

# 1 Curriculum vitæ

Nom : **Maxime Folschette**

maxime.folschette@centralelille.fr

Né le : 06/02/1988 à Melun (France)

Site web : <http://maxime.folschette.fr/>

## Poste actuel

---

**Maître de conférences** à Centrale Lille depuis septembre 2019

**Laboratoire** : Centre de Recherche en Informatique, Signal et Automatique de Lille (CRISAL)

**Équipe** : Formal Methods for Computational Modeling and Simulation of Biological Systems  
(BioComputing, Prof. Cédric Lhoussaine)

## Thèse de doctorat

---

### Modélisation algébrique de la dynamique multi-échelles des réseaux de régulation biologique

**Date** : 8 octobre 2014

**Section** : 27

**Laboratoire** : Institut de Recherche en Communications et Cybernétique de Nantes (IRCCyN)

**Établissement** : École centrale de Nantes      **Équipe** : MeForBio (Prof. Olivier Roux)

**Directeur de thèse** : Olivier Roux

**Co-encadrant de thèse** : Morgan Magnin

**Rapporteurs** : Jean-Paul Comet & Anne Siegel

**Présidente du jury** : Mireille Régner

**Examineur** : Denis Thieffry

## Diplômes et formation

---

- Février 2015 : **Qualifié** aux fonctions de Maître de conférences en section CNU 27
- 8 octobre 2014 : **Thèse de doctorat** en informatique à l'École centrale de Nantes
- Septembre 2011 : **Thèse de master** à l'École centrale de Nantes  
**Spécialité** : automatique et systèmes de production  
**Directeurs de thèse de master** : Olivier Roux & Morgan Magnin
- Septembre 2011 : **Diplôme d'ingénieur** à l'École centrale de Nantes  
**Options** : informatique et R&D
- 2006 – 2008 : Classes préparatoires MPSI & MP au lycée Jacques Amyot (Melun)
- 2006 : Baccalauréat général au lycée Jacques Amyot (Melun), spécialité SVT

## Expérience de recherche

Cf. liste des publications en page 4

---

- Novembre 2018 – août 2019 : **Ingénieur de recherche** CNRS à l'Institut Français de Bioinformatique  
**Laboratoire** : Laboratoire des Sciences du Numérique de Nantes  
**Équipes** : GDD (Prof. Pascal Molli) & COMBI (Dr Damien Eveillard)  
**Sujet** : Représentation de données de santé multi-sources (clinique, génétique, imagerie) en web sémantique à des fins d'apprentissage automatique
- Novembre 2017 – octobre 2018 : **Postdoc** à l'Université de Rennes 1  
**Laboratoires** : IRISA & IRSET  
**Équipes** : Dyliss (D.R. Anne Siegel) & Dymec (D.R. Nathalie Théret)

- Sujet** : Recherche de nouvelles cibles thérapeutiques pour le carcinome hépatocellulaire par des méthodes d'extraction et de coloration de graphe
- Septembre 2016 – août 2017 : **ATER** à l'Université de Nantes  
**Laboratoire** : Laboratoire des Sciences du Numérique de Nantes (ex-IRCCyN)  
**Équipe** : Méthodes Formelles pour la Bioinformatique (Prof. Olivier Roux)  
**Sujet** : Apprentissage de modèles prédictifs à partir de données d'expression par programmation logique inductive
  - Septembre 2015 – août 2016 : **ATER** à l'Université Nice Sophia Antipolis  
**Laboratoire** : Laboratoire d'Informatique, Signaux et Systèmes de Sophia Antipolis  
**Équipe** : Modèles Discrets pour les Systèmes Complexes (Prof. Enrico Formenti)  
**Projet** : Bioinfo (Prof. Jean-Paul Comet)  
**Sujet** : Inférence de paramètres réels à l'aide d'une logique de Hoare hybride
  - Décembre 2014 – août 2015 : **Postdoc** à l'Université de Kassel (Allemagne)  
**Équipe** : Theoretical Computer Science / Formal Methods (Prof. Martin Lange)  
**Financement** : Projet ERC "Model Checking Unleashed" (Prof. Martin Lange)  
**Sujet** : Utilisation du  $\mu$ -calcul polyadique pour l'étude de motifs dynamiques complexes
  - 21 octobre 2014 – 19 novembre 2014 : **Chercheur invité** pendant 1 mois  
et 1<sup>er</sup> mars 2012 – 25 mai 2012 : **Stage doctoral** de 3 mois  
**Laboratoire** : National Institute of Informatics (Tokyo, Japon)  
**Équipe** : Inoue Laboratory (Prof. Katsumi Inoue)  
**Sujet** : Utilisation de programmation logique pour l'inférence de modèles
  - Octobre 2011 – octobre 2014 : **Doctorat** à l'École centrale de Nantes / IRCCyN
  - Avril 2011 – septembre 2011 : **Stage de master** à l'École centrale de Nantes  
**Laboratoire** : IRCCyN                      **Encadrants** : Olivier Roux & Morgan Magnin  
**Sujet** : Application de la logique de Hoare aux réseaux de régulation biologique
  - Mai 2010 – août 2011 : Stage de mi-études à l'EFDA-JET (Abingdon, Royaume-Uni)  
**Équipe** : Diagnostic                      **Encadrants** : Andrea Murari & Didier Mazon  
**Sujet** : Validation statistique du modèle des bobines magnétiques du tokamak

### **Participation à la communauté scientifique**

---

- Depuis novembre 2018 : Recruté sur un projet **Institut Français de Bioinformatique**  
**Intitulé** : Intégration et exploration de données biomédicales hétérogènes
- Novembre 2017 – octobre 2018 : Recruté sur un projet **Université Bretagne Loire**  
**Intitulé** : Modélisation des réseaux d'influence du TGF- $\beta$  lors de la progression tumorale pour l'identification de cibles thérapeutiques
- Septembre 2015 – août 2016 : Participation au **projet ANR « HyClock »**  
**Intitulé** : Modélisation formelle hybride du temps pour l'étude biologique et chronopharmacologique de l'horloge circadienne (Prof. Franck Delaunay)
- Décembre 2014 – août 2015 : Recruté sur le **projet ERC "Model Checking Unleashed"**  
**Objectif** : Étude de nouvelles méthodes de *model checking* pour la bioinformatique
- Octobre 2013 – septembre 2014 : Encadrement d'une **étudiante de master** à 50 %  
**Sujet** : Utilisation de la programmation logique pour l'analyse des réseaux biologiques
- Mars 2011 – novembre 2014 : Participation au **projet ANR blanc « Biotempo »**  
**Intitulé** : Représentations à l'aide de langage, de temps et de modèles hybrides pour l'analyse de modèles incomplets en biologie moléculaire (D.R. Anne Siegel)

- Août 2018 : **Review** pour la revue *PLOS One*
- Juin 2016 : **Review** pour le tool paper track de la conférence *CMSB'16*
- Juillet 2014 : **Review** pour un numéro spécial *CS2Bio* dans *Theoretical Computer Science*

## Enseignements

Avant 2019

- Septembre 2016 – Août 2017 : **ATER temps plein** soit **192 heures** équivalent TD à l'UFR Sciences et Techniques de Nantes (L1, L2, M1)
  - Algorithmique (8 h CM + 75 h TD + 33 h TD)
  - Systèmes d'information et modélisation Merise (20 h TD + 16 h TP)
  - Bases de données, SQL et PHP (32 h TP)
  - Logique pour l'informatique, Prolog (16 h TP)
  - Structures de données, complexité et C++ (16 h TP)
  - Préparation C2I (10 h TP)
- Septembre 2015 – Août 2016 : **ATER temps plein** soit **192 heures** équivalent TD à l'IUT de Nice-Fabron (L1 & L2)
  - Algorithmique (10 h TD)
  - Systèmes d'information & SQL (86 h TD + 99 h TP)
  - Environnement de travail numérique : utilisation du tableur (16 h TP)
- Octobre 2011 – Juin 2014 : **Trois avenants d'enseignement** au contrat doctoral (ex-monitorat) pour un total de **192 heures** à l'École centrale de Nantes (L3, M1, M2)
  - Algorithmique et langage C (18 h TD + 40 h TP)
  - Programmation orientée objet et Java (20 h TD + 64 h TP)
  - Systèmes d'information, modélisation Merise et SQL (4 h TD + 16 h TP)
  - Encadrements de projets d'étudiants (21 h)

## Compétences personnelles

- Langages informatiques : Answer set programming (programmation logique), OCaml, Python, Java, SQL, C, Gallina/Coq (assistant de preuve)
- Maîtrise de GNU/Linux et de l'interface en ligne de commande
- Langues : Français (langue maternelle), anglais (usage professionnel courant)

## Vie associative

- Février 2013, février 2014 et mai 2016 : Organisation de trois **séminaires d'initiation à Latex** de 6 à 12 heures destinés aux étudiants et aux permanents
- Novembre 2012 & février 2013 : Animation d'un **séminaire informel d'initiation à Coq** de deux séances pour un public curieux
- 2012 – 2013 : **Secrétaire** et **responsable informatique** de l'Association des Étudiants en Doctorat sur le campus de l'École centrale de Nantes

## 2 Liste des publications et communications

Tous les documents (articles, présentations, manuscrits) et leurs données supplémentaires sont téléchargeables depuis ma page personnelle : <http://maxime.folschette.fr/>.

### ■ Publications principales avec comité de lecture

#### Chapitre de livre

- Loïc Paulevé, Courtney Chancellor, **Maxime Folschette**, Morgan Magnin et Olivier Roux : Analyzing Large Network Dynamics with Process Hitting, *Logical Modeling of Biological Systems*, éditeurs : Luis Farinas del Cerro et Katsumi Inoue, Wiley-ISTE, août 2014, ISBN 978-1-84821-680-8.

#### Articles en revues internationales

- **Maxime Folschette**, Vincent Legagneux, Arnaud Poret, Lokmane Chebouba, Carito Guziolowski et Nathalie Théret : A pipeline to create predictive functional networks : application to the tumor progression of hepatocellular carcinoma, *BMC Bioinformatics*, Vol. 21, n° 18, janvier 2020, DOI 10.1186/s12859-019-3316-1.
- Emna Ben Abdallah, **Maxime Folschette**, Olivier Roux et Morgan Magnin : ASP-based method for the enumeration of attractors in non-deterministic synchronous and asynchronous multi-valued networks, *Algorithms for Molecular Biology*, série *Constraints in Bioinformatics*, Vol. 12, n° 1, août 2017, DOI 10.1186/s13015-017-0111-2.
- **Maxime Folschette**, Loïc Paulevé, Morgan Magnin et Olivier Roux : Sufficient Conditions for Reachability in Automata Networks with Priorities, *Theoretical Computer Science*, édition spéciale *From Computer Science to Biology and Back*, Vol. 608, partie 1, pages 66–83, Elsevier, septembre 2015, DOI 10.1016/j.tcs.2015.08.040.
  - Version étendue de l'article publié dans *CS2Bio'13*.
- **Maxime Folschette**, Loïc Paulevé, Katsumi Inoue, Morgan Magnin et Olivier Roux : Identification of Biological Regulatory Networks from Process Hitting models, *Theoretical Computer Science*, Vol. 586, pages 49–71, Elsevier, février 2015, DOI 10.1016/j.tcs.2014.12.002.
  - Version étendue de l'article publié dans *CMSB'12*.

#### Article dans une revue francophone

- Loïc Paulevé, **Maxime Folschette**, Morgan Magnin et Olivier Roux : Analyses statiques de la dynamique des réseaux d'automates indéterministes, *Technique et Science Informatiques* (TSI), Vol. 34, n° 4, pages 463–484, Lavoisier, 2015, DOI 10.3166/TSI.34.463-484.

#### Articles en conférences internationales avec comité de lecture et actes

- Tony Ribeiro, **Maxime Folschette**, Morgan Magnin, Olivier Roux et Katsumi Inoue : Learning Dynamics with Synchronous, Asynchronous and General Semantics, in *28<sup>th</sup> International Conference on Inductive Logic Programming (ILP'18)*, éditeurs : Fabrizio Riguzzi, Elena Bellodi et Riccardo Zese, *Lecture Notes in Computer Science*, Vol. 11105, septembre 2018, DOI 10.1007/978-3-319-99960-9\_8.

- Conférence de référence dans l'apprentissage par programmation logique inductive.
- Taux d'acceptation de la sélection LNCS : 42%.
- Jonathan Behaegel, Jean-Paul Comet et **Maxime Folschette** : Constraint Identification Using Modified Hoare Logic on Hybrid Models of Gene Networks, in : *International Symposium on Temporal Representation and Reasoning (TIME'17)*, éditeurs : Sven Schewe, Thomas Schneider et Jef Wijsen, *Leibniz International Proceedings in Informatics*, Vol. 90, octobre 2017, DOI 10.4230/LIPIcs.TIME.2017.5. ◦ Taux d'acceptation : 55 %.
- Tony Ribeiro, Sophie Tourret, **Maxime Folschette**, Morgan Magnin, Domenico Borzachiello, Francisco Chinesta, Olivier Roux et Katsumi Inoue : Learning Programs with Continuous Domains from State Transitions, in *27<sup>th</sup> International Conference on Inductive Logic Programming (ILP'17)*, éditeurs : Nicolas Lachiche et Christel Vrain, *Lecture Notes in Computer Science*, Vol. 10759, septembre 2017, DOI 10.1007/978-3-319-78090-0\_9.
  - Conférence de référence dans l'apprentissage par programmation logique inductive.
  - Taux d'acceptation des articles longs : 47%.
- Emna Ben Abdallah, **Maxime Folschette**, Morgan Magnin et Olivier Roux : Exhaustive analysis of dynamical properties of Biological Regulatory Networks with Answer Set Programming, *IEEE International Conference on Bioinformatics and Biomedicine (BIBM'15)*, pages 281–285, IEEE, novembre 2015, DOI 10.1109/BIBM.2015.7359694.
  - Taux d'acceptation : 38 %.
- **Maxime Folschette**, Loïc Paulevé, Katsumi Inoue, Morgan Magnin et Olivier Roux : Concretizing the process hitting into biological regulatory networks, in : *Computational Methods in Systems Biology (CMSB'12)*, éditeurs : David Gilbert et Monika Heiner, pages 166–186, Springer Berlin Heidelberg, octobre 2012, DOI 10.1007/978-3-642-33636-2\_11. ◦ Conférence de référence en biologie des systèmes.
  - Taux d'acceptation : 37 %.

#### Article en workshop international avec comité de lecture et actes

- **Maxime Folschette**, Loïc Paulevé, Morgan Magnin et Olivier Roux : Under-approximation of reachability in multivalued asynchronous networks, in : *Proceedings of the fourth International Workshop on Interactions between Computer Science and Biology (CS2Bio'13)*, éditeurs : Emanuela Merelli et Angelo Troina, *Electronic Notes in Theoretical Computer Science*, Vol. 299, pages 33–51, Springer, juin 2013, DOI 10.1016/j.entcs.2013.11.004.

## ■ Autres communications

#### Article en workshop international avec comité de lecture

- **Maxime Folschette**, Loïc Paulevé, Katsumi Inoue, Morgan Magnin et Olivier Roux : Abducing Biological Regulatory Networks from Process Hitting models, in : *ECML-PKDD 2012 Workshop on Learning and Discovery in Symbolic Systems Biology (LDSSB'12)*, organisateurs : Oliver Ray et Katsumi Inoue, pages 24–35, septembre 2012.

## Articles courts en écoles thématiques avec comité de lecture

- **Maxime Folschette** : Efficient analysis on very large models, *Modeling and Verifying Parallel Processes (MOVEP)*, session d'étudiants, pages 108–113, juin 2014, Nantes, France.
- **Maxime Folschette** : Introduction to the Process Hitting and inference of its underlying Biological Regulatory Network, *Advances in Systems and Synthetic Biology (ASSB)*, session d'étudiants, pages 43–52, mars 2013, La Colle-sur-Loup, France.
- **Maxime Folschette** : Inferring Biological Regulatory Networks from Process Hitting models, *Modeling and Verifying Parallel Processes (MOVEP)*, session d'étudiants, pages 91–97, décembre 2012, Marseille, France.

## Posters

- Alban Gaignard, Julie Thompson, Kirsley Chennen, **Maxime Folschette**, Jocelyn Laporte, Olivier Poch, Richard Redon, Hala Skaf-Molli, et l'ensemble du consortium INEX-MED : INEX-MED — Intégration et exploration de données biomédicales hétérogènes, assemblée générale de l'Institut français de bioinformatique, décembre 2018, Paris, France.
- **Maxime Folschette**, Anne Siegel, Vincent Legagneux, Carito Guziolowski et Nathalie Théret : Search of Therapeutic Targets in Metabolic Pathways of TGF- $\beta$  Using Graph Coloring Approaches, Journées Ouvertes Biologie, Informatique et Mathématiques 2018 (JOBIM), juillet 2018, Marseille, France.
- Jonathan Behaegel, Jean-Paul Comet et **Maxime Folschette** : A Hybridisation of the Genetically Modified Hoare Logic, 3<sup>e</sup> École thématique de Modélisation Formelle de Réseaux de Régulation Biologique, juin 2016, Porquerolles, France.
- **Maxime Folschette**, Martin Lange : A Fixed Point Logic for Checking Properties of Biological Systems, *Computational Methods in Systems Biology (CMSB'15)*, septembre 2015, Nantes, France.
- **Maxime Folschette** : Presentation of the Process Hitting framework and inference of Biological Regulatory Networks with Thomas parameters, 13<sup>e</sup> journée des doctorants de l'ED STIM (JDOC), avril 2013, Saint-Nazaire, France.

## ■ Thèses de doctorat et de master

### Thèse de doctorat

- **Maxime Folschette** : *Modélisation algébrique de la dynamique multi-échelles des réseaux de régulation biologique*, thèse de doctorat, École centrale de Nantes, octobre 2014, Nantes, France.

### Thèse de master

- **Maxime Folschette** : *Application de la logique de Hoare aux réseaux de régulation génétique avec multiplexes*, thèse de master, École centrale de Nantes, septembre 2011, Nantes, France.

## ■ Article en revue internationale dans un précédent thème de recherche : fusion nucléaire

- Andrea Murari, Didier Mazon, Michela Gelfusa, **Maxime Folschette**, Thibault Quilichini et contributeurs EFDA-JET : Residual analysis of the equilibrium reconstruction quality on JET, *Nuclear Fusion*, Vol. 51, n° 5, avril 2011, DOI 10.1088/0029-5515/51/5/053012.
  - *Impact factor* en 2011 : 4,090.