

1 Curriculum vitæ

Nom : **Maxime Folschette** maxime.folschette@france-bioinformatique.fr
Né le : 06/02/1988 à Melun (France) maxime.folschette@ls2n.fr
Site web : <http://maxime.folschette.name/>

Poste actuel (CDD 12 mois)

Ingénieur recherche à l'Institut Français de Bioinformatique (IFB) depuis novembre 2018
Laboratoire : Laboratoire des Sciences du Numérique de Nantes (LS2N)
Équipes : Gestion de Données Distribuées (GDD, Prof. Pascal Molli) &
Combinatoire et Bioinformatique (COMBI, Dr Damien Eveillard)

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 Régnier **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

- Depuis novembre 2018 : **Ingénieur recherche** à l'Institut Français de Bioinformatique
Laboratoire : Laboratoire des Sciences du Numérique de Nantes
Équipes : GDD (Prof. Pascal Molli) & COMBI (Dr Damien Eveillard)
- 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)
- 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)
- 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)
- 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)
- 21 octobre 2014 – 19 novembre 2014 : **Chercheur invité** pendant 1 mois
 et 1^{er} mars 2012 – 25 mai 2012 : **Stage doctoral** de 3 mois
 - Laboratoire** : National Institute of Informatics (Tokyo, Japon)
 - Équipe** : Inoue Laboratory (Prof. Katsumi Inoue)
- 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
 - Sujet** : Application de la logique de Hoare aux réseaux de régulation biologique
 - Laboratoire** : IRCCyN **Encadrants** : Olivier Roux & Morgan Magnin
- Mai 2010 – août 2011 : Stage de mi-études à l'EFDA-JET (Abingdon, Royaume-Uni)
 - Équipe** : Diagnostic **Encadrants** : Andrea Murari & Didier Mazon

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- β 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

- Septembre 2016 – Août 2017 : **ATER temps plein** soit **192 heures** équivalent TD à l'UFR Sciences et Techniques de Nantes (L1, L2, M1)

- Septembre 2015 – Août 2016 : **ATER temps plein** soit **192 heures** équivalent TD à l'IUT de Nice-Fabron (L1 & L2)
- 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)

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

Compétences personnelles

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

2 Liste des publications et communications

Outre mes soutenances de doctorat et de master, j'ai assuré les communications orales en anglais des publications en conférence, workshop et école thématique dont je suis premier auteur. Tous les documents (articles, présentations, manuscrits) sont téléchargeables depuis ma page personnelle : <http://maxime.folschette.name/>.

■ Publications principales avec comité de lecture (10)

Chapitre de livre (1)

- 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 (3)

- 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 (1)

- 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 (4)

- Tony Ribeiro, **Maxime Folschette**, Morgan Magnin, Olivier Roux et Katsumi Inoue : Learning Dynamics with Synchronous, Asynchronous and General Semantics, in *28th 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.
 - Taux d'acceptation de la sélection LNCS : 42%.

- Jonathan Behaegel, Jean-Paul Comet et **Maxime Folschette** : Constraint Generation on Gene Network Parameters Using Modified Hoare Logic, 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 Borzacchiello, Francisco Chinesta, Olivier Roux et Katsumi Inoue : Learning Programs with Continuous Domains from State Transitions, in *27th 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. ◦ 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. ◦ Taux d'acceptation : 37 %.

Article en workshop international avec comité de lecture et actes (1)

- **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.

Communications orales

- **Maxime Folschette** : Analysing Biological Networks with Exhaustive and Abstract Methods, *Journée MDSC 2016*, mai 2016, Nice, France.
- **Maxime Folschette** : Qualitative modeling and dynamical analysis of Biological Regulatory Networks using Asynchronous Automata Networks, *Séminaire MDSC*, septembre 2015, Sophia Antipolis, France.
- **Maxime Folschette** : Some Methods and Results on Biological Regulatory Networks, *FMV Oberseminar*, juin 2015, Kassel, Allemagne.
- **Maxime Folschette** : Modeling and analysis of large regulatory networks with the Process Hitting framework, *Lifeware Public Seminar*, avril 2015, Rocquencourt, France.
- **Maxime Folschette** : Algebraic Modeling of the Multi-Scale Dynamics of Biological Regulatory Networks, *FMV Oberseminar*, décembre 2014, Kassel, Allemagne.
- **Maxime Folschette** : Perturbations and Recovery Costs in Biological Regulatory Networks with Process Hitting, *KUBIC-NII Joint Seminar on Bioinformatics 2014*, novembre 2014, Kyoto, Japon.
- Yoshitaka Yamamoto, Morgan Magnin, **Maxime Folschette** : Towards the use of Process Hitting to tackle biological observations inconsistent with background knowledge, *The NII-Yamanashi-LRI Workshop*, octobre 2014, Orsay, France.
- Emna Ben Abdallah, **Maxime Folschette** : Exhaustive analysis of the dynamics of Process Hitting through Answer Set Programming, *The NII-Yamanashi-LRI Workshop*, octobre 2014, Orsay, France.
- Morgan Magnin, **Maxime Folschette**, Courtney Chancellor : Towards the analysis and inference of large biological models, *The 5th JFLI-NII-LRI Workshop on Formal Approaches for Modeling and Analyzing Biological Networks*, octobre 2013, Orsay, France.
- **Maxime Folschette** : The Process Hitting framework : a qualitative Bio-informatics modelling, *19^e Colloque de Recherche Inter-Écoles Centrales*, juin 2013, Nantes, France.
- **Maxime Folschette** : Concretizing Process Hitting models into Biological Regulatory Networks with Thomas' formalism using ASP, *Fourth CSPSAT & ASP Seminar*, mai 2012, Kobe, Japon.
- **Maxime Folschette** : Translating Process Hitting models to Thomas' modeling with ASP, *KUBIC-NII Joint Seminar on Bioinformatics 2012*, avril 2012, Kyoto, Japon.
- **Maxime Folschette** : Modeling and Analysis of Large Biological Regulatory Networks thanks to the Process Hitting Framework, *8th Meeting on Inference-based Hypothesis-finding and its Application to Systems Biology*, mars 2012, Kanazawa, Japon.

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- β 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^e 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^e 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.