

Forum des Jeunes Mathématiciennes

Mathématiques, Informatique et Sciences du Vivant

30-31 janvier 2004

Institut Henri Poincaré, Paris.

www-sop.inria.fr/cafe/Evelyne.Hubert/2004forum

Comité de programme et d'organisation:

Iliaria Castellani,
MIMOSA, INRIA Sophia Antipolis

Sandrine Charles,
Laboratoire de Biométrie, Biologie
Evolutive, Lyon

Christine Graffigne
MAPS, Université René Descartes,
Paris 5

Evelyne Hubert
CAFE, INRIA Sophia Antipolis

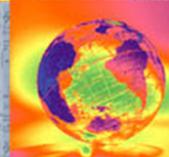
Brigitte Mangin
Biométrie et Intelligence Artificielle,
INRA Toulouse

Marie-Laure Delignette-Mulier
Microbiologie Alimentaire et
Prévisionnelle, Ecole Vétérinaire de Lyon

Marie-France Sagot
HELIX, INRIA Rhône-Alpes

Natacha Portier
Laboratoire de l'informatique et du
Parallélisme, ENS Lyon

Nathalie Revol
ARENAIRE, INRIA Rhône-Alpes



2004, Forum des Jeunes Mathématiciennes

Organisé depuis 1996 par l'association *femmes et mathématiques* le forum des jeunes mathématiciennes s'inscrit à présent comme un évènement biennal de la vie mathématique française. En 2002 le forum s'est ouvert à une discipline très liée aux mathématiques : l'informatique. Ce sixième forum ayant été une réussite, nous poursuivons cette année dans cette voie avec le septième Forum des Jeunes Mathématiciennes : Mathématiques, Informatique et Sciences du Vivant. Nous remercions les membres du comité de programme qui ont permis la réalisation de ce projet et nous sommes très heureuses que l'INRIA et l'INRA se soient associés à cette manifestation.

Le forum est une occasion plutôt unique de modéliser une identité féminine des mathématiques et des sciences qui en sont proches. Les participants aux forums sont en effet en majorité des participantes, ce qui est inhabituel dans ces matières. Les jeunes scientifiques peuvent ainsi se représenter leur avenir professionnel plus facilement qu'en étant entourées presque exclusivement de modèles masculins. Nous espérons les aider à créer des liens et à se sentir à leur place dans la communauté scientifique. Le forum se veut donc un lieu d'échange entre jeunes et expérimentées sur les sciences et sur le métier de chercheuse. Cette année il est de plus à la croisée de plusieurs disciplines. Le programme de ce septième forum reflète donc ces multiples aspects.

Les exposés des chercheuses en mathématiques, informatique et sciences du vivants prennent une place essentielle des deux jours que dure ce forum. Vous trouverez dans les pages qui suivent les résumés des exposés. Nous remercions toutes les participantes qui ont proposé un exposé ainsi que Juliette Leblond (INRIA Sophia) et Annie Raoult (LMC Grenoble) pour avoir accepté notre invitation à faire l'ouverture du forum.

Par ailleurs, nous avons invité Pascale Molinier, chercheuse au conservatoire national des arts et métiers, à faire un exposé sur la psychodynamique du travail de recherche et le rôle du genre dans celui-ci. Vendredi se terminera sur un débat qui est l'occasion d'un échange d'expériences à la lumière de cet exposé de psychologie.

Samedi, l'interdisciplinarité sera à l'honneur plus particulièrement au travers de la table ronde sur l'enseignement et la présentation du métier de bio-infomathématicienne.

Le forum est tout d'abord l'occasion pour les jeunes mathématiciennes de présenter leur recherche dans une ambiance généralement très appréciée. Nous souhaitons que cela soit à nouveau le cas pour cette septième édition du forum. Bon forum à toutes !

Evelyne Hubert, Natacha Portier et Nathalie Revol

Remerciements

Nous souhaitons ici remercier les personnes qui ont apporté leurs compétences et leur aide à l'organisation de ce forum.

A l'INRIA Sophia Antipolis, plusieurs personnes ont participé à l'organisation et à la réussite du forum. Sylvie Poupinel a réalisé l'affiche et les éléments graphiques des documents. Le service REV, et en particulier Jacqueline Tchobanian et Audrey Cervoni, ont travaillé à la large diffusion de l'information. Dany Sergeant, du service des colloques, a réalisé pour nous les badges. Le site web, qui a permis au comité de travailler ensemble à distance, a bénéficié de l'aide de Jean-Luc Szpyrka, du service des moyens informatiques.

Sylvie Boyer du LIP assure le secrétariat et la gestion de l'ensemble du forum. Qu'elle soit ici très sincèrement remerciée.

Nous remercions vivement les membres de l'association *femmes et mathématiques* pour leur soutien. Nous tenons à remercier tout particulièrement Véronique Chauveau, présidente de l'association, qui a suivi et contribué à la préparation du forum à de nombreux niveaux.

Le département de biométrie et d'intelligence artificielle de l'INRA, la formation par la recherche de l'INRIA et l'unité de recherche Rhône-Alpes ont apporté leur soutien financier à la tenue de ce forum.' Nous en sommes très heureuses. Nous souhaitons adresser nos remerciements aux personnes qui ont porté et servi de relais à ce projet : Marion Guillou, Elisabeth de Turckheim, Thierry Vieville et Jean-Michel Muller.

La revue *femmes & mathématiques*

Les forums précédents ont eu lieu en janvier 1996, janvier 1997, février 1998, février 1999, janvier 2000 et mars 2002.

Les actes de ces quatre premiers forum sont parus dans la revue *femmes et math* dont les sommaires sont (ou seront très prochainement) accessibles sur le site de l'association <http://femmes-et-maths.fr.fm/>

Les programmes du cinquième et sixième et sixième forum sont en ligne aux adresses <http://perso.ens-lyon.fr/natacha.portier/fem/agjan00.html> et <http://perso.ens-lyon.fr/natacha.portier/forum2002>.

Chaque numéro de la revue *femmes & mathématiques* comporte trois grandes rubriques : une sur la vie de l'association, une incluant des articles de mathématiques et une intitulée *du côté des femmes*.

Nous vous invitons à soumettre des articles à une ce ces rubriques. Si nous décelons un intérêt suffisant pour un tel projet, un numéro spécial pourrait faire suite au forum 2004.

Table des matières

Invitées :

Juliette Leblond	9
<i>Une approche par les fonctions analytiques et l'approximation méromorphe du problème inverse de localisation de foyers épileptogènes dans le cerveau depuis les mesures électroencéphalographiques</i>	
Annie Raoult	10
<i>Éléments mathématiques pour la modélisation du myocarde</i>	
Pascale Molinier	11
<i>La créativité dans le travail : un processus individuel ou collectif ?</i>	

Session 1. Présidente : Brigitte Mangin

Sandie Ferrigno	12
<i>Polynômes locaux et tests d'adéquation conditionnels</i>	
Karin Sahmer	14
<i>Classification de variables en présence de valeurs manquantes : application aux données de préférence</i>	
Stéphanie Ledauphin	15
<i>Les données sensorielles de type temps intensité</i>	
Martine Quinio	16
<i>La loi normale : de la régularité dans l'aléatoire.. .</i>	

Session 2. Présidente : Evelyne Hubert

Bénédicte Dujardin	17
<i>Théorie de l'estimation, polynômes de Szegô</i>	
Agnès Provost	18
<i>Comment modéliser un procédé biochimique en se servant du métabolisme cellulaire ?</i>	
Madalena Chaves	21
<i>Un modèle pour les interactions récepteur-ligand</i>	
Rabea Boulifa	22
<i>Modèles pour applications distribuées</i>	

Session 3. Présidentes : Marie-Laure Delignette Muller et Nathalie Revol

Violaine Roussier-Michon	23
<i>Dynamique des populations et ondes progressives</i>	
Amal Bergam	25
<i>Description des techniques auto-adaptatives basées sur les estimations a posteriori pour des approximations par volumes et éléments finis</i>	
Caroline Lacombe	26
<i>Filtrage interférométrique par diffusion anisotrope et détection des sauts de phases par contours actifs</i>	

Session 4. Présidente : Natacha Portier

Claire Bourgeois République	27
<i>Réglage automatique d'appareil auditif à l'aide des algorithmes évolutionnaires</i>	
Anjali Awasthi	28
<i>Modelling traffic flows on a single link system</i>	
PérOLA Milman	29
<i>Phase topologique pour états intriqués à deux qubits</i>	

Session 5 - Présidente : Marie-France Sagot

Anne Berry	30
<i>La structure articulaire d'un graphe</i>	
Hélène Renard	31
<i>Calcul distribué à grande échelle : un avenir prometteur dans tous les domaines scientifiques</i>	
Anne Desideri Bracco	32
<i>Représentations algébriques et constructions graphiques de codes quasi-cycliques</i>	
Oriane Matte-Tailliez	33
<i>Vers une nouvelle forme de recherche en biologie</i>	

Session 6 - Présidente : Sandrine Charles

Judith Legrand	34
<i>Modélisation de la dynamique épidémique de la fièvre hémorragique Ebola</i>	
Laura Temime	36
<i>Modélisation mathématique de la résistance aux antibiotiques. à la résistance des pneumocoques et des méningocoques à la pénicilline</i>	
Elisabeta Vergu	37
<i>Modélisation de l'impact de l'apparition de souches virales mutantes sur le système immunitaire dans l'infection à VIH</i>	
Adrienne Ressayre	38
<i>Morphogénèse des grains de pollen</i>	

Une approche par les fonctions analytiques et l'approximation méromorphe du “ problème inverse EEG ” de localisation de foyers épileptogènes dans le cerveau depuis des mesures électroencéphalographiques

J. Leblond (INRIA, Sophia-Antipolis)¹

Dans le contexte bidimensionnel, les liens classiques entre les fonctions harmoniques et analytiques permettent de formuler les problèmes frontières pour l'opérateur de Laplace, qu'il soient directs ou inverses, en terme de reconstruction d'une fonction analytique (de la variable complexe) dans le domaine privé de ses éventuelles singularités, depuis ses valeurs sur une partie de la frontière. Les fonctions harmoniques sont en effet les parties réelles (ou imaginaires) de fonctions analytiques, que les équations de Cauchy-Riemann ou les formules de Poisson et Cauchy permettent, théoriquement, de calculer (intégrales de Carleman, “ boundary elements methods ”, ...).

Concernant les problèmes inverses, les procédures de *reconstruction* ou *d'extrapolation* sont cependant connues pour être relativement instables et peu robustes par rapport aux perturbations sur les données, lesquelles se produisent pourtant, numériquement et surtout expérimentalement (et ont pour effet que les données ne correspondent plus exactement à la classe - analytique ou harmonique - de fonctions considérée). Il semble ainsi approprié d'exprimer ces problèmes du Laplacien comme des questions de meilleure *approximation* dans les classes de Hardy H^p (de fonctions analytiques et bornées en norme L^p) du domaine, ou dans des classes de fonctions méromorphes ou rationnelles associées, le critère portant sur une partie de la frontière, avec une contrainte sur la partie complémentaire, éventuellement inaccessible aux mesures. Ces “ problèmes extrémaux bornés ” sont bien posés et admettent des schémas de résolution ayant de bonnes propriétés de robustesse et de continuité.

Notons que ce type d'approches revient en fait à discrétiser d'abord les conditions à la frontière, et non plus l'opérateur (comme traditionnellement avec les éléments finis, par exemple), en travaillant directement dans les classes de fonctions harmoniques / analytiques, et dispense aussi des résolutions itératives du problème direct associé, au profit d'une réelle efficacité numérique.

Pour préciser et illustrer ces liens, je m'appuierai sur un problème de détection / localisation de sources ponctuelles depuis des mesures frontière, intervenant notamment dans les modèles courants de détection par électroencéphalographie (EEG) de foyers épileptogènes dans le cortex. On l'aborde dans des géométries circulaires ou sphériques, en dimensions 2 et 3, en utilisant des procédures de meilleure approximation rationnelle en norme L^2 ou méromorphe en norme uniforme sur le cercle unité du plan complexe.

Je préciserai les notions et les résultats d'analyse intervenant dans ce traitement, ainsi que les schémas de résolution utilisés, et montrerai des simulations numériques.

1. En collaboration avec L. Baratchart (INRIA, S.-A.), A. Ben Abda, F. Ben Hassen, (ENIT-Lamsin, Tunis), J.-P. Marmorat (Ecole des Mines de Paris, CMA, S.-A.)

Éléments mathématiques pour la modélisation du myocarde

Annie Raoult

Professeure en mathématiques appliquées à l'université Joseph Fourier de
Grenoble

Le travail présenté résulte d'une collaboration entre trois laboratoires grenoblois : le laboratoire de modélisation et calcul (LMC), le laboratoire de techniques de l'imagerie, de la modélisation et de la cognition (TIMC) et le laboratoire sols-solides-structures (3S). Il a fait l'objet de la thèse d'Ayman Mourad, soutenue en décembre 2003.

Les chercheurs de l'équipe RFMQ (reconnaissance des formes et microscopie quantitative) du laboratoire TIMC ont développé une méthode de mesure en lumière polarisée de l'orientation des fibres myocardiques. Ils obtiennent ainsi un relevé cartographique discret qui fournit l'orientation sous forme de deux angles. Leur objectif était il y a trois ans d'utiliser ces données pour vérifier l'hypothèse émise par Streeter sur l'organisation des fibres myocardiques.

La "conjecture" de Streeter stipule que ces fibres sont organisées en géodésiques fermées de surfaces toroïdales emboîtées. Utilisant l'invariance du nombre de Clairaut sur les géodésiques des surfaces de révolution, nous avons établi que plusieurs conséquences de cette hypothèse sont effectivement vérifiées par les données anatomiques. Prudemment mathématicien(ne)s, nous n'en concluons pas que la conjecture est vraie... L'explication d'une telle organisation pourrait s'obtenir à l'aide d'une modélisation du fonctionnement cardiaque. Nous avons dans cette direction proposé de construire une loi de comportement du myocarde par une technique mathématique d'homogénéisation (un petit paramètre tend vers 0), qui nous permet de passer de l'échelle de la cellule à celle du muscle. De nombreuses pistes de travail restent ouvertes : prise en compte de l'activation électrique, simulation numérique, comparaison avec d'autres modèles biologiques où la même structure géométrique semble être présente.

La créativité dans le travail : un processus individuel ou collectif ?

Pascale Molinier
Conservatoire National des Arts et Metiers

Les métiers de la recherche sont des métiers de création — à la fois au sens de création individuelle et de création collective. On imagine que ce type de travail, du fait de son intérêt, participe à l'accomplissement de soi. Cependant, tout n'est pas idyllique et il existe un écart entre l'Idéal de la recherche et la matérialité de l'organisation du travail scientifique. C'est normal. Comme dans toutes situations de travail, cet écart entre fantasme et réalité est irréductible, la question est de savoir comment est-ce que l'on s'en arrange. Ceci nous amènera d'abord à nous interroger sur les conditions de la créativité, depuis le jeu pour l'enfant jusqu'au travail pour l'adulte. Ensuite, nous discuterons des rapports entre la reconnaissance du travail et la construction de l'identité et de la santé. La créativité, pour ne pas déboucher sur la maladie mentale, implique nécessairement d'en passer par l'épreuve sociale de la reconnaissance. Cependant, nous ne sommes pas égaux devant la reconnaissance. Notamment parce qu'il existe des activités qui sont malaisées à reconnaître dans la mesure où elles ne se voient pas (leur efficacité est même tributaire de leur invisibilité). C'est particulièrement le cas de toutes les tâches réalisées au service des besoins ou du travail des autres. On s'interrogera donc à propos de l'invisibilité de certaines tâches dans le travail scientifique et de comment ces tâches sont attribuées au sein des équipes. Dans la société, les tâches les moins visibles, en particulier les tâches de soutien aux autres, sont fréquemment attribuées à des femmes, on se demandera si les équipes de recherche font exception à la règle et si les hommes et les femmes y sont égaux au regard de la reconnaissance dans le travail.

POLYNÔMES LOCAUX ET TESTS D'ADÉQUATION CONDITIONNELS

Sandie Ferrigno

*Laboratoire de Probabilités et Statistique
Département des Sciences Mathématiques
Université Montpellier II
Case Courrier 051-Place Eugène Bataillon
34095 Montpellier Cedex 5
FRANCE
courriel : ferrigno@math.univ-montp2.fr*

On considère (X, Y) , un couple de variables aléatoires à valeurs dans \mathbb{R}^2 . Pour étudier la relation liant X à Y , il est courant d'utiliser la "fonction de régression" définie par l'espérance conditionnelle de Y sachant $\{X = x\}$ qui est un résumé pratique de l'effet de X sur le comportement de Y (voir, par exemple, [1] ou [3]).

Dans ce travail, on utilise la fonction de répartition conditionnelle de Y sachant $X = x$, notée

$$F(y|x) = P(Y \leq y | X = x) \quad (1)$$

L'intérêt de cette fonction provient du fait que la plupart des quantités statistiques utilisées en pratique pour comprendre la relation liant X et Y (dont la fonction de régression) en sont des fonctionnelles. Dans de nombreuses procédures statistiques, on émet aussi des hypothèses sur la loi de Y sachant X et il semble donc important de pouvoir les valider à l'aide de tests d'adéquation.

Dans ce travail, on développe une approche globale où toutes les hypothèses faites dans le but d'obtenir un modèle pour $F(y|x)$ sont testées simultanément. Plus précisément, le problème dont nous traitons ici est de construire un test pour valider ou infirmer l'hypothèse nulle :

$$H_0 : F(y|x) = F_0(y|x) \quad \forall(x, y) \quad (2)$$

où $F_0(y|x)$ est la fonction de répartition conditionnelle correspondant au modèle supposé. Si dans le test de (2) tous les paramètres sont connus, $F_0(y|x)$ est dite entièrement spécifiée. Mais généralement ces paramètres sont inconnus. Si on les rassemble dans un vecteur θ appartenant à l'espace

paramétrique Θ et si on réécrit la fonction de répartition conditionnelle sous la forme $F(y|x; \theta)$, alors (2) devient l'hypothèse nulle composite

$$H_0 : F(y|x) \in \{F(y|x; \theta), \theta \in \Theta\}. \quad (3)$$

On considère d'abord le problème de tester (2). Pour cela, on propose de comparer $F_0(y|x)$ à un estimateur de $F(y|x)$ et de rejeter H_0 si la "distance" entre $F_0(y|x)$ et cet estimateur est trop grande. Il existe différentes méthodes pour estimer $F(y|x)$ à partir d'un échantillon (X_i, Y_i) , $i = 1 \dots n$ de n copies indépendantes de (X, Y) . On utilise ici une méthode non-paramétrique d'estimation : l'estimation polynômiale locale (voir [2]). Les résultats obtenus dans ce contexte sont ensuite utilisés dans le cas plus pratique où la fonction de répartition conditionnelle contient des paramètres inconnus et pour tester (3).

Enfin, pour permettre la comparaison de nos stratégies de test avec d'autres tests d'adéquation, on propose, dans le cadre d'une analyse de puissance, d'affiner celle-ci en étudiant son comportement asymptotique local.

Bibliographie

- [1] Alcalá, J.T., Cristóbal, J.A. & González-Manteiga, W. (1999). Goodness of fit tests for linear models based on local polynomials, *Statistics and Probability letters*, **42**, 39-46.
- [2] Fan, J. & Gijbels, I. (1996). Local polynomial modelling and its applications, *Chapman and hall*.
- [3] Hårdle, W. & Mammen, E. (1993). Comparing nonparametric versus parametric regression fits, *The Annals of Statistics*, **21**(4), 39-46.

Classification de variables en présence de valeurs manquantes : application aux données de préférence

Karin Sahmer, Evelyne Vigneau et El Mostafa Qannari

Laboratoire de sensométrie et de chimiométrie,
ENITIAA / INRA, rue de la Géraudière, BP 82 225,
44322 Nantes Cedex 03
e-mail sahmer@enitiaa-nantes.fr (Karin Sahmer)

Dans les industries agro-alimentaires, l'étude des préférences des consommateurs est primordiale pour le développement et l'amélioration des produits. Dans le cadre des tests de préférence, il est d'usage de demander à un panel de consommateurs de donner des notes de préférence à une gamme de produits. Très généralement, cette épreuve se traduit par l'existence de plusieurs groupes de consommateurs ; chacun des groupes exprimant une préférence pour un ensemble de produits et un rejet pour d'autres. L'analyse des données de préférences doit exhiber ces groupes et en tenir compte dans les différentes phases de l'étude. Dans cette perspective, on effectue une classification des consommateurs sur la base des notes attribuées aux différents produits. Pour cela, on peut utiliser une méthode de classification de variables, qui a été proposée par Vigneau et Qannari (2003).

Cependant cette méthode requiert que les données soient complètes, ce qui présente une sérieuse limitation dans la pratique. En effet, lorsque le nombre de produits est relativement important, il est d'usage de recourir à un plan de dégustation incomplet pour des raisons de coût, de temps ou de contraintes matérielles. Il est par conséquent utile d'adapter la démarche de classification à la situation où chacun des consommateurs n'évalue qu'une partie des produits. La méthode la plus simple consiste à remplacer chaque valeur manquante par la moyenne du consommateur ou du produit. La classification est ensuite effectuée comme si on avait affaire à des données complètes. Les résultats peuvent être améliorés par un renouvellement des imputations dans les groupes définis par la classification (Sahmer, 2003).

Les performances des différentes méthodes sont comparées à l'aide de simulations.

Mots-clés : algorithme de partitionnement, classification de variables, classification hiérarchique, données de préférences, données manquantes

Références

SAHMER, K. (2003) : *Classification des variables en présence de données manquantes : Application aux données de préférence*. Diplomarbeit, Fachbereich Statistik, Universität Dortmund.

VIGNEAU, E. and QANNARI, E.M. (2003) : Clustering of variables around latent components. *Communications in Statistics — Simulation and Computation*, 82, 1131-1150.

Les données sensorielles de type Temps Intensité

Stéphanie Ledauphin, Evelyne Vigneau et El Mostafa Qannari

Laboratoire de Sensométrie et de Chimiométrie,
ENITIAA / INRA, rue de la Géraudière, BP 82 225,44322 Nantes Cedex 03
e-mail : stephanie.ledauphin@enitiaa-nantes.fr
Ecole Doctorale STIM Université de Nantes, Laboratoire de Mathématiques,
1, quai de tourville, 44035 NANTES cedex 01

Dans les industries agro-alimentaires, l'étude des préférences des consommateurs permet le développement et l'amélioration des produits. Dans cette optique, les études sensorielles consistent à déterminer les propriétés d'un produit en faisant appel au cinq sens de l'être humain Analyser les perceptions des individus, mais surtout les comprendre c'est se donner les moyens d'adapter le produit aux attentes des consommateurs. C'est la raison pour laquelle de nombreux industriels utilisent régulièrement les techniques de mesures sensorielles.

L'épreuve de profil sensoriel conventionnel consiste à attribuer des notes d'intensité aux différents produits selon une liste de descripteurs (sucré, croquant, fruité, astringence, douceur). Les notes attribuées correspondent en général à une moyenne de l'intensité étudiée, cependant cette intensité peut connaître une forte évolution au cours de la dégustation. Ce qui est le cas, en particulier, pour certains types de vins. Le pic d'intensité peut être atteint à différents moments et peut avoir une durée variable. Depuis une vingtaine d'années, l'évolution des perceptions au cours du temps est à l'étude et de nombreuses méthodes d'acquisition et de traitement ont été élaborées. Une méthode de collecte de données temporelles consiste à interroger un juge sur une perception. Celui-ci doit faire monter ou descendre un curseur selon que l'intensité perçue augmente ou diminue à partir du moment où le produit a été mis en bouche. On obtient alors dans la majorité des cas, une courbe en forme de cloche. A l'heure actuelle, la recherche de méthodes de traitement adaptées à ce type de données est très active.

Nous proposons une démarche de recherche de courbe moyenne des répétitions de chacun des juges pour chaque produit. Cette démarche permet également de mettre en place des indicateurs de répétabilité des juges et de comparer l'allure des courbes associées aux produits. Nous proposons enfin une analyse comparative des produits en tenant compte des performances des juges.

Mots-clés : données de préférences, temps intensité, indicateurs de répétabilité.

Références

- DIJKSTERHUIS G.B. and EILERS P. (1997) : Modelling time-intensity curves using prototype curves. *Food Quality and Preference* , 8, 2, 131-140.
- DUIZER L.M., BLOOM K., FINDLAY C.J. (1997) Dual attribute time-intensity sensory evaluation : a new method for temporal measurement of sensory perceptions. *Food Quality and Preference* , 8, 4, 621-269.
- VAN BUUREN S. (1992). Analysing time intensity responses in sensory evaluation. *Food Technology* , 46(2), 101-114.

La loi normale : de la régularité dans l'aléatoire...

Martine Quinio

Université Aix-Marseille III, faculté de Saint-Jérôme, Marseille

« *La valeur épistémologique de la théorie des probabilités est fondée sur le fait que les phénomènes aléatoires engendrent à grande échelle une régularité stricte, où l'aléatoire a, d'une certaine façon, disparu* » (Kolmogorov)

La loi normale comme articulation entre probabilités et statistique.

Un peu d'histoire pour évoquer les approches différentes de Gauss et de Laplace : De la loi des erreurs à la science des erreurs maîtrisées.

Qu'est-ce qui, d'un point de vue sociologique, a permis le passage des probabilités (notion individuelle au départ) à la statistique ?

Comment la loi normale intervient à deux niveaux :

-sur UN échantillon de grande taille, elle permet de faire des calculs de probabilité, et donc de prévision (approche de la loi binomiale par une loi normale).

-sur un grand nombre d'échantillons, elle permet de dégager une régularité : tendance vers la loi normale.

A partir de la loi des grands nombres se dégagent deux approches différentes des probabilités :

Une approche individuelle, basée sur des notions de symétrie, permet d'affirmer, a priori, que la probabilité de sortie du "4" quand on lance un dé non truqué est $\frac{1}{6}$...

Une approche statistique, fréquentiste, dite a posteriori, basée sur un grand nombre d'échantillons et la loi des grands nombres, permet de poser : "la probabilité de sortie du "4" est $\frac{1}{6}$ "

La loi des grands nombres : une notion au départ purement probabiliste, (le hasard seul détermine le côté pile ou face d'un dé), conduit à des lois de probabilité sur plusieurs lancers, qui tendent vers une régularité que l'on ne voit que sur un grand nombre, sous certaines conditions de normalité, c'est à dire en respectant l'indépendance et en l'absence d'autres causes extérieures. C'est ce passage de l'individuel au grand nombre qui sert de transition vers la statistique et qui confère à la loi normale son rôle si important.

Passage de l'individuel au collectif et réciproquement : L'inférence statistique dans la recherche médicale.

Application de la loi normale aux tests statistiques en médecine.

Malgré les réticences initiales dues à certains aspects choquants de la statistique (où est l'individu dans les statistiques ?), le rôle de l'inférence statistique dans la recherche médicale d'aujourd'hui est primordial :

Pour tester l'efficacité d'un nouveau médicament, il faut faire de la statistique ; pour mettre au point une nouvelle molécule après de multiples essais qui vont les éliminer presque toutes, il faut utiliser des méthodes de statistique combinatoire ; pour savoir qui prend quel médicament et pourquoi, pour pouvoir adapter un traitement personnalisé grâce à l'outil informatique, il faut faire de la statistique et de la modélisation :

Utiliser la collectivité pour mieux servir l'individu....

Théorie de l'Estimation, Polynômes de Szegö

Bénédicte Dujardin

Observatoire de la Côte d'Azur
dujardin@obs-nice.fr

Dans les problèmes de modélisation de signaux aléatoires stationnaires par des processus linéaires, on est amené à employer différents polynômes, tels que les polynômes caractéristiques des systèmes auto-régressifs ou les polynômes orthogonaux de Szegö. Ces deux approches sont en fait équivalentes, et trouvent une interprétation en terme de dénominateurs d'approximants rationnels de la densité spectrale de puissance du signal.

Dans le cas des polynômes de Szegö associés à des signaux aléatoires, on s'intéressera à la densité de probabilité des racines, dont certains pics permettent, éventuellement de façon asymptotique, d'accéder aux résonances du signal. On illustrera cette propriété sur des signaux générés par des systèmes ARMA.

Comment modéliser un procédé biochimiques en se servant du métabolisme cellulaire ?

A. Provost Cesame, Université catholique de Louvain,
ay. G. Lemaitre 4, B1348 Louvain-La-Neuve, Belgium
Email : provost@auto.ucl.ac.be

Abstract

Le présent document traite de l'identification d'un modèle mathématique pour des bioprocédés dans le cas de figure où seules des données d'espèces extra-cellulaires sont connues. Le but est d'investiguer cette question d'un point de vue métabolique. C'est pourquoi on suppose qu'on dispose d'un réseau métabolique. Notre exemple de travail est celui des cellules CHO cultivées en batch dans des flacons agités. Le métabolisme des cellules CHO est généralement représenté dans la littérature par le réseau métabolique décrit dans la figure 1. Les espèces extra-cellulaires mesurées sont le glucose et la glutamine ainsi que les trois métabolites les plus largement produits : lactate, NH_4 , alanine.

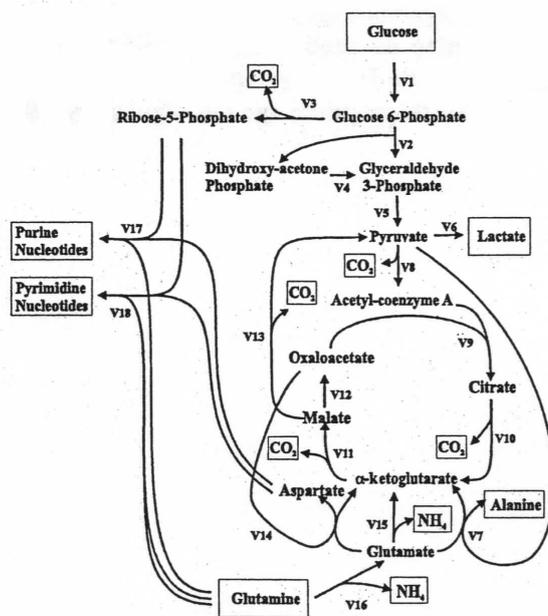


FIG. 1 - Réseau métabolique pour les cellules CHO.

Dans les modèles macroscopiques classiques, le comportement intracellulaire est ignoré, les cellules sont vues comme des catalyseurs convertissant les substrats en produits. Cette conversion est traduite par un ensemble de macro-réactions chimiques qui relient directement les substrats aux produits extra-cellulaires. Un modèle est alors établi sur base de ces macro-réactions en identifiant, sur base des données, des cinétiques de réaction appropriées.

Une autre façon de procéder serait de se livrer à une modélisation complète. Ce qui signifie que nous pourrions tenter de trouver un modèle global qui décrit le réseau métabolique complet en assignant une cinétique à chaque réaction intra-cellulaire. Une telle approche, bien que envisageable, est en un certain sens mal posé parce que les cinétiques intra-cellulaires sont en général structurellement non-identifiables sans mesures intra-cellulaires.

Une nouvelle tendance dans la modélisation mathématique est apparue ces dernières années. Celle-ci met l'accent sur l'analyse des flux métabolique qui s'attache à calculer les flux intra-cellulaires à partir des mesures extra-cellulaires en se basant sur la matrice de stoechiométrie du réseau métabolique censé régir le système.

Nous allons suivre une approche macroscopique en nous basant sur des macro-réactions mais où celles-ci obtenues grâce à l'analyse du réseau métabolique sous-jacent. Cette approche sera validée par une analyse des flux métaboliques.

La démarche se déroule en trois étapes. Dans un premier temps nous effectuons une analyse des flux métaboliques pour vérifier la validité du réseau métabolique proposé par rapport aux données expérimentales fournies. Ensuite, nous procédons à une analyse de la structure du réseau. Pour cela, nous utilisons des outils d'analyse convexe. Ce qui nous mène à la notion de vecteur élémentaire de flux qui représente un chemin dans le réseau. Les vecteurs élémentaires de flux sont des chemins indépendants au sens de l'analyse convexe. Ils sont établis grâce à un algorithme basé sur cette même théorie. Cette constatation nous permet de déduire de ces vecteurs élémentaires de flux, un ensemble de macro-réactions reliant les substrats aux produits.

Enfin, un modèle dynamique classique est établi sur base de ces macro-réactions où G, Q, L, N, A et X représentent respectivement les concentrations de glucose, glutamine, lactate, ammoniacque, alanine et la biomasse :

$$\begin{aligned}
\frac{dG(t)}{dt} &= -a_1 \frac{GX}{k_{G1} + G} - a_2 \frac{GX}{k_{G2} + G} - a_6 \frac{GQX}{(k_{G6} + G)(k_{Q6} + Q)} - a_7 \frac{GQX}{(k_{G7} + G)(k_{Q7} + Q)} \\
\frac{dQ(t)}{dt} &= -a_3 \frac{QX}{k_{Q3} + Q} - a_4 \frac{QX}{k_{Q4} + Q} - a_5 \frac{QX}{k_{Q5} + Q} \\
&\quad - 3a_6 \frac{GQX}{(k_{G6} + G)(k_{Q6} + Q)} - 2a_7 \frac{GQX}{(k_{G7} + G)(k_{Q7} + Q)} \\
\frac{dL(t)}{dt} &= 2a_1 \frac{GX}{k_{G1} + G} + a_4 \frac{QX}{k_{Q4} + Q} \\
\frac{dN(t)}{dt} &= a_3 \frac{QX}{k_{Q3} + Q} + 2a_4 \frac{QX}{k_{Q4} + Q} + 2a_5 \frac{QX}{k_{Q5} + Q} \\
&\quad + a_6 \frac{GQX}{(k_{G6} + G)(k_{Q6} + Q)} + a_7 \frac{GQX}{(k_{G7} + G)(k_{Q7} + Q)} \\
\frac{dA(t)}{dt} &= a_3 \frac{QX}{k_{Q3} + Q}
\end{aligned}$$

Les paramètres utilisés sont les suivants :

a_0	a_2^0	a_3^0	a_4^0	a_5^0	a_6^0	a_7^0
3.5956	0.1736	0.2686	0.2038	0	0.1427	0.1427

Un exemple de simulation est présenté à la figure 2.

Une conséquence intéressante est que cette méthode permet de prédire l'évolution de produits finaux qui ne sont pourtant pas mesurés.

Ce genre de modèle permet notamment de déterminer comment altérer l'environnement des cellules pour faire du contrôle robuste et maintenir des conditions de culture optimale.

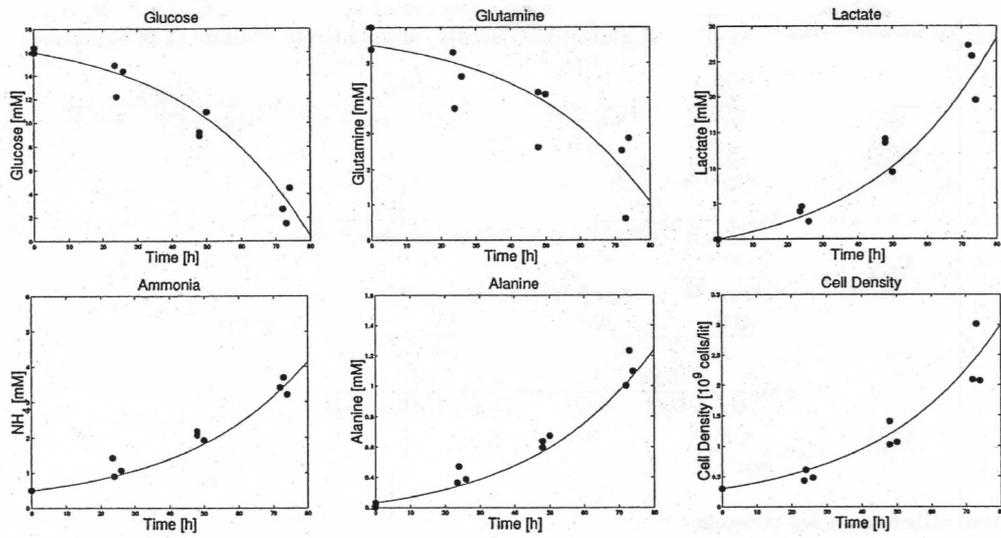


FIG. 2 — Données expérimentales (.) and résultats de simulation (-).

Un modèle pour les interactions récepteur-ligand

Madalena Chaves

Aventis, Bridgewater and Rutgers University

L'étude des interactions des récepteurs membranaires d'une cellule et ses ligands est très importante pour la recherche et développement de nouveaux médicaments (essentiellement, un médicament est un ligand spécifique pour un certain récepteur, et qui produit un effet souhaité). Lorsque un ligand se fixe sur un récepteur, celui-ci peut être activé et déclencher le processus de transduction d'un signal à l'intérieur de la cellule ; ou le ligand peut bloquer le récepteur, sans l'activer, et aucun signal n'est transduit. Dans le premier cas, le ligand est un agoniste, et dans le second cas le ligand est un antagoniste. Dans un troisième cas, pour les récepteurs qui possèdent une activité constitutive, la fixation du ligand peut bloquer aussi cette activité, et alors le ligand est nommé de agoniste inverse.

Experimentalement, l'agonisme du ligand peut être déterminé par les relations "dose-effect" : pour chaque concentration (dose) de ligand, l'activité des récepteurs est mesuré (effect). Cette courbe "dose-effect" est caractéristique du ligand, et elle détermine si le ligand est un agoniste, un antagoniste ou un agoniste inverse.

Nous étudions un modèle pour les interactions récepteur-ligand qui se base sur la théorie développée par Horn & Jackson et par Feinberg, pour décrire la dynamique d'une classe de réactions biochimiques. Dans notre modèle, les récepteurs existent en plusieurs conformations (R_1, R_2, \dots, R_p) qui, après la fixation du ligand (L), forment des différents complexes récepteur-ligand (C_1, C_2, \dots, C_p). Nous considérons les réactions de formation ou dissociation des complexes, $L + R_i \rightleftharpoons C_i$, et les réactions d'échange entre les différentes conformations, $L + R_i \rightleftharpoons L + R_j$, $C_i \rightleftharpoons C_j$. Ces réactions sont caractérisés par des constantes cinétiques et suivent la loi d'action de masse. L'évolution temporelle des concentrations des récepteurs, du ligand et des complexes récepteur-ligand est donné par un système d'équations différentielles non-linéaires.

L'activité (ou l'effect) produit par la fixation du ligand aux récepteurs est une combinaison linéaire des concentrations des R_i et des C_i . Cette activité reproduit la courbe "dose-effect" qui caractérise un ligand. De la comparaison entre l'activité de notre modèle et la courbe expérimentale nous pouvons obtenir la valeur de quelques paramètres cinétiques qui aident à caractériser les ligands pour un récepteur.

Modèles pour applications distribuées

Rabea Boulifa

INRIA Sophia-Antipolis

Nous nous intéressons aux méthodes de preuve des propriétés comportementales d'applications Java distribuées dans lesquelles les objets sur des sites différents coopèrent par appels distants de méthodes. La bibliothèque *ProActive* fournit un moyen simple et efficace pour mettre en oeuvre cette coopération par définition de primitives qui facilitent la programmation distribuée.

Nous présentons une méthode pour définir des modèles comportementaux, compositionnels, pour ces applications distribuées, en nous restreignant au cas sans création dynamique d'objets actifs. Nous montrons comment prouver que certaines approximations finies du modèle d'un objet actif représentent fidèlement son comportement. L'analyse des propriétés de l'application (recherche d'inter-blocage, preuves de propriétés de sûreté) peut alors être conduite, sur ces modèles finis compositionnels, en utilisant des outils de vérification automatiques basés sur une sémantique comportementale par bisimulation. Ces analyses compositionnelles ne nécessitant pas de construire l'espace d'états global, souffrent moins du problème *d'explosion de l'espace d'état* que la plupart des approches du model-checking.

Dynamique des populations et Ondes progressives

Violaine Roussier-Michon

24 octobre 2003

Gérer les fluctuations des stocks de pêche, prévoir la dynamique d'une épidémie, comprendre l'évolution d'un génotype au sein d'une espèce..., tels sont les enjeux de la *dynamique des populations*. La *modélisation* et la *résolution* de ces problèmes fait souvent appel aux mathématiques et plus particulièrement aux *Equations aux Dérivées Partielles*.

On se propose dans cet exposé d'expliquer la démarche initiée par Fisher [1] dans les années 1930 qui consiste à modéliser, grâce aux équations de réaction-diffusion, l'évolution d'un gène dominant dans un groupe d'individus. Si on note $u(x, t)$ la densité relative d'un gène au point x de l'espace et au temps $t > 0$, alors u satisfait une équation d'évolution non-linéaire du type

$$\partial_t u = \Delta u + F(u)$$

où $F(u)$ peut être un polynôme de degré trois en u par exemple.

On montrera ensuite comment étudier *qualitativement* ces équations, notamment grâce au *comportement asymptotique* des solutions, c'est-à-dire le comportement de $u(x, t)$ lorsque t tend vers $+\infty$, et à la *stabilité des ondes progressives*. Ces ondes sont, sous certaines conditions, des solutions particulières de l'équation de réaction-diffusion en dimension 1 d'espace. Elles se caractérisent par un profil indépendant du temps en translation uniforme et elles symbolisent un transport d'information. De plus, elles représentent souvent le comportement asymptotique en temps des solutions. En dimension supérieure, une généralisation peut être faite grâce aux ondes planes et sphériques.

On s'attachera à présenter les différents résultats de recherche dans ce domaine depuis 1930 jusqu'à aujourd'hui [2] et à les traduire en terme du problème biologique initial.

Bibliographie

- [1] R.A FISHER, The advance of advantageous genes, *Ann. of Eugenics*, 1937, 7, 355-369
- [2] V. ROUSSIER, Stability of radially symmetric travelling waves in reaction-diffusion equations, *Prépublication de l'Université Paris XI*, 2002, à paraître dans les *Annales de l'IHP, Analyse non linéaire*

Description des techniques auto-adaptatives basées sur les estimations a posteriori pour des approximations par volumes et éléments finis

Amal Bergam

Labo. SIANO, Département de Maths. & Informatique, BP 133, Kénitra Maroc

De nombreuses contributions, motivées par de nombreuses et importantes applications, ont été apportées à l'analyse numérique des équations aux dérivées partielles. Cependant, l'efficacité des méthodes numériques proposées est souvent problématique. En particulier, la robustesse et même la convergence vers une solution physique acceptable sont souvent mises en défaut.

L'analyse a posteriori est devenue un outil indispensable pour un spectre large de calcul scientifique, pour les équations aux dérivées partielles approchées par les méthodes des éléments finis et des volumes finis, puisqu'elle permet l'adaptation automatique du maillage à la solution. Elle permet, en effet, de construire des indicateurs d'erreur qui donnent une bonne représentation de l'erreur en chaque partie du domaine de calcul et par suite fournissent des critères de raffinement ou déraffinement du maillage suivant la taille de l'erreur locale. Le but de cette communication sera d'exposer les techniques développées afin d'exhiber des indicateurs d'erreur de types résiduels lors des approximations par la méthode des volumes finis dans le cas elliptique et celle des éléments finis dans le cas parabolique. Les exemples que nous allons présenter sont :

- 1) Equation elliptique non linéaire : (travail commun avec Z. Mghazli et R. Verfürth [1])

Les indicateurs obtenus sont analogues à ceux obtenus dans le cas des éléments finis standard. En effet, ils mesurent le résidu de l'équation forte et l'irrégularité de la solution discrète, qui se traduit par des sauts à travers les inter-éléments.

- 2) Equation parabolique linéaire et non linéaire : (travail commun avec C. Bernardi et Z. Mghazli [2])

La discrétisation d'une équation de la chaleur fait souvent intervenir un problème intermédiaire semi-discret en temps, construit par exemple par un schéma d'Euler implicite. Le nouveau paramètre de discrétisation est le pas de temps local et l'introduction de deux types d'indicateurs d'erreur permet d'optimiser le choix de ces pas de temps tout en adaptant le maillage chaque instant.

Bibliographie

- [1] A. Bergam, Z. Mghazli et R. Verfürth " Estimations a posteriori d'un schéma de volumes finis pour un problème non linéaire " *Numerische Mathematik* 95 (2003) , pp. 599 - 624.
- [2] A. Bergam, C. Bernardi ; Z. Mghazli, A posteriori analysis of the finite element discretization of a nonlinear parabolic equation, soumis pour publication.

Filtrage interférométrique par diffusion anisotrope et détection des sauts de phases par contours actifs

Caroline LACOMBE

Université de Nice, Laboratoire J-A. Dieudonné, UMR C.N.R.S. 6621

Parmi les nombreuses applications de l'imagerie satellitaire, l'interférométrie réalisée à partir de radar à synthèse d'ouverture (RSO) a suscité un intérêt croissant ces dernières années, notamment pour faire des mesures topographiques. Ce processus utilise la différence de phases entre deux images RSO de la même scène, obtenues avec deux angles de vue très proches, pour estimer la hauteur du terrain. Le produit interférométrique fournit une image de cohérence et une image de phase, appelée interférogramme, qui contient seulement des informations liées à la topographie. L'interférogramme est formé de franges représentant la phase repliée, notée φ_m , et mesurée modulo 2π . L'intensité en chaque pixel représente donc la valeur principale de la phase déroulée. Pour reconstruire la géométrie en chaque point de l'image, il faut donc retrouver la phase φ . C'est l'étape du déroulement de phase, qui consiste à estimer le nombre de cycles $k(x, y) \in \mathbb{Z}$ en chaque point (x, y) de l'image, tel que :

$$\varphi(x, y) = \varphi_m(x, y) + 2k(x, y)\pi, \text{ où } \varphi_m(x, y) \in [-\pi, \pi[$$

Peu de mathématiciens se sont intéressés au domaine de l'interférométrie radar satellitaire. C'est cette constatation qui a motivé notre recherche. Nous voulons modéliser par des méthodes variationnelles le déroulement de franges interférométriques pour une ultérieure reconstruction tridimensionnelle du terrain observé.

- Une des difficultés de l'étape de déroulement provient du haut niveau de bruit introduit dans la phase enroulée, ce qui induit des erreurs dans la mesure de la hauteur. C'est pour cela que nous filtrons les images interférométriques avant de les dérouler.

Plusieurs filtres ont été proposés ces dernières années, néanmoins ils ne sont pas adaptés aux variations locales du bruit. Parmi les méthodes de filtrage, nous nous intéressons particulièrement au filtre adaptatif au bruit proposé par J.S. Lee et al. qui essaie de préserver les gradients de phase et réduit le bruit de phase en fonction de la cohérence.

Nous proposons une solution au traitement du bruit par la prise en compte de l'information issue du produit interférométrique, formé de l'image de cohérence elle-même bruitée ρ_0 et de l'interférogramme φ_m pour développer en deux étapes un modèle variationnel permettant d'adapter un processus de restauration anisotrope aux images interférométriques.

- La 1^{ère} étape commence par filtrer l'image de cohérence ρ_0 en utilisant les équations de Perona-Malik.
- La 2nde étape filtre l'interférogramme en tenant compte de la structure des franges et du modèle de bruit spécifique à ce type d'images. Il est proposé une équation parabolique mettant en jeu un tenseur de diffusion $D(\cdot)$ que nous adaptons à ce type d'image de façon à ne permettre un lissage uniquement dans la direction des franges.

Nous présenterons des résultats numériques sur des images réelles qui illustreront l'efficacité de cette approche, et nous montrons que notre modèle formalise les précédents travaux concernant le filtrage interférométrique.

- Nous avons proposé une méthode variationnelle pour le déroulement 1D, et nous avons constaté que la connaissance de l'emplacement des discontinuités apparaît comme étant la clé du déroulement de phase. Dans le cas réel, ces discontinuités deviennent des courbes. L'objectif est donc de segmenter l'interférogramme filtré (obtenu précédemment) c'est-à-dire déterminer les contours correspondant aux bords des franges.

Nous utilisons une formulation par ensembles de niveaux permettant de faire évoluer les contours actifs tout en gérant les changements de topologie des courbes. Rappelons que la prise en compte de la structure très particulière des images interférométriques est importante. Nous définissons alors un nouveau descripteur de contours, \mathcal{D}_c , dont la particularité est de prendre en compte les variations locales des orientations du gradient. Il s'ensuit une nouvelle fonction d'arrêt notée $G(\mathcal{D}_c)$. Puis nous proposons un modèle de détection de contours s'inspirant des EDP classiques des contours actifs en incorporant les informations obtenues via le tenseur de structure introduit par Weickert. Nous présenterons des résultats sur des images synthétiques et sur des images réelles.

Réglage automatique d'appareil auditif à l'aide des algorithmes évolutionnaires

Claire Bourgeois-République

LERSIA - Université de Bourgogne - 9 avenue A. Savary, B.P. 47870 - 21078 Dijon Cedex
mail : bourgeois.republique@free.fr

L'implant cochléaire (IC) constitue une solution thérapeutique efficace chez les personnes atteintes de surdité profonde ou totale et qui ne tirent aucun bénéfice de prothèses auditives conventionnelles. Il permet de rétablir une forme d'audition qui améliore les capacités de communication. Son efficacité dépend d'une interaction entre de nombreux paramètres parmi lesquels le réglage de l'implant cochléaire. L'objectif des réglages est d'optimiser l'information délivrée par l'implant par rapport aux capacités électrophysiologiques des voies auditives du patient. Il s'agit de privilégier les éléments pertinents contenus dans la parole, de manière à permettre une meilleure reconnaissance de celle-ci. Il est très difficile pour le praticien de trouver un réglage optimal du fait de la disparité des patients, de la difficulté qu'éprouvent les patients à interpréter leurs sensations mais aussi du fait qu'il y a plus d'une cinquantaine de paramètres pris en compte lors du réglage

L'objectif de mes travaux de recherche est de proposer un logiciel informatique interactif capable d'assister le praticien et le patient dans la phase de paramétrage de l'IC. Le réglage de l'IC est appréhendé comme un problème d'optimisation, nous utilisons les algorithmes évolutionnaires et nous intégrons les connaissances d'un expert pour proposer un réglage au patient. Afin de rendre le patient le plus autonome possible dans le réglage de son IC et pour qu'il puisse procéder aux réglages dans son environnement quotidien, une interface graphique a été développée sur un Personal Data Assistant (PDA) intégrant les fonctionnalités des réseaux sans fil.

Notre méthode permet d'explorer plus largement l'espace de recherche, de proposer des réglages que le praticien n'aurait jamais soumis, un gain de temps important et l'autonomie du patient

Bibliographie

C. Bourgeois République, P. Collet *Automatic Fitting of Cochlear Implants with Evolutionary Algorithms* ACM Symposium on Applied Computing SAC 2004.

Modelling Traffic Flows on a Single Link System

Anjali Awasthi, Michel Parent, Jean-Marie Proth

Recent developments in the area of transportation have given birth to Advanced Traveller Information Systems (ATIS) that provide historical, real time and predictive information to support travel decisions. Travellers seeking to travel from their current locations to specified destinations require best routings that minimize the travel times. The best route for any trip relies to a great extent on the accurate prediction of trip travel times.

Prediction of accurate travel time plays an essential role in determining the best route for any trip. The varying input flows arriving at the entrances of the system combined with the capacity constraints of the links lead to continuously changing system states and therefore dynamic travel times on the network. To study the network dynamics under piecewise constant flows, we begin with a single link system and study the evolution of stepwise constant flows inside the single link. We propose the main relations that characterize the dynamics of this single lane system and show how the travelling time of a car is affected by the history of the system. The two parameters used to describe the history of the system are the initial system state of the link and the piecewise constant input flows arriving at the entrance of the link. The analysis of the behaviour of the system is done to derive the travel time from the characteristics of the link, the input flow and the constraints on the output flow.

Phase Topologique Pour Etats Intriqués à Deux Qubits

Pérola Milman¹ et Rémy Mosseri²

¹Laboratoire Kastler Brossel, Département de Physique de l'Ecole Normale Supérieure et Collège de France

²Groupe de Physique des Solides, Universités Pierre et Marie Curie Paris 6 et Denis Diderot Paris 7

Les états intriqués jouent un rôle fondamental en information quantique. Leurs possibles applications vont des tests fondamentaux de la mécanique quantique aux protocoles de distribution de clefs cryptographiques et de téléportation.

Les états à deux qubits sont les systèmes les plus simples capables de présenter de l'intrication. On montre dans ce travail que des états maximalement intriqués à deux qubits peuvent être utilisés pour illustrer sans ambiguïté la double connexion du groupe de rotations $SO(3)$. Il est connu que, pour un qubit, les rotations de 2π et de 4π diffèrent d'une phase globale de π acquise par l'état du qubit [1]. L'origine de cette phase (dynamique, géométrique...) reste ambigu lorsqu'on se restreint aux systèmes à un qubit.

Dans ce travail, on utilise la correspondance biunivoque entre les états maximalement intriqués (EMI) à deux qubits et le groupe de rotation $SO(3)$ [2] pour caractériser sans ambiguïté l'origine topologique de cette différence de phase. Pour cela, des trajectoires cycliques d'EMI sont étudiées. On montre que la situation où il y a un gain de phase de π correspond aux trajectoires cycliques d'un EMI qui traversent l'espace des états orthogonaux à l'état initial. Si les trajectoires cycliques ne croisent pas cet espace, on retrouve la situation où il n'y a pas de gain de phase. Les résultats sont illustrés à l'aide d'une expérience proposée utilisant la manipulation de photons jumeaux dans un interféromètre de Mach-Zender [3].

Bibliographie

[1] J. J. Sakurai, *Modern Quantum Mechanics*, Addison-Wesley (1994).

[2] R. Mosseri et R. Dandoloff, *J. Phys. A : Math. Gen* **34**, 10243 (2001).

[3] P. Milman et R. Mosseri, à paraître en *Phys. Rev. Lett.* (2003).

La structure articuloire d'un graphe

Anne Berry

LIMOS, Campus Scientifique des Cézeaux, BP 10125, 63 173 Aubière
Cedex. Page web : <http://www.isima.fr/berry/index.html>

Les graphes non-orientés sont utilisés depuis les années 1950 (et même depuis Euler) pour modéliser toutes sortes de problèmes. Un graphe est constitué d'un ensemble de points (appelés des sommets) et de liens entre ces sommets (appelés des arêtes).

Nous nous intéressons à un aspect particulier des graphes, qui sont leurs ensembles d'articulation (appelés également des séparateurs minimaux). Dans un arbre, un point d'articulation est un noeud interne : son retrait définit plusieurs sous-arbres. Ces noeuds sont bien nommés, ils constituent l'articulation du graphe et reflètent sa structure.

La notion d'articulation s'étend à un graphe quelconque, mais on est amené à retirer un ensemble de sommets (le séparateur minimal) dont le retrait définit plusieurs sous-graphes.

Le séparateur minimal a été introduit en 1961 par Dirac pour caractériser un classe de graphes très proche des arbres : la classe des graphes triangulés. Ce n'est que depuis une dizaine d'années que cet outil est utilisé sur un graphe quelconque, essentiellement dans le but de se ramener à un graphe triangulé en ajoutant des arêtes au graphe (un procédé appelé triangulation).

J'ai commencé par examiner les aspects liés à la triangulation, avec en particulier des applications à l'amélioration des données biologiques (phylogénétiques).

J'ai ensuite montré que l'utilité des séparateurs minimaux était loin d'être restreinte aux problèmes de triangulation. Ils constituent par exemple un outil puissant qui consiste à recopier un séparateur dans les différents sous-graphes qu'il définit : cette décomposition respecte la structure articuloire du graphe, puisque tout séparateur minimal d'un des sous-graphes ainsi obtenus était déjà un séparateur minimal du graphe de départ. Nous explorons l'intérêt de cette décomposition sur des données issues du text mining et de la bio-informatique.

La notion de séparateur permet aussi de définir de façon très mathématique l'extrémité d'un graphe quelconque, de la même façon qu'une feuille est l'extrémité d'un arbre. Le séparateur nous a aussi permis de définir des algorithmes très efficaces pour reconnaître plusieurs classes de graphes, comme les graphes faiblement triangulés et les graphes de sonde triangulés.

Finalement, nous utilisons actuellement le séparateur minimal pour explorer les treillis des concepts (treillis de Galois) : ces treillis sont des ensembles ordonnés qui permettent de structurer l'ensemble des motifs que l'on trouve par l'exploration combinatoire des bases de données binaires ; ils sont très étudiés en ce moment dans le cadre du 'data mining', qui vise à exploiter les grosses bases de données.

Calcul distribué à grande échelle : un avenir prometteur dans tous les domaines scientifiques

Hélène Renard
LIP, UMR CNRS-INRIA-UCBL 5668,
École normale supérieure de Lyon, France
Helene.Renard@ens-lyon.fr

Rechercher les plus grands nombres premiers, le signal d'une vie dans la voie lactée, ou bien encore trouver la structure spatiale des protéines sont autant d'applications qui demandent une puissance de calcul importante. Cette façon de combiner la puissance d'un nombre important de calculateurs pour résoudre un problème donné s'appelle, en terme informatique, le « calcul distribué ».

Le but du calcul distribué est de répartir le travail entre plusieurs ordinateurs afin de réaliser rapidement des calculs complexes qui prendraient plusieurs mois voire plusieurs années sur une seule machine. Cette idée de parallélisation des calculs provient principalement du milieu de la recherche scientifique où les besoins en puissance de calcul et en traitement de données ont augmenté considérablement. De plus, le prix des supercalculateurs est bien souvent inabordable pour de nombreuses entreprises et laboratoires. La solution en théorie serait d'utiliser toutes les ressources informatiques disponibles dans ces entreprises ou laboratoires puisqu'une étude réalisée par Dataquest¹ a montré que seulement 5 à 20% des ressources totales étaient utilisées. Certains projets, tels que « Globus² » et « Seti@home³ », mettent en pratique le principe d'utilisation de plusieurs milliers de ressources afin d'augmenter la puissance de calcul.

C'est pourquoi, au cours de ma première année de thèse sous la direction d'Yves Robert et Frédéric Vivien, je me suis intéressée au « placement et équilibrage de charge sur grappes hétérogènes ». Le but de notre travail est de répartir des données sur un groupe d'ordinateurs reliés entre eux en tenant compte de la vitesse de calcul de chacun et de la capacité des liens de communication entre ces ordinateurs. Tout ceci dans le but de minimiser le temps total de traitement de nos données.

Nous avons donc mis l'accent sur une modélisation réaliste des communications concurrentes à l'intérieur d'un groupe d'ordinateurs. Mais ce problème a été difficile à résoudre à cause de l'hétérogénéité des vitesses de calcul de chaque ordinateur ainsi que des différentes capacités des liens de communication entre ces ordinateurs. Nous avons cependant trouvé une méthode efficace permettant d'équilibrer au mieux les données sur l'ensemble des ordinateurs afin de minimiser leur temps de traitement. Cela constitue donc une alternative prometteuse à l'usage de super-ordinateurs onéreux.

1. « Les entreprises américaines commencent à s'intéresser au grid », Michel Ktitareff, Les Echos, 04/09/2002

2. <http://wa.globus.org/>

3. <http://setiathome.ssl.berkeley.edu>

Représentations Algébriques et Constructions Graphiques de Codes Quasi-Cycliques

Anne Desideri Bracco

Laboratoire I3S, UNSA, BP 145 , 06903 Sophia Antipolis

Au sein des codes correcteurs d'erreurs et de la Théorie de l'Information, les codes quasi-cycliques sont de plus en plus étudiés. Ce sont des codes de longueur finie qui généralisent les codes cycliques mais qui approchent également les codes de longueur infinie que sont les codes convolutifs. Les codes quasi-cycliques possèdent de plus d'excellents paramètres, c'est-à-dire qu'ils ont une grande capacité de correction.

Nous présenterons deux approches algébriques différentes pour ces codes : l'approche constructive proposée par Ling San et Patrick Solé dans [4] et l'approche cyclique présentée par Kristine Lally dans [3]. Les treillis sont des graphes qui permettent de représenter les codes correcteurs d'erreurs [2,5], dans le but de les décoder avec l'algorithme de Viterbi. Il existe deux types de treillis : les treillis conventionnels et les treillis cycliques. Nous associerons à chacun de ces types de treillis une construction graphique de codes quasi-cycliques qui rejoindra l'une des deux approches algébriques présentées précédemment.

Pour les treillis conventionnels, la construction graphique est une généralisation de la construction proposée par G.D. Forney dans [1]. Elle rejoint l'approche de S. Ling et P. Solé sous certaines conditions. Les treillis cycliques sont associés à la représentation cyclique de K. Lally. Ces treillis permettent de représenter les codes avec moins de sommets que les treillis conventionnels. La connaissance de la structure algébrique des codes quasi-cycliques aura permis leurs constructions graphiques.

Bibliographie

- [1] G.D. Forney " Coset Codes - Part II : Binary lattices and Related Codes ", IEEE-IT, 1988,34, 1152-1187
- [2] R. Koetter and A. Vardy " The Structure of Tail-Biting Trellises : Minimality and Basic Principles ", IEEE-IT, Sept 2003
- [3] K. Lally " Quasi-Cyclic Codes of Index ell over F_q Viewed as F_q -Submodules of F_q^{ell}/x^{m-1} ", AAECC-15, May 2003
- [4] S. Ling and P. Solé " On the Algebraic Structure of Quasi-Cyclic Codes I : Finite Fields ", IEEE-IT, vol 47, 2001
- [5] A. Vardy " Trellis Structure of Codes ", chapter 24, Handbook of Coding Theory, 1988

Vers une nouvelle forme de recherche en biologie

Oriane Matte-Tailliez

oriane.matte@lri.fr

La mise à disposition en ligne quasi complète des articles scientifiques en biologie s'est largement développée grâce aux efforts considérables de la base Medline du NCBI. Aujourd'hui, tout biologiste accède donc à une littérature scientifique de taille considérable, et ne peut plus faire face à une gestion "manuelle". Pourtant cette abondante littérature est un outil de travail formidable, permettant au biologiste, au bio-informaticien de faire le point sur son domaine, et de proposer de nouvelles hypothèses de travail. Il faut donc développer des approches automatiques pour gérer ces masses de publications scientifiques.

Notre travail a pour but d'extraire de l'information à partir des textes de manière semi-automatique. Pour cela, nous construisons une chaîne logicielle qui permet à l'expert d'un domaine de spécialité comme la biologie moléculaire de pouvoir lui-même récupérer les textes natifs et les traiter pour en dégager de l'information. Notre approche est un juste mélange entre deux ingrédients : une grande convivialité des interfaces utilisées et des algorithmes inductifs. Nous avons développé un type d'induction nouveau, l'induction extensionnelle, qui permet une part d'automatisation avec intervention de l'expert. Les principes de cette forme d'induction que nous essayons de mettre en oeuvre à toutes les étapes de traitement sont les suivants : a) la création d'un modèle en extension (description complète de tous les objets à partir d'un noyau d'objets), b) l'utilisation d'une mesure spéciale qui permet de rejeter des propositions fausses, c) l'utilisation de plusieurs mesures d'entropie qui tiennent compte de la représentation de la connaissance de l'expert, d) un apprentissage itératif (avec interaction homme/machine). Pour aboutir à l'extraction d'information, plusieurs étapes de traitement sont nécessaires. Après recueil, les textes sont fondus en un seul, c'est le corpus de base. Ce corpus est ensuite normalisé, c'est à dire que le vocabulaire est standardisé, différents types de fautes sont repérés et corrigés, le corpus est découpé en phrases nettement séparées. Ensuite, tous les mots sont étiquetés grammaticalement, les termes pertinents pour le domaine sont repérés, les traces de concepts sont détectés puis classifiées. Et enfin, des patrons d'extraction (ce sont des "automates finis déterministes") sont construits afin d'extraire un type précis d'information. Cette dernière étape serait impossible sans les traitements préalables. Par notre méthodologie, un concept est représenté par des milliers d'instances dans les textes. Si ce n'était pas le cas, des milliers de patrons seraient nécessaires pour une information, ce qui est impossible à réaliser. Le problème est rendu plus difficile par le fait que ces étapes ne sont pas indépendantes et il est nécessaire de bien comprendre les actions et les rétro-actions des unes sur les autres. L'expert intervient à chaque étape, mais sa charge de travail est allégée par la semi-automatisation. Dans ces conditions, de l'information pertinente peut être extraite de ces grandes bases de données textuelles.

MODELISATION DE LA DYNAMIQUE EPIDEMIQUE DE LA FIEVRE HEMORRAGIQUE EBOLA

Judith Legrand et Antoine Flahault

« Epidémiologie et Sciences de l'Information », Inserm U444

Centre Collaborateur OMS pour la surveillance électronique des maladies

La menace d'une attaque biologique est évoquée dans la littérature depuis plusieurs années. Parmi les agents qui pourraient être utilisés comme arme biologique sont cités des bactéries dont l'anthrax et la peste, des champignons, des protozoaires et des virus dont les fièvres hémorragiques, la variole, la grippe (1-5).

Les attaques par certains agents diffusés dans l'atmosphère pourraient créer des dégâts importants en terme de mortalité, de morbidité et de coûts (6). Par exemple, l'attaque au gaz sarin dans le métro de Tokyo, par la secte Aum, avait causé 12 *décès* et l'intoxication de 5500 personnes environ. Si l'attaque chimique, toxique ou par certains agents infectieux comme l'anthrax n'est pas (ou rarement) suivie de contamination secondaire, dans le cas de certains virus ou bactéries, la diffusion pourrait se poursuivre, une fois toutes les particules de l'aérosol répandues, par contamination de personne à personne ou par l'intermédiaire d'un vecteur.

Des modèles de diffusion épidémiques de maladies transmissibles peuvent s'appliquer à l'étude de la dynamique épidémique de ces agents et contribuer à l'évaluation des interventions possibles pour la maîtrise des épidémies.

Ce travail s'inscrit dans le cadre de la construction d'un modèle paramétrable de diffusion d'une épidémie d'Ebola permettant de simuler les différents moyens de contrôle de l'épidémie. La première étape de ce travail, présentée ci-dessous, est d'estimer les paramètres épidémiologiques du virus Ebola, notamment le taux de reproduction de base (i. e le nombre de personne infectées par un seul malade dans une population entièrement susceptible) et la durée de la période contagieuse. *Ces* grandeurs sont estimées à partir de l'ajustement d'un modèle dynamique aux données observées lors des épidémies.

Dans le domaine de la modélisation en épidémiologie, un des paramètres les plus utilisés est le taux de reproduction de base. Ce paramètre a été estimé pour de nombreuses pathologies à partir de données épidémiques observées. En 2001, Gani et Leach ont publié un travail concernant l'estimation du R_0 pour la variole et en 2003, deux équipes ont publié des travaux concernant le SRAS (7-9).

Pour estimer le R_0 , nous avons construit un modèle de diffusion adapté à l'histoire naturelle de la maladie et estimé les paramètres du modèle à partir des données observées. Nous avons jusqu'à présent utilisé des données publiées dans la littérature concernant l'épidémie de 1995 en République Démocratique du Congo et l'épidémie de 2000 en Ouganda (10). Nous avons construit un modèle stochastique à 6 compartiments : susceptibles, latents, contagieux, hospitalisation, funérailles, retirés de la chaîne de transmission. Les individus de la population sont répartis dans 6 compartiments (susceptibles, en incubation, contagieux, contagieux et hospitalisés, funérailles, retirés de la chaîne de transmission) et la taille des différents compartiments évolue au cours du temps.

Une fois les paramètres épidémiologiques du virus Ebola estimés, nous construirons un modèle permettant d'intégrer les différentes stratégies de lutte contre les épidémies (isolement, vaccination...). L'utilisation d'un modèle stochastique de diffusion de l'épidémie pour des simulations de Monte Carlo permettra de quantifier la probabilité de déclenchement d'une épidémie dans telle ou telle situation, de simuler différentes stratégies de lutte contre les épidémies et de quantifier les moyens nécessaires.

REFERENCES

1. WHO, *Public health response to biological and chemicals weapons. WHO guidance* (2001).
2. L. D. Rotz, A. S. Khan, S. R. Lillibridge, S. M. Ostroff, J. M. Hughes, *Emerg Infect Dis* **8**, 225-30 (Feb, 2002).
3. T. V. Inglesby *et al.*, *Jama* **283**, 2281-90 (May 3, 2000).
4. D. A. Henderson *et al.*, *Jama* **281**, 2127-2137. (1999).
5. M. S. Bronze, M. M. Huycke, L. J. Machado, G. W. Voskuhl, R. A. Greenfield, *Am J Med Sci* **323**, 316-25 (Jun, 2002).
6. A. F. Kaufmann, M. I. Meltzer, G. P. Schmid, *Emerg Infect Dis* **3**, 83-94. (1997).
7. R. Gani, S. Leach, *Nature* **414**, 748-751. (2001).
8. S. Riley *et al.*, *Science* **300**, 1961-6 (Jun 20, 2003).
9. M. Lipsitch *et al.*, *Science* **300**, 1966-70 (Jun 20, 2003).
10. A. S. Khan *et al.*, *J Infect Dis* **179 Suppl 1**, 576-86 (Feb, 1999).

Modélisation mathématique de la résistance aux antibiotiques.
Application la résistance des pneumocoques et des méningocoques à la pénicilline.

Laura TEMIME, Inserm Unité 444

Le but de ce travail est de développer des outils de modélisation mathématique pour étudier la résistance bactérienne aux antibiotiques, notamment dans le cadre de la résistance des pneumocoques à la pénicilline.

Le pneumocoque est une bactérie très répandue, responsable de graves infections méningées ou respiratoires (méningites, pneumonies, etc.). Depuis les années 70, des souches de pneumocoques résistantes ou multirésistantes aux antibiotiques ont émergé et se sont diffusées partout dans le monde, avec des conséquences non négligeables.

Nous avons développé un modèle mathématique de la sélection de pneumocoques résistants aux β -lactamines (la classe d'antibiotiques la plus couramment utilisée pour traiter les infections à pneumocoques) au sein d'une population. Le modèle prend en compte les paramètres qui jouent un rôle important dans ce phénomène : taux de transmission des bactéries entre individus, exposition aux antibiotiques en fonction de l'âge, évolution génétique des bactéries, etc. Ce faisant, il permet de mieux comprendre l'impact de ces différents facteurs en les faisant varier, et de tester différentes stratégies d'intervention.

Mathématiquement parlant, nous avons développé une version stochastique du modèle (suivant laquelle il est décrit au travers des intensités de transition d'un processus Markovien de sauts), qui permet d'avoir des informations complètes sur le processus épidémique, et notamment sur sa variabilité. Dans le cadre de grandes populations, nous avons également utilisé une version déterministe (suivant laquelle le modèle est décrit à l'aide d'un système d'équations aux dérivées partielles), qui permet d'approximer la trajectoire stochastique moyenne en limitant les temps de simulation.

Dans un premier temps, nous avons validé les hypothèses du modèle en comparant ses prédictions à des données historiques sur la résistance des pneumocoques en France, obtenues indépendamment de notre construction du modèle ou de notre choix des valeurs des paramètres.

Dans un deuxième temps, nous nous sommes intéressés aux méningocoques, qui sont des bactéries très pathogènes pour l'homme présentant un mécanisme de résistance à la pénicilline très similaire à celui des pneumocoques. En effet, les données épidémiologiques montrent que la baisse de sensibilité au traitement, très répandue chez les pneumocoques comme on l'a vu, est encore rare chez les méningocoques, pour lesquels seuls de faibles niveaux de résistance sont observés. Compte tenu de la forte pathogénicité des méningocoques, nous avons cherché à comprendre la différence observée et à déterminer si la résistance des méningocoques ne pouvait pas évoluer dans le même sens que celle des pneumocoques.

Introduites dans le modèle, les différences entre les deux bactéries en termes de transmissibilité, de durée de portage et de pression antibiotique suffisent à expliquer l'écart actuel entre leurs profils épidémiologiques, partant d'une situation historique identique.

Enfin, une utilisation prospective du modèle suggère que des souches des méningocoques présentant de hauts niveaux de résistance à la pénicilline devraient émerger dans les années à venir.

Modélisation de l'impact de l'apparition de souches virales mutantes sur le système immunitaire dans l'infection à VIH

Elisabeta Vergu

INSERM U436, Faculté de Médecine Pitié-Salpêtrière, Université
Paris VI, Paris 75634 Cdx 13

Un modèle mathématique de l'infection à VIH, comprenant un système dynamique déterministe non linéaire et une composante stochastique simulant l'émergence par mutation de souches virales, a été utilisé pour étudier l'impact à long terme de la diversité virale sur la réponse immunitaire. Les variables du système d'équations différentielles sont les concentrations de cellules CD4 non infectées, de CD4 infectés productifs de virions, de CD8, et de virus. Une fonction d'état définissant l'efficacité de la reconnaissance immune (des souches virales par le système immunitaire) et appelée l'indice IRE a également été définie. L'existence, l'expression, la monotonie et la stabilité de l'état d'équilibre endémique du système sont déterminées en fonction de l'indice IRE, considéré dans un deuxième temps comme une fonction exogène qualitativement équivalente à son expression endogène. L'analyse du comportement asymptotique de l'indice IRE dans sa forme initiale endogène indique son équivalence avec l'inverse du nombre de souches, quantité tendant vers 0 quand le temps tend vers l'infini. Notre étude explique l'affaiblissement à long terme du système immunitaire dans le contexte de l'apparition permanente de virus mutants, ce qui corrobore des résultats obtenus au cours de travaux précédents. En outre, notre étude contribue à une meilleure compréhension de ce phénomène par l'introduction d'une fonction simple synthétisant les interactions complexes entre le système immunitaire et le virus : l'indice IRE.

Morphogenèse des grains de pollen d'Angiospermes

Adrienne Ressayre

Station de Génétique Végétale, Paris-Sud, 91405 ORSAY

Les grains de pollen des plantes supérieures sont des organismes simples composés de deux ou trois cellules entourées d'une paroi complexe présentant une ou plusieurs ouvertures appelées apertures ou point germinatifs.

La détermination du nombre et de la disposition des apertures se produit au cours d'une division cellulaire, la méiose, qui partage une cellule en quatre cellules filles de volume identique (les microspores). Les microspores, qui se développeront par la suite en grain de pollen, restent assemblées en tétrade le temps de former une ébauche de leur paroi dans laquelle les apertures sont visibles. Les tétrades sont donc des objets tridimensionnels composés de quatre cellules enfermées dans la paroi de la cellule initiale et séparées par un nombre variable de cloisons. La disposition des apertures dans les tétrades est soumise à des règles strictes qui dépendent des grands groupes de plantes.

Chez les Angiospermes, le déroulement de la méiose présente de très nombreuses variations. Toutefois, le nombre, la disposition et la forme des cloisons cellulaires séparant les microspores au cours de la méiose obéissent à des règles géométriques simples qu'il est facile de modéliser. En faisant l'hypothèse que les apertures sont ensuite formées aux points où s'achèvent la formation des cloisons séparant les microspores, nous montrons que l'on peut former la plus grande partie de la diversité dans le nombre et la disposition des apertures observée chez les Angiospermes.

Nous utilisons les règles de construction des tétrades pour les recréer *in-silico* et étudier le lien entre la détermination du nombre et de la disposition des apertures et le déroulement de la méiose chez les différents groupes de plantes, notre objectif étant de comprendre comment évolue ce caractère et son développement.

**Participant·es et participants au forum 2004 des jeunes mathématiciennes.
Mathématiques, informatique et sciences du vivant.**

Afchain Anne-Laure	CEMAGREF, Antony	Anne-Laure.Afchain@cemagref.fr
Awasthi Anjali	INRIA Rocquencourt, projet IMARA Le Chesnay	anjali.awasthi@inria.fr
Bernillon Pascale	Institut de Veille Sanitaire Dpt des Maladies Infectieuses, Saint-Maurice	P.Bernillon@invs.sante.fr
Berry Anne	LIMOS, Univ. Clermont-Ferrand II, Aubière	berry@isima.fr
Bertrand Anne	Univ. Poitiers, Poitiers	bertrand@mathlabo.univ-poitiers.fr
Boulifa Rabea	projet OASIS, INRIA Sophia-Antipolis	rabea.boulifa@sophia.inria.fr
Bourgeois République Claire	LERSIA, Univ. Bourgogne , Dijon	bourgeois.republique@free.fr
Castellani Ilaria	INRIA Sophia Antipolis	Ilaria.Castellani@sophia.inria.fr
Charles Sandrine	Labo. Biométrie - Biologie Évolutive Univ. Claude Bernard Lyon 1, Villeurbanne	scharles@biomserv.univ-lyon1.fr
Charretton Christine	Institut Girard Desargues Univ. Lyon 1, Villeurbanne	Christine.Charretton@univ-lyon1.fr
Chauveau Véronique	association femmes et mathématiques, Paris	vchauvea@noos.fr
Chaves Madalena	Aventis Pharmaceuticals & Rutgers University Bridgewater, New Jersey, USA	madalena@math.rutgers.edu
Cornu Marie	AFSSA LERQAP, Maisons Alfort	m.cornu@afssa.fr
Corral Nuria	Équipe de Géométrie et Dynamique Institut de Maths de Jussieu, Univ. Paris 7	corral@math.jussieu.fr
Delignette-Muller Marie Laure	École Nationale Vétérinaire de Lyon Marcy l'Étoile	ml.delignette@vet-lyon.fr
Desideri Bracco Anne	Labo. I3S, UNSA, Sophia Antipolis	adbracco@essi.fr
Duby Camille	Institut National Agronomique Paris-Grignon	duby@inapg.fr
Dujardin Bénédicte	Observatoire de la Côte d'Azur, Nice	dujardin@obs-nice.fr
Dumitru Alexandra	INSA Lyon, Villeurbanne	Alexandra-Mariela.Dumitru@insa-lyon.fr
Elqasyr Khadija	Labo. Raphaël Salem , Rouen	khadija.elqasyr@univ-rouen.fr
Ferrigno Sandie	Labo. de Probabilités et Statistique Univ. Montpellier II, Montpellier	ferrigno@math.univ-montp2.fr
Graffigne Christine	MAPS, Univ. René Descartes, Paris	graff@math-info.univ-paris5.fr
Guillopé Colette	Mathématiques, Univ. Paris XII-Val de Marne, Créteil	guillope@univ-paris12.fr
Hubert Évelyne	INRIA Sophia Antipolis	Evelyne.Hubert@inria.fr
Jacob Sophie	UFR Maths, Univ. René Descartes-Paris 5	S.Jacob56@wanadoo.fr
Kelfa Anne	Issy-Les-Moulineaux	Anne.Kelfa@wanadoo.fr
Knibbe Carole	Labo. Prisma, INSA Lyon, Villeurbanne	cknibbe@prisma.insa-lyon.fr
Lacombe Caroline	Labo. J.A. Dieudonné, Univ. Nice, Nice	clacombe@math.unice.fr
Latapy Matthieu	CNRS - LIAFA - Univ. Paris 7,	latapy@liafa.jussieu.fr
Leblond Juliette	INRIA Sophia Antipolis	leblond@sophia.inria.fr
Ledauphin Stéphanie	USC / ENITIAA et INRA, Nantes	Stephanie.Ledauphin@enitiaa-nantes.fr
Lefèbvre Sidonie	École Centrale Paris, Labo. MSSMAT Chatenay Malabry	sidoniel@aol.com
Legrand Judith	INSERM U444, Épidémiologie Sciences de l'Information, Paris	legrand@u444.jussieu.fr
Mangin Brigitte	INRA, Castanet-Tolosan	mangin@toulouse.inra.fr
Matte-Tailliez Oriane	LRI, Univ. Paris-Sud 11, Saclay	oriane@lri.fr
Méance Sébastien	ESIEA, Ermont	meance@wanadoo.fr
Milman Perola	Labo. Recherche en Informatique, Orsay	milman@lri.fr
Molinier Pascale	MAGE-CNAM, Paris	molinier@cnam.fr

Palmeira Leonor	Labo. Biométrie et Biologie Évolutive Univ. Claude Bernard Lyon 1, Villeurbanne	palmeira@biomserv.univ-lyon1.fr
Portier Natacha	LIP, ENS Lyon	Natacha.Portier@ens-lyon.fr
Provost Agnès	AUTO (Unité d'Automatique), INMA Univ. Catholique de Louvain, Belgique	provost@auto.ucl.ac.be
Quinio Martine	Labo. Mathématiques, Faculté de St-Jérôme, Univ. Aix-Marseille 3, Marseille	Martine.Quinio@wanadoo.fr
Raoult Annie	LMC - IMAG, Univ. Joseph Fourier, Grenoble	Annie.Raoult@imag.fr
Ressayre Adrienne	Station de Génétique Végétale	ressayre@moulon.inca.fr
Renard Hélène	LIP - ÉNS Lyon, Lyon Univ. Paris-Sud, Orsay	Helene.Renard@ens-lyon.fr
Revol Nathalie	INRIA Rhône-Alpes, LIP, ÉNS Lyon	Nathalie.Revol@inria.fr
Robert Claudine	Univ. Joseph Fourier, Grenoble	Claudine.Robert@imag.fr
Roussier-Michon Violaine	Labo. Mathématiques, Univ. Paris-Sud, Orsay	violaine.roussier@math.u-psud.fr
Roy Marie-Françoise	IRMAR, Univ. Rennes	Marie-Francoise.Roy@univ-rennes1.fr
Sagot Marie-France	Projet Helix - INRIA Rhône Alpes, Lyon	Marie-France.Sagot@inria.fr
Sahmer Karin	Labo. de Sensométrie et de Chimiométrie ENTTLAA / INRA, Nantes	sahmer@enitiaa-nantes.fr
Temime Laura	INSERM U444, Paris	temime@u444.jussieu.fr
Textor Christiane	Labo. des Sciences du Climat et l'Environnement LSCE-Orme, Gif-sur-Yvette	textor@lsce.saclay.cea.fr
Vergu Elisabeta	INSERM U436, Faculté de Médecine Pitié-Salpêtrière, Univ. Paris VI, Paris	eve@biomath.jussieu.fr
Zizi Jacqueline	S. L. F. (Sans Labo Fixe), Palaiseau	jazi@club-internet.fr

Forum des Jeunes Mathématiciennes

Mathématiques, Informatique et Sciences du Vivant

Institut Henri Poincaré, Paris.

www.sop.inria.fr/cafe/Evelyne.Hubert/2004forum

Vendredi 30 janvier

- 9h15 accueil à l'IHP
- 10h15-10h30 **Véronique Chauveau**, Présidente de l'association *femmes et mathématiques*
Amphi Darboux Quelques mots de bienvenue
- 10h30-11h15 **Juliette Leblond**, INRIA Sophia Antipolis
Amphi Darboux Une approche par les fonctions analytiques et l'approximation méromorphe du problème inverse de localisation de foyers épileptogènes dans le cerveau depuis les mesures électroencéphalographiques.
- 11h15-12h00 **Annie Raoult**, université Joseph Fourier de Grenoble
Amphi Darboux Eléments mathématiques pour la modélisation du myocarde
- 12h00-13h30 Pause déjeuner
- 13h30-15h30 Session 1, Amphi Darboux
Présidente : Brigitte Mangin
- Sandie Ferrigno**
Test de la fonction de répartition conditionnelle
- Karin Sahmer**
Classification de variables en présence de valeurs manquantes
- Stéphanie Ledauphin**
Les données sensorielles de type temps intensité
- Martine Quinio**
Statistiques et probabilités au quotidien
- Session 2, Salle 01
Présidente : Evelyne Hubert
- Benedicte Dujardin**
Polynômes de Szego en théorie de l'estimation
- Agnès Provost**
Modélisation de bioprocés
- Madalena Chaves**
Un modèle pour les interactions récepteur-ligand
- Boulifa Rabea**
Modèles pour applications distribuées
- 15h30-16h Pause
- 16h-17h **Pascale Moïnier**, CNAM
Amphi Darboux La créativité dans le travail : un processus individuel ou collectif ?
- 17h-17h45 Débat animé par Ilaria Castellani

Samedi 31 janvier

- 9h00-10h30 Session 3, Amphi Darboux
Présidente : Marie-Laure Delignette
- Violine Roussier-Michon**
Dynamique des populations et ondes progressives
- Caroline Lacombe**
Filtrage interférométrique et applications
- Amal Bergam**
Descriptions des techniques auto-adaptatives basées sur les estimations **a posteriori pour des approximations par volumes et éléments finis**
- Session 4, Salle 01
Présidente : Natacha Portier
- Claire Bourgeois République**
Réglage automatique d'appareil auditif à l'aide d'algorithme évolutionnaire
- Anjali Awasthi**
Modeling traffic flows on a single link system
- Perola Milman**
Phase topologique pour états intriqués
- 10h30-10h45 Pause
- 10h45-12h **Table ronde sur l'enseignement interdisciplinaire**
organisée par Sandrine Charles et Marie-Laure Delignette
- 12h-13h30 Déjeuner dans la cafétéria de l'IHP
- 13h30-15h30 Session 5, Amphi Darboux
Présidente : Marie-France Sagot
- Anne Berry**
La structure articuloire d'un graphe
- Hélène Renard**
Calcul distribué
- Anne Desideri Bracco**
Codes Quasi-Cycliques
- Matte-Tailliez Oriane**
Vers une nouvelle forme de recherche en biologie
- Session 6, Salle 01
Présidente : Sandrine Charles
- Judith Legrand**
Modélisation de la dynamique épidémiologique de la fièvre hémorragique Ebola
- Laura Temime**
Modélisation de la résistance aux antibiotiques
- Elisabeta Vergu**
Modélisation de l'impact de l'apparition de souches virales mutantes sur le système immunitaire dans l'infection à VIH
- Adrienne Ressayre**
Morphogénèse des grains de pollen
- 15h30-16h Pause
- 16h-17h **Présentation du métier de bio-informaticienne**
Amphi Darboux Sandrine Charles, Marie-Laure Delignette, Marie-France Sagot



Institut National de la Recherche Agronomique