

**Journée « De la biologie aux mathématiques »**

**Mardi 16 avril 2019**

Amphithéâtre François Furet, EHESS, 105 Bd Raspail, Paris 6ème

Organisée dans le cadre du programme « PSL-Maths », cette journée sur l'analyse et la modélisation mathématique de problèmes issus de la biologie et de la médecine s'adresse aux jeunes (étudiant.e.s de master, doctorant.e.s, postdoctorant.e.s) et moins jeunes, mathématicien.ne.s, et plus généralement à toutes celles et tous ceux (dans et hors PSL) ayant une solide formation en mathématiques. Les intervenants sont chercheurs ou enseignant-chercheurs dans un établissement de PSL, illustrant une diversité de sujets explorés à PSL.

Programme :

**9h30 Amaury Lambert**

Collège de France & Sorbonne Université

**The origin of species: From micro to macro-evolution**

To understand how macro-evolutionary processes and patterns emerge from the recurrence and interaction of micro-evolutionary processes, the bottom-up approach used in individual-based modeling has been increasingly popular in the last two decades. For example, simulations of diversification processes recording on long timescales the genotype, phenotype and spatial position of each individual organism, specifying mating behaviors and ecological interactions as well as resource abundance distribution and landscape connectivity, help test if the current views of speciation are consistent with empirical patterns of macro-ecology (e.g., species abundance distributions) and macro-evolution (e.g., tempo and shape of phylogenies). An alternative approach, used for example in the neutral theory of biodiversity, consists in picking a minimal number of assumptions and parameters for modeling ecological processes, easing the derivation of mathematical predictions and allowing for the statistical inference of parameters from real data. I will review some of my recent contributions to these two modeling approaches, highlighting both mathematical and biological results obtained in passing.

*10h30 pause café – salle 8*

## **11h Henri Berestycki**

EHESS, Université PSL – Paris

### **Modèles prédateurs-proie avec compétition: émergence de la territorialité**

Je présenterai des résultats issus d'une série de travaux en collaboration avec Alessandro Zilio. Nous considérons un nouveau modèle de type prédateurs-proie dans lesquels les prédateurs peuvent se répartir en plusieurs groupes (meutes), comme c'est le cas pour les loups. Nous proposons ce modèle en vue d'éclairer la question de la formation de meutes hostiles et l'émergence de comportements territoriaux. Nous analysons les états stationnaires en examinant tout particulièrement leurs comportements lorsque le paramètre de compétition devient grand. Nous étudions également la question du nombre de groupes différents en compétition pouvant coexister dans un environnement donné. Ces questions nous conduisent à établir des estimations a priori et des propriétés qualitatives d'un type nouveau pour des systèmes de réaction-diffusion.

*12h30-14h30 Déjeuner-buffet – salle 8*

## **14h30 Bertrand Maury**

Université Paris-Sud & DMA, ENS

### **Mathématiques autour du poumon**

Le poumon des mammifères, en particulier des êtres humains, se prête particulièrement bien à la modélisation, du fait de sa structure dyadique d'une grande régularité. Nous proposons de donner un aperçu de divers développements mathématiques permettant de mieux en appréhender le fonctionnement, en particulier la modélisation de l'arbre bronchique par un réseau résistif. Ce cadre permet de formaliser le processus de ventilation sous la forme d'un problème de Laplace discret, et d'aborder (ce que nous ferons avec prudence) des questions d'optimalité de l'arbre bronchique.

Nous reviendrons vers des considérations plus directement ancrées sur le réel en présentant des travaux en cours conséquents à une campagne de mesures menée au Synchrotron en juillet dernier, qui vise à reconstruire la structure tridimensionnelle du poumon réel (de rats) à l'échelle des plus petites bronches, et d'étudier la déformabilité relative des alvéoles et des bronchioles terminales.

## **15h30 Jean-Philippe Vert**

Google Brain & Mines Paris Tech

### **Machine learning for precision medicine**

As the cost and throughput of genomic technologies reach a point where DNA sequencing is close to becoming a routine exam at the clinics, there is a lot of hope that treatments of diseases like cancer can dramatically improve by a digital revolution in medicine, where smart algorithms analyze « big medical data » to help doctors take the best decisions for each patient or to suggest new directions for drug development. While artificial intelligence and machine learning-based algorithms have indeed had a great impact on many data-rich fields, their application on genomic data raises numerous computational and mathematical challenges that I will illustrate on a few examples of patient stratification or drug response prediction from genomic data.

---

Entrée libre. Déjeuner-buffet sur place avec les intervenants.

Contact : [jpnadal@ehess.fr](mailto:jpnadal@ehess.fr)

<https://www.psl.eu/psl-maths>