

Simuler votre cerveau pour prédire Alzheimer 10 ans à l'avance

Connectome cérébral, modèles de champ neuronal moyen et propagation des protéines pathologiques

Pinel Baudelaire T. DAHOU

Data Scientist & IA | Ingénieur en Travaux Statistiques
tpinelDAHOU@gmail.com | github.com/Baudelaire12

30 Avril 2026

Série LinkedIn STEM au Quotidien — Jour 31/40

Plan de la présentation

- 1 Mise en contexte
- 2 Concepts clés
- 3 Développement mathématique
- 4 Cas pratique
- 5 Conclusion
- 6 Références

Le cerveau virtuel : cartographier pour comprendre et guérir

Chiffre clé

La maladie d'Alzheimer touche **55 millions** de personnes dans le monde (OMS, 2023). Les lésions cérébrales caractéristiques dépôts de protéine amyloïde- β et enchevêtrements de tau s'accumulent **15 à 20 ans** avant les premiers symptômes cliniques. Diagnostiquer et intervenir pendant cette phase préclinique silencieuse est l'enjeu majeur de la neurologie moderne.

- Le **Human Connectome Project** (NIH, 2009–2016) a cartographié le connectome de 1 200 sujets sains avec une résolution sans précédent — posant les bases des jumeaux numériques cérébraux.
- **The Virtual Brain** (TVB) plateforme open-source permet de construire un simulateur cérébral personnalisé à partir d'IRM de diffusion (DTI) en moins de 2 heures de calcul.
- En 2023, Schäfer et al. (*Nature Neuroscience*) ont prédit la trajectoire d'accumulation du tau dans Alzheimer avec une corrélation de $r = 0.72$ en utilisant la propagation sur le connectome.

Question centrale

Comment modéliser mathématiquement la dynamique oscillatoire du cerveau et la propagation des protéines pathologiques sur la carte de connectivité neuronale ?

Du connectome au jumeau numérique cérébral

Étapes de construction du jumeau numérique cérébral :

- ➊ **Acquisition IRM de diffusion (DTI)** → tractographie des faisceaux de fibres blanches
- ➋ **Parcellation cérébrale** : découpage en N régions d'intérêt (AAL : 90, DK : 68, Schaefer : 100–1000)
- ➌ **Matrice de connectivité structurelle $\mathbf{C} \in \mathbb{R}^{N \times N}$** : nombre de fibres entre régions i et j
- ➍ **Modèle de champ neuronal moyen (NMM)** : une EDO par région modélisant la dynamique locale
- ➎ **Couplage** : les régions s'influencent mutuellement selon $\mathbf{C}$ (équations couplées)
- ➏ **Calibration** : ajustement des paramètres sur EEG/IRMf du patient

Connectome — le câblage du cerveau

Le connectome humain contient $\sim 10^{11}$ neurones reliés par $\sim 10^{14} - 10^{15}$ synapses. À l'échelle macroscopique, 100 régions corticales reliées par des milliers de faisceaux de fibres blanches constituent le graphe d'entrée du jumeau numérique.

Modèle de Wilson-Cowan — Dynamique neuronale régionale

Modèle de champ neuronal moyen de Wilson-Cowan (1972) :

$$\tau_E \frac{dE_i}{dt} = -E_i + S \left(w_{EE} E_i - w_{EI} I_i + \sum_{j \neq i} C_{ij} E_j + P_i \right)$$

$$\tau_I \frac{dI_i}{dt} = -I_i + S(w_{IE} E_i - w_{II} I_i)$$

où E_i et I_i sont les activités des populations excitatrices et inhibitrices de la région i , $S(x) = 1/(1 + e^{-x})$ est la fonction sigmoïde, et C_{ij} est la connectivité structurelle.

Propagation des protéines tau sur le connectome (modèle de diffusion sur graphe) :

$$\frac{\partial \tau_i}{\partial t} = \alpha \tau_i (1 - \tau_i) - \beta \sum_j L_{ij} \tau_j$$

où τ_i est la concentration de protéines tau dans la région i , α le taux de croissance locale, β la vitesse de diffusion trans-synaptique, et $\mathbf{L} = \mathbf{D} - \mathbf{C}$ le laplacien du graphe.

Inférence bayésienne des paramètres du modèle

Problème inverse : estimer les paramètres θ à partir des données EEG observées y :

$$p(\theta | y) \propto p(y | \theta) \cdot p(\theta)$$

MCMC — Metropolis-Hastings pour l'échantillonnage de la postérieure :

$$A(\theta' | \theta) = \min \left(1, \frac{p(y | \theta') p(\theta')}{p(y | \theta) p(\theta)} \cdot \frac{q(\theta | \theta')}{q(\theta' | \theta)} \right)$$

Simulation neurologique et validation :

- EEG simulé vs. EEG mesuré : corrélation de la puissance spectrale par bande (delta, thêta, alpha, bêta, gamma)
- Synchronie inter-régionale : cohérence de phase simulée vs. cohérence IRMf au repos
- Propagation tau simulée vs. PET-scan tau longitudinal (validation clinique)

Performance (Schäfer et al., Nature Neuroscience, 2023)

Corrélation $r = 0.72$ entre trajectoire tau simulée et PET-scan tau à 2 ans — surpassant les modèles sans connectome ($r = 0.41$).

Cas pratique : The Virtual Brain et stimulation cérébrale

The Virtual Brain (TVB) — Plateforme open-source

Développé par Ritter (Charité Berlin) et Deco (Universitat Pompeu Fabra, Barcelone), TVB est utilisé par plus de **300 laboratoires** dans 50 pays. Il permet de simuler le cerveau entier en quelques minutes sur un ordinateur standard, d'explorer des pathologies (épilepsie, Alzheimer, schizophrénie) et d'optimiser des thérapies.

Applications cliniques en développement :

- **Épilepsie** : localiser virtuellement la zone épileptogène avant la chirurgie — validé sur 53 patients avec une précision de 82% (Jirsa et al., Brain, 2017)
- **Stimulation magnétique transcrânienne (TMS)** : optimiser les paramètres de stimulation pour la dépression résistante grâce au jumeau numérique
- **Traumatismes crâniens** : modéliser la récupération fonctionnelle post-lésion
- **Afrique** : Les traumatismes crâniens liés aux accidents de la route — 1ère cause de handicap neurologique en Afrique — constituent un terrain d'application prioritaire

Synthèse

Le jumeau numérique du cerveau transforme la neurologie d'une discipline d'observation en une science de simulation et de prédiction. En modélisant la dynamique du connectome et la propagation des protéines pathologiques, il ouvre la voie à une intervention précoce dans des maladies comme Alzheimer — aujourd'hui incurables faute de diagnostic précoce.

Perspectives africaines :

- Jumeaux numériques cérébraux basés sur EEG 64 canaux (plus accessibles que l'IRMf) pour les hôpitaux africains
- Modélisation des effets neurologiques de la malnutrition précoce et du paludisme cérébral — spécificités africaines
- Collaboration CIPMA – The Virtual Brain Consortium – APHRC (Nairobi) pour des jumeaux cérébraux africains
- Formation en neurosciences computationnelles et neuroimagerie (CIPMA, FSS/UAC, IMSP)

« Comprendre le cerveau en le simulant : la frontière ultime de la biologie computationnelle. »

Références bibliographiques

-  Schäfer, A., et al. (2023). Predicting brain atrophy from tau pathology : A summary of the longitudinal tau PET study. *Nature Neuroscience*, 26, 790–800.
-  Wilson, H. R., & Cowan, J. D. (1972). Excitatory and inhibitory interactions in localized populations of model neurons. *Biophysical Journal*, 12(1), 1–24.
-  Jirsa, V. K., et al. (2017). The virtual epileptic patient : Individualized whole-brain models of epilepsy spread. *NeuroImage*, 145, 377–388.
-  Ritter, P., Schirner, M., McIntosh, A. R., & Jirsa, V. K. (2013). The virtual brain integrates computational modeling and multimodal neuroimaging. *Brain Connectivity*, 3(2), 121–145.
-  Braak, H., & Braak, E. (1991). Neuropathological staging of Alzheimer-related changes. *Acta Neuropathologica*, 82(4), 239–259.
-  World Health Organization. (2023). *Dementia — Key Facts*. WHO.

Merci pour votre attention

Pinel Baudelaire T. DAHOUI

Data Scientist & IA | Ingénieur en Travaux Statistiques

`tpineldahoui@gmail.com | github.com/Baudelaire12`

LinkedIn : @Pinel Baudelaire DAHOUI

Série STEM au Quotidien — 40 jours