des x est grand, plus ils disparaissent vite : paradoxe de fuite en avant).

On donnera divers exemples de ce paradoxe (avec deux ou trois espèces et divers types d'attracteur : ponctuel, cycle périodique...) et surtout son explication, qui réside dans le fait que la position de l'attracteur est commandée principalement par les termes non-linéaires d'utilisation des ressources, qui corrigent par l'intermédiaire des taux de décès l'augmentation de la natalité.

On reviendra, à la lumière de ce type de phénomènes sur le concept de valeur sélective (fitness), parfois définie de façon imprécise, pour en préciser le sens et l'utilisation.

Tick-borne disease modeling: the impact of seasonality, co-feeding transmission and tick movements among patches

Yijun Lou

Hong Kong Polytechnic University, Hong Kong, China

This talk presents a mechanistic model for describing the spatial dynamics of tick-borne diseases by considering systemic transmission, seasonal climate impacts, host movement as well as the co-feeding transmission route. The net reproduction number for tick growth and basic reproduction number for disease transmission are derived, which predict the global dynamics of tick population growth and disease transmission. Further numerical simulations will also be presented in the talk to not only verify the analytical results, but also characterize the contribution of co-feeding transmission route on disease prevalence in a habitat and the effect of host movement on the spatial spreading of the pathogen.

Can mathematical modeling help to understand COVID-19 data?

Pierre Magal

Université de Bordeaux

We provide a new method to analyze the COVID-19 cumulative reported case data based on a two-step process: first, we regularize the data by using a phenomenological model which takes into account the endemic or epidemic nature of the time period, then we use a mathematical model which reproduces the epidemic exactly. This allows us to derive new information on the epidemic parameters and to compute the effective basic reproductive ratio on a daily basis. Our method has the advantage of identifying robust trends in the number of new infectious cases and produces an extremely smooth reconstruction of the epidemic. The number of parameters required by the method is parsimonious: for the French epidemic between February 2020 and January 2021 we use only 11 parameters in total.

Dynamical Systems and Complex Networks

Benjamin Ambrosio

Université du Havre

In this talk, after a brief introduction about Complex Systems, I will discuss some mathematical results and provide numerical insights that relate to a neuroscience context and that can be described by networks of Dynamical Systems.

Some examples are the following: how rhythms emerge in local population of neurons? How do waves propagate in oscillatory or excitatory media? How can we mimic brain rhythms with low dimensional models?

The answer to these questions -- from my mathematical standpoint-- will rely on networks of ODEs and PDEs with deterministic or stochastic components. I will also give some theorems as well as the idea of their proofs.

Conséquences dynamiques du couplage entre horloge circadienne et cycle cellulaire

Albert Goldbeter

Université Libre de Bruxelles (ULB), Belgique

La modélisation du mécanisme moléculaire de l'horloge circadienne et du cycle cellulaire chez les mammifères montre que ces deux réseaux de régulation sont capables d'osciller de manière autonome. Les deux oscillateurs, du type cycle limite, sont couplés de manière uni- ou bidirectionnelle. Le couplage unidirectionnel permet l'entraînement du cycle cellulaire par l'horloge circadienne dans un domaine de valeurs des paramètres. Lorsque le couplage s'effectue dans les deux directions, les deux oscillateurs se synchronisent de manière robuste dans une plus vaste région de l'espace des paramètres. On observe parfois, dans les conditions de couplage bidirectionnel, un phénomène de multi-synchronisation : ce nouveau type de comportement dynamique se caractérise par la coexistence entre deux ou trois modes stables de synchronisation des deux oscillateurs.

Références :

Gérard C, Goldbeter A. 2012. Entrainment of the mammalian cell cycle by the circadian clock: Modeling two coupled cellular rhythms. *PLoS Comput. Biol.* 8 (5): e1002516.

Yan J, Goldbeter A. 2019. Robust synchronization of the cell cycle and the circadian clock through bidirectional coupling. *J. R. Soc. Interface* 16 (158):20190376. doi: 10.1098/rsif.2019.0376.

Goldbeter A, Yan J. 2022. Multi-synchronization and other patterns of multi-rhythmicity in oscillatory biological systems. *Interface Focus*. 12 (3):20210089. doi: 10.1098/rsfs.2021.0089.

Métastabilité du modèle de Becker-Döring stochastique et phénomène de nucléation

Erwan Hingant

Université d'Amiens

Nous présenterons une version stochastique du modèle de Becker-Döring. Un système permettant de décrire l'aggrégation de particules (p. ex. des protéines) au cours du temps. Le modèle est connu pour représenter les transitions de phase (solubles - insolubles) de ces agrégats mais aussi pour prédire l'existence d'une phase métastable avant cette transition. On revistera ces phénomènes à l'aide du modèle stochastique ce qui nous permettra de relier la notion de métastabilité et le concept de nucléation dans la formation d'agrégat.

**Long-time dynamics of a competition-selection model in the space of measures:
persistence and concentration**

Quentin Griette

Université de Bordeaux

We investigate the long-time dynamics of a competition-selection model in the case of a continuously distributed initial population. We introduce an epidemic model of pathogen species competing for a single resource, whose efficiency is encoded by a continuous variable (the “trait variable”) living in a Euclidean space. The differential equation is solved in a space of measures to allow the observation of the natural concentration of the distribution on specific traits. We show the concentration of the distribution on the maximizing set of the fitness function in the sense of the Kantorovitch-Rubinstein metric. When the initial mass of the maximal fitness set is positive, we give a precise description of the convergence of the orbit, including a formula for the asymptotic distribution. We also investigate precisely the case of a finite number of regular global maxima and show that the initial distribution may have an influence on the support of the eventual distribution. In particular, the natural process of competition is not always selecting a unique species, but several species may coexist as long as they maximize the fitness function. In many cases it is possible to compute the eventual distribution of the surviving competitors. In some configurations, species that maximize the fitness may still get extinct depending on the shape of the initial distribution and some other parameter of the model, and we provide a way to characterize when this unexpected extinction happens.

This is a joint work with Jean-Baptiste Burie and Arnaud Ducrot.

Vers un meilleur suivi clinique du cancer grâce à la modélisation mathématique?

Olivier Saut

INRIA, Bordeaux

Malgré une activité de recherche intense, les conséquences cliniques de la modélisation mathématique avancée sont encore peu nombreuses. En détaillant en particulier nos travaux sur la problématique du suivi des méningiomes atypiques, j'illustrerai quelques défis importants que l'on doit surmonter ainsi que les solutions que nous avons pu proposer en mobilisant des approches issues de plusieurs domaines comme la modélisation par équations aux dérivées partielles, l'assimilation de données, l'apprentissage machine ou le traitement d'images médicales. Ces travaux se basent sur une étude rétrospective de plus de 300 patients du CHU de Bordeaux, en collaboration avec le service de neurochirurgie.