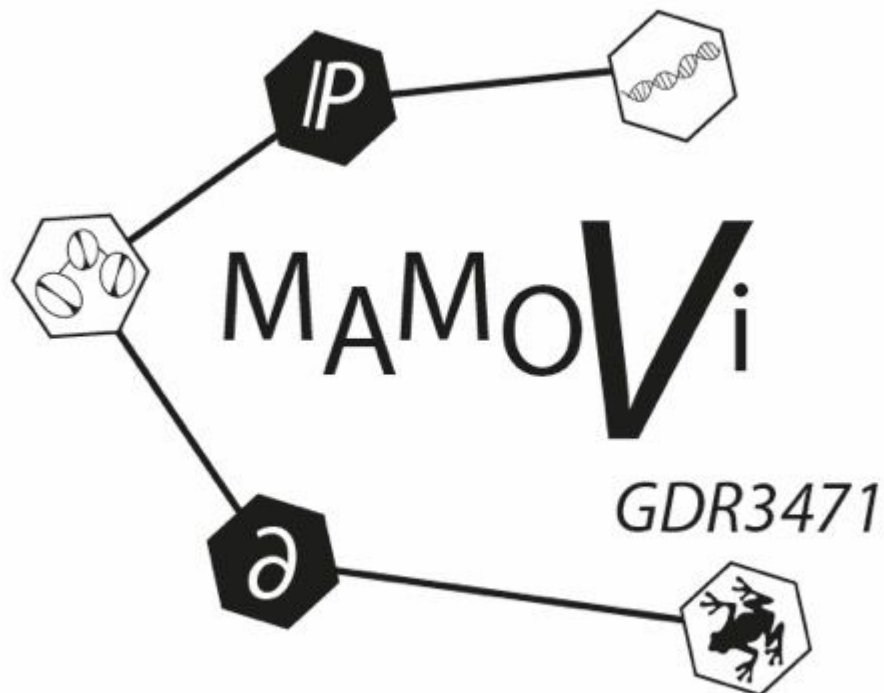


Session du GDR Mamovi 2019
4-6 Septembre 2019, Tours.



Programme

Mercredi	Jeudi	Vendredi
	9h Céline Bonnet	9h Boris Nectoux
	9h45 Simon Girel	9h30 Bertrand Cloez
	10h30 PAUSE	10h30 PAUSE
	11h Cécile Taing	11h Magali Tournus
	11h45 Léo Girardin	11h45 Laurent Pujon-Menjouet
13h Accueil Café	12h30 Déjeuner	12h30 Fin
13h30 Miraine Davila Felipe	14h Diane Peurichard	
14h15 Coralie Fritsch	14h45 Rémi Tesson	
15h PAUSE	15h30 PAUSE	
15h30 Présentations Jeunes*	16h Philippe Moireau	
16h30 Sepideh Mirrahimi	16h45 Barbara Gris	
17h15 Florian Patout	17h30 Fin	
18h Fin		

*Présentations Jeunes:

- Lara Abi Rizk
- Josué M. Corujo Rodríguez
- Leo Darrigade
- Susely Figueroa Iglesias
- Thibault Moulin
- Gwenaël Peltier
- Quentin Richard

Titres et Résumés des Exposés

Miraine Dávila Felipe , Distribution and asymptotic behavior of the phylogenetic transfer distance	3
Coralie Fritsch , Modélisation spatio-temporelle de la chalarose (maladie fongique du frêne) en France	4
Lara Abi Rizk , Travelling wave solutions for a non-local evolutionary-epidemic system	5
Josué M. Corujo Rodríguez , Quantitative results for a Moran type particle process in the circle	6
Léo Darrigade , Modeling of the colonic epithelium and microbiota crosstalk . .	7
Susely Figueroa Iglesias , Selection-mutation in a fluctuating environment: a Hamilton-Jacobi approach	8
Thibault Moulin , Réconcilier les modèles agronomiques de prairies avec une dynamique de biodiversité du couvert végétal	9
Gwenaël Peltier , Invasion dans des équations de réaction-diffusion inspirées de la biologie évolutive.	10
Quentin Richard , Comportement asymptotique de modèles de Lotka-Volterra structurés en âge et à retard	11
Sepideh Mirrahimi , Evolutionary dynamics of phenotypically structured populations in time varying environments	12
Florian Patout , A quantitative genetics model for sexual reproduction under the regime of small variance	13
Céline Bonnet , Stochastic Model for Erythropoiesis	14
Simon Girel , Modélisation de la Réponse Immunitaire T-CD8	15

Cécile Taing , Dynamique de concentration dans un modèle de population structuré en âge et en phénotype	16
Leo Girardin , The effect of random dispersal on competitive exclusion – A review	17
Diane Peurichard , Modelling cell-cell collision and adhesion with the Filament Based Lamellipodium Model	18
Rémi Tesson , Modélisation mathématiques de l’impact de la dynamique des microtubules sur la migration cellulaire	19
Philippe Moireau , Thermodynamical properties of muscle contraction models and associated discrete-time principles.	20
Barbara Gris , Modélisation d’une évolution par déformations contraintes	21
Boris Nectoux , La métastabilité en physique statistique	22
Bertrand Cloez , Comportement en temps long pour des modèles en dynamique de population	23
Magali Tournus , Estimating the division parameters of a population of amyloid fibrils	24
Laurent Pujo-Menjouet , Maladie d’Alzheimer et prion: une liaison dangereuse	25

Distribution and asymptotic behavior of the phylogenetic transfer distance

Miraine Dávila Felipe

Laboratoire Modal'X – Université Paris Nanterre

The phylogenetic bootstrap is a method to assess the robustness of phylogenies inferred from sequence data. Its usefulness, simplicity and interpretability have made it extremely popular in evolutionary studies since it was introduced by Joseph Felsenstein in 1985. However, it is commonly acknowledged that Felsenstein's bootstrap is not appropriate for large datasets, which are now frequent thanks to high-throughput sequencing technologies. The main reason for such shortcoming is explained by the core methodology of Felsenstein's bootstrap: a bootstrap branch must match exactly a branch in the original tree estimate, to be accounted for in the bootstrap support of that branch. Here we propose, as an alternative to the classical bootstrap, to compare a given branch in the original tree with the bootstrap branches using a smother dissimilarity index. This new index is based on the *transfer distance* (TD) between bipartitions of a common set. We provide empirical and theoretical results showing that our method can be a powerful tool to assess the branch support of phylogenies inferred from a large number of sequences. In particular, we study the distribution and asymptotic behavior of this new support measure for some relevant null models of phylogenetic trees (Yule, PDA, Caterpillar and totally balanced trees).

References

1. M. Dávila Felipe, J.-B. Domelevo Entfellner, F. Lemoine, J. Truszkowski, and O. Gascuel. Distribution and asymptotic behavior of the phylogenetic transfer distance. *Journal of Mathematical Biology*, 79(2):485–508, Jul 2019.
2. J. Felsenstein. Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. *Evolution*, 39:783–791, 1985.
3. F. Lemoine, J.-B. Domelevo Entfellner, E. Wilkinson, D. Correia, M. Dávila Felipe, T. De Oliveira, and O. Gascuel. Renewing Felsenstein's Phylogenetic Bootstrap in the Era of Big Data. *Nature*, 2018. In press, *Nature*.

Modélisation spatio-temporelle de la chalarose (maladie fongique du frêne) en France

Coralie Fritsch

Équipe Inria Tosca – INRIA Nancy-Grand Est

La chalarose est une maladie du frêne apparue en Pologne en 1992 et observée pour la première fois en France en 2008. La maladie est causée par un champignon pathogène qui se développe sur les rachis infectés tombés aux pieds des arbres durant l'automne. Les champignons libèrent des spores qui se dispersent durant l'été et infectent ainsi les arbres voisins provoquant la propagation de la maladie. Depuis 2008, environ 500 sites de forêt sont visités chaque année et nous disposons de la proportion d'arbres infectés parmi ceux inspectés pour chaque visite. Basé sur nos connaissances sur le cycle de la maladie et afin de mieux comprendre la propagation de la maladie en France dans les prochaines années, nous avons développé un modèle mécaniste spatio-temporel décrivant la propagation de la maladie. Ce modèle est basé sur un modèle paramétrique latent représentant l'infection des rachis et tenant compte des effets de l'humidité et de la température ainsi que d'un modèle de réaction-diffusion décrivant la propagation des spores. Pour l'inférence des paramètres, uniquement basée sur la proportion d'arbres infectés, nous avons utilisé une approche Bayésienne et des simulations MCMC. Travail en collaboration avec Anne Gégout-Petit (IECL & Inria), Benoît Marçais (INRA) et Marie Grosdidier (INRA).

Travelling wave solutions for a non-local evolutionary-epidemic system

Lara Abi Rizk

Institut de Mathématiques de Bordeaux – Université de Bordeaux

In this talk we study the existence of a travelling wave solutions for a spatially distributed system of equations modelling the evolutionary epidemiology of plant- pathogen interaction, we prove that the wave solutions connects two determined stationary states and have a rather simple structure , provided some parameters condition expressed using the principle eigenvalue of some integral operator. An important contribution of this work is to overcome a difficulty on the lack of positivity due to the sign-changing of the higher eigenvectors . This analysis allows us to reduce the infinite dimensional travelling wave profile system of equations to a 4-dim ODE system .

Quantitative results for a Moran type particle process in the cycle graph

Josué M. Corujo Rodríguez

CEREMADE, Université Paris-Dauphine and Institut de Mathématiques de Toulouse

The purpose of this talk is to comment some results about the convergence of the (random) empirical distribution induced by a Moran (Fleming-Viot) type particle system. We consider N particles moving as asymmetric random walks on the cycle graph and we study the convergence of the induced empirical distribution when the time and the number of particles tend to infinity. Similar studies have been done for random walks in the complete graph and in the two-state Markov chain. Unlike these other models, the geometry in the cycle graph does not allow us to apply some well known results about the convergence of the empirical distribution induced by the Moran type model to the quasi-stationary distribution.

Modeling of the colonic epithelium and microbiota crosstalk

Léo Darrigade

MaIAGE – INRA

The colonic epithelium is a fast renewing tissue in constant interaction with the microbiota, with impact on our nutrition or immunity. We study a measure-valued PDMP of the intestinal epithelium taking into account several phenomena such as cell migration, division, differentiation or extrusion. We show the convergence of the model in a large population approximation towards a self-aggregation model.

Selection-mutation in a fluctuating environment: a Hamilton-Jacobi approach

Susely Figueroa Iglesias

Institut de Mathématiques de Toulouse – Université Paul Sabatier

J'étudie le comportement à long terme d'une équation parabolique du type Lotka-Volterra en considérant un terme de réaction temps-périodique et une compétition non locale. Une telle équation décrit la dynamique d'une population phénotypiquement structurée sous l'effet de mutations et de sélection dans un environnement fluctuant. Nous prouvons que la solution de cette équation converge depuis longtemps vers la seule solution périodique du problème que nous décrivons ensuite asymptotiquement lorsque l'effet des mutations est petit. En utilisant une théorie basée sur les équations de Hamilton-Jacobi avec contrainte, nous prouvons que la solution se concentre sur une seule masse de Dirac, alors que la taille de la population varie périodiquement dans le temps. Lorsque l'effet des mutations est faible mais non nul, ces résultats peuvent être comparés à des expériences biologiques, en prenant le taux de croissance de plusieurs façons. (collaboration avec Sepideh MIRRAHIMI)

Réconcilier les modèles agronomiques de prairies avec une dynamique de biodiversité du couvert végétal

Thibault Moulin

Agroecology and Environment, Agroscope Zurich

Les prairies permanentes semi-naturelles sont le pilier de l'agriculture dans les régions montagneuses. Outre leur soutien à l'industrie laitière, en fournissant un fourrage de qualité au bétail, elles constituent des réservoirs de forte biodiversité. La richesse de la composition botanique d'une prairie contribue à de nombreux services écosystémiques, comme une résistance accrue à des événements climatiques extrêmes et des indices nutritionnels du fourrage plus élevés. Pourtant cette notion clé de biodiversité n'est que faiblement intégrés dans les modèles prairiaux. En réponse, nous proposons un modèle qui représente les processus de compétition entre espèces herbacées ainsi que l'impact de différentes perturbations (fauche et pâturage) sur l'assemblage végétal. Une analyse par des simulations numériques sera également proposée.

Invasion dans des équations de réaction-diffusion inspirées de la biologie évolutive

Gwenaël Peltier

IMAG & ISEM– Université de Montpellier

On considère une population structurée en espace et en trait phénotypique, soumise aux effets de migrations, de mutations, de croissance et de compétition. De plus, cette population affronte un gradient environnemental : le trait optimal pour la survie dépend linéairement de la variable d'espace.

Selon le signe d'une valeur propre principale, ou bien la population s'éteint, ou bien elle survit et envahit tout l'espace. On montre que sous certaines hypothèses sur la condition initiale, il y a accélération de l'invasion. On donne également des estimations précises sur la position asymptotique des lignes de niveau de la solution.

Comportement asymptotique de modèles de Lotka-Volterra structurés en âge et à retard

Quentin Richard

Institut de Mathématiques de Bordeaux – Université de Bordeaux

Dans cette présentation, nous allons étudier le comportement asymptotique des solutions d'un modèle de Lotka-Volterra structuré en âge [1]. Nous montrons l'existence de deux seuils. Selon leur valeur, nous démontrons que les deux populations peuvent s'éteindre ou exploser en temps infini. Des simulations numériques montrent également la possibilité pour les solutions de converger soit vers une solution périodique, soit vers un équilibre de coexistence. En considérant un cas particulier sur les paramètres fonctionnels, nous reformulons le modèle comme un problème à retard [2]. À l'aide de fonctionnel de Lyapunov, nous montrons que l'ensemble attractif se réduit à l'équilibre de coexistence ou à une solution périodique dont nous caractérisons l'existence. Pour finir nous montrons la stabilité asymptotique de l'existence de coexistence dans un certain bassin d'attraction.

Références

- [1] A. Perasso and Q. Richard, Implication of age-structure on the dynamics of Lotka-Volterra equations. *Differential Integral Equations*, 32(1/2) (2019), 91–120.
- [2] A. Perasso and Q. Richard, Asymptotic behavior of age-structured and delayed Lotka-Volterra models, submitted.

Evolutionary dynamics of phenotypically structured populations in time varying environments

Sepideh Mirrahimi

Institut de Mathématiques de Toulouse – Université Paul Sabatier

We study a class of parabolic Lotka-Vokterra type equations with time dependent growth rate and a non-local competition term. Such equations describe the evolutionary dynamics of phenotypically structured populations in time varying environments. Using an approach based on Hamilton-Jacobi equations we provide an asymptotic analysis of such equations and characterize the phenotypic density in the regime of small mutations. In particular, via some examples and a comparison with a biological experiment, we show how this method can be used to determine the effect of the time variations on the performance of a population. Moreover, by considering different scenarios where the fluctuations act differently on the growth rate and considering different scalings we show that the phenotypic density may have very different types of behavior.

This talk is based on joint works with Manon Costa, Christèle Etchegaray and Susely Figueroa Iglesias.

A quantitative genetics model for sexual reproduction under the regime of small variance

Florian Patout

UMPA – ENS de LYON

I will present a study of the asymptotic behavior of solutions to a quantitative genetics model with trait-dependent mortality and a nonlinear integral reproduction operator with a parameter describing the deviation between the offspring and the mean parental trait. Our asymptotic analysis encompasses the case when the parameter is typically small. We prove existence and local uniqueness of a stationary profile that get concentrated around a local optimum of mortality, with a Gaussian shape having small variance. Our approach is based on perturbative analysis techniques that require to describe accurately the correction to the Gaussian leading order profile. Our result extends previous results obtained with linear reproduction operator, but using an alternative methodology. We will also tackle the stability of these stationary profiles by looking at the associated Cauchy problem.

Stochastic Model for Erythropoiesis

Céline Bonnet

CMAP – ECOLE POLYTECHNIQUE

Erythropoiesis is a multistep process in which generations of diverse red blood cells are coupled with movement of cells through different stages of maturation (types). This process is based on amplification motors successively involved in the proliferation (and differentiation) of low number of stem cells to large numbers of mature cells.

In order to realize such an amplification, cells can make different type of division : renewal (cell of type i give rise to two cells of type i), differentiation (cell of type i give rise to two cells of type $i + 1$) or asymmetric division. The type (stage of maturation) of a cell will be characterized by its dynamics, i.e. its division rate and its differentiation, renewal and asymmetric probabilities at a division event. A macroscopic point of view highlights one specific parameter by type which seems to play an important role in the understanding of amplification mechanism (called amplification factors in the following).

We will introduce a Stochastic Branching Pure Jump Process of three dimension modeling evolution in time of three different types of cells numbers (stem cells, progenitors and mature cells). Using a scale parameter K contributing in the initial condition of the first component and in the probabilities of each division happened, and averaging method (Kurtz) we will study convergence of our Multi-types Markovian Process when the parameter K tends to infinity. We will show that each component of this process has its own typical time scale closely related to the amplification factors. Our aim will be to show that the specifics parameters induce large fluctuations (that can play an unexpected and major role).

Modélisation de la Réponse Immunitaire T-CD8

Simon Girel

Institut Camille Jordan – Université Lyon 1
Equipe-projet Inria Dracula – Antenne Inria Lyon La Doua

L'infection d'un organisme par un agent pathogène déclenche l'activation des lymphocytes T-CD8 et l'initiation de la réponse immunitaire. Il s'ensuit un programme complexe de prolifération et de différenciation des lymphocytes T-CD8, contrôlé par l'évolution de leur contenu moléculaire. Dans cet exposé, je présenterai deux modèles mathématiques de la réponse T-CD8. Le premier se présente comme une équation différentielle à impulsions grâce à laquelle nous étudions l'effet du partage inégal des protéines lors des divisions cellulaires sur la régulation de l'hétérogénéité moléculaire. Le second est un modèle à base d'agents couplant la description d'une population discrète de lymphocytes T-CD8 à celle du contenu moléculaire de ces derniers. Ce modèle s'avère capable de reproduire les différentes phases caractéristiques de la réponse T-CD8 aux échelles cellulaire et moléculaire. Ces deux travaux supportent l'hypothèse que la dynamique cellulaire observée *in vivo* est le reflet de l'hétérogénéité moléculaire qui structure la population de lymphocytes T-CD8.

Dynamique de concentration dans un modèle de population structuré en âge et en phénotype

Cécile Taing

Institut de Mathématiques de Bordeaux – Université de Bordeaux
Equipe-projet Inria MONC – Inria Bordeaux Sud-Ouest

Pour illustrer la sélection d'individus les plus adaptés à un environnement donné à partir d'un modèle de population structurée par une variable de trait, on peut étudier la convergence de la distribution de population vers une masse de Dirac concentrée en ce trait adapté. Dans cet exposé, je présenterai des résultats sur le comportement asymptotique de la solution d'une équation structurée en âge et en trait. Dans un premier temps, j'introduirai un modèle simplifié en supposant qu'il n'y pas de mutation. L'analyse de ce modèle repose sur l'étude d'un problème aux valeurs propres paramétré par la variable de trait. Ensuite, je présenterai le modèle avec mutations qui fait apparaître une équation de Hamilton-Jacobi sous contraintes.

The effect of random dispersal on competitive exclusion – A review

Leo Girardin

Laboratoire de Mathématiques d'Orsay – Université Paris Sud

In this talk, I present what is currently known on whether a high dispersal rate is a competitive advantage when facing competitive exclusion (*i.e.* strong interpopulation competition for resources). I focus on a diffusive Lotka-Volterra model with two populations differing only in dispersal abilities and whose territories are separated by an interface. To this day, we cannot predict in full generality the motion of this interface. However, gathering all cases investigated in the literature, I find that either the interface does not move at all or the fast diffuser chases the slow diffuser. Counterintuitively, it is better to randomly explore the hostile enemy territory, even if it means certain death of some individuals, than to “stay united”. This directly contradicts a celebrated “Unity is strength”-type result in the weak competition case, emphasizing the importance of the intensity of the competition. Overall, the larger picture remains unclear and the optimal strategy regarding dispersal remains ambiguous.

Modelling cell-cell collision and adhesion with the Filament Based Lamellipodium Model

Diane Peurichard

Equipe-projet Inria MAMBA – INRIA Paris

One of the most important cellular behaviors is cell crawling migration. It is observed in many cellular systems both in culture and in vivo, and involved in many essential physiological or pathological processes (wound healing, embryonic development, cancer metastasis etc). The most common mode of cell migration is lamellipodium-based migration, where specific adhesion points transmit intracellular pulling forces from the cytoskeleton to the substrate. In this framework, we will first present the Filament-Based Lamellipodium Model, a continuous two-dimensional, two-phase model which models the lamellipodium as a set of interconnected actin filaments interacting with each other and with the substrate through adhesion. The numerical simulations can reproduce stationary and moving steady states qualitatively similar to what is observed in real tissues for adhesion-based cell migration. The model is then extended to account for the forces exerted on the lamellipodium of the cells due to cell-cell collision and cadherin induced cell-cell adhesion. We take into account the nature of these forces via physical and biological constraints and modelling assumptions. We investigate the effect these new components have in the migration and morphology of the cells through particular experiments. We exhibit moreover the similarities between our simulated cells and HeLa cancer cells.

Modélisation mathématiques de l'impact de la dynamique des microtubules sur la migration cellulaire

Rémi Tesson

Equipe-projet Inria MONC – Inria Bordeaux Sud-Ouest

La migration cellulaire est un processus biologique complexe qui intervient de façon importante lors du développement de pathologies comme le cancer. Son étude constitue un enjeu de santé publique majeur permettant, à terme, d'envisager de nouveaux types de thérapies ciblées ainsi qu'une meilleure compréhension de la maladie. Le travail que je vais présenter se focalise sur la compréhension du rôle des microtubules, éléments dynamiques du cytosquelette, dans ce processus. Notre approche se concentre sur une description de la migration 2D des cellules à travers un modèle décrivant la déformation membranaire subie par une cellule lors de la migration. Ce modèle se base sur une description de type fluide, classique pour la modélisation cellulaire, couplée à des équations de réaction-diffusion décrivant l'état biochimique de la cellule. Des schémas de type DDFV ont été utilisés et développés pour la simulation numérique. J'aborderai en particulier le traitement d'équations de réaction-diffusion sur domaine mobile et d'équations de transport qui en constituent les difficultés principales. Enfin, je présenterai les travaux et premiers résultats numériques concernant le mécanisme d'action sur le comportement migratoire des cellules d'un agent antimicrotubule, la vincristine.

Thermodynamical properties of muscle contraction models and associated discrete-time principles.

Philippe Moireau

Equipe-projet Inria MΞDISIM – Inria Saclay Ile-de-France
LMS – Ecole Polytechnique

In this work, we establish at continuous-time level and discrete-time level thermodynamics balances of muscle contraction models based on actin-myosin interaction. Our objective is to show how the thermodynamics of such models can be tracked after discretization, including when they are coupled to macroscopic formulation of muscle in the realm of continuum mechanics. Our approach allows to understand the source of energy and entropy in the system and to follow them up to the numerical applications.

Modélisation d'une évolution par déformations contraintes

Barbara Gris

LJLL – Sorbonne Universités

L'analyse de formes par grandes déformations permet de définir une métrique sur un espace de formes (espace de courbes ou de nuages de points par exemple) à partir d'une métrique sur un espace de déformations. Les évolutions de systèmes biologique (comme la croissance d'une feuille) sont alors modélisées par des géodésiques pour cette métrique. Nous avons développé un cadre générique pour incorporer des a priori biologiques dans l'ensemble des déformations considérées et dans la métrique correspondante. Je présenterai la notion de module de déformations sur laquelle repose ce cadre et en particulier le cas des modules implicites qui permettent d'incorporer des a priori élastiques sur les objets considérés.

La métastabilité en physique statistique

Boris Nectoux

Considérons le processus de Langevin suramorti $(X_t)_{t \geq 0}$ solution de l'équation différentielle stochastique sur \mathbb{R}^d :

$$dX_t = -\nabla f(X_t)dt + \sqrt{h}dB_t.$$

C'est un processus prototypique utilisé en physique statistique pour modéliser l'évolution de systèmes, comme la position des atomes d'une protéine ou la position d'une impureté dans un cristal. La fonction $f : \mathbb{R}^d \rightarrow \mathbb{R}$ est le potentiel du système et $h > 0$ sa température. Le processus de Langevin suramorti est métastable: il reste bloqué (piégé) dans des voisinages des minima locaux de f sur de longues périodes de temps avant de s'en échapper. C'est une des raisons majeures qui rend inaccessibles l'observation de transitions entre les états macroscopiques du système ainsi que le calcul de quantités thermodynamiques par intégration directe des trajectoires de $(X_t)_{t \geq 0}$. De nombreux algorithmes ont été introduits ces dernières années pour accélérer l'échantillonnage de dynamiques métastables (tels que les méthodes de Monte-Carlo cinétique et les *accelerated dynamics algorithms* introduits par A.F. Voter *et al.* à Los Alamos). Ces algorithmes reposent sur des estimées précises de l'évènement de sortie d'un état macroscopique $\Omega \subset \mathbb{R}^d$ à basse température ($h \ll 1$) et notamment sur le calcul asymptotique des taux de transition entre les états macroscopiques à l'aide de la célèbre loi d'Eyring-Kramers (1935).

Dans cet exposé, je présenterai des résultats récents marquant des avancées significatives sur l'étude précise de l'évènement de sortie d'un état macroscopique Ω pour le processus de Langevin suramorti quand $h \ll 1$. Enfin, je discuterai les problèmes qui restent actuellement ouverts.

Mots clés: physique statistique, métastabilité, loi d'Eyring-Kramers, régime d'une petite température, méthodes de Monte-Carlo cinétique.

Comportement en temps long pour des modèles en dynamique de population

Bertrand Cloez

MISTEA – INRA Montpellier

Nous verrons dans cet exposé quelques résultats récents sur le comportement en temps long de semi-groupes non-markoviens (i.e. qui ne conservent pas la masse). Comme applications, nous verrons des lois des grands nombres pour des modèles avec branchement, le comportement quasi-stationnaire de processus avec extinction ou le comportement d'EDP de croissance-fragmentation et de renouvellement.

Estimating the division parameters of a population of amyloid fibrils

Magali Tournus

Institut Mathématiques de Marseille – Ecole Centrale Marseille

The question is to determine what is the effect of a turbulent agitation on the fragmentation rate (what is the probability that a fibril of given length breaks apart ?) and fragmentation kernel (where a fibril is more likely to break apart ?) in a suspension of proteins of amyloid types. The talk will be composed with two parts. In the first part, I will focus on the new experiments which were performed at Kent University, and on how the data they provide can be used. On the second part, I will focus on the well-posedness of the inverse problem. In particular, I aim to detail the theoretical reconstruction formula we obtain for the fragmentation kernel, and how it can be used in practice.

Maladie d'Alzheimer et prion: une liaison dangereuse

Laurent Pujo-Menjouet

Institut Camille Jordan – Université Lyon 1

La maladie d'Alzheimer menant à la destruction progressive des neurones est fatale et incurable. Elle est en partie causée par l'accumulation de peptides $A\beta$ s'agrégant en oligomères, fibres et plaques. De récentes études biologiques ont montré que ces peptides interagissaient également avec le prion, une protéine entre autres responsable de la maladie de la vache folle ou de la maladie de Creutzfeldt-Jakob. Les peptides $A\beta$ s'associent avec les prion sains pour former un complexe. De cette liaison dangereuse résulte des prions pathologiques qui seront à l'origine de maladies neurodégénératives. C'est ce processus qui est modélisé, analysé et simulé ici. Un modèle de diffusion de la maladie d'Alzheimer entre les neurones sera également proposé.