

Application BASTRI

Fiches Equipes

SIMBA (SR0956AR)

Inférence Statistique et Modélisation pour les Applications Biologiques
BIGS (SR0464QR) □ SIMBA

Statut: Décision signée

Responsable : Nicolas Champagnat

Mots-clés de "A - Thèmes de recherche en Sciences du numérique - 2024" : A3.1. Données, A3.2. Connaissances, A3.2.3. Inférence, A3.3. Analyse de données et de connaissances, A3.3.1. Analyse en ligne, A3.3.2. Fouille de données, A3.3.3. Analyse de données massives, A3.4.1. Apprentissage supervisé, A3.4.2. Apprentissage non supervisé, A3.4.5. Méthodes bayésiennes, A3.4.7. Méthodes à noyaux, A6.1. Outils mathématiques pour la modélisation, A6.1.1. Modélisation continue (EDP, EDO), A6.1.2. Modélisation stochastique, A6.1.3. Modélisation discrète (multi-agent, individus centrés), A6.1.4. Modélisation multiéchelle, A6.2. Calcul scientifique, analyse numérique et optimisation, A6.2.2. Probabilités numériques, A6.2.3. Méthodes probabilistes, A6.2.4. Méthodes statistiques

Mots-clés de "B - Autres sciences et domaines d'application - 2024" : B1. Sciences du vivant, B1.1. Biologie, B1.1.2. Biologie moléculaire et cellulaire, B1.1.4. Génétique et génomique, B1.1.6. Biologie évolutive, B1.1.8. Biologie mathématique, B1.1.10. Biologie des systèmes et biologie synthétique, B1.1.11. Biologie végétale, B2.2. Physiologie et pathologies, B2.2.1. Cardio-vasculaires et respiratoires, B2.2.3. Cancer, B2.3. Epidémiologie, B2.4. Thérapies, B2.4.2. Résistance aux médicaments

Domaine : Santé, biologie et planète numériques

Thème : Modélisation et commande pour le vivant

Période : 01/01/2024 -> 31/12/2027

Dates d'évaluation :

Etablissement(s) de rattachement : U. DE LORRAINE, CNRS

Laboratoire(s) partenaire(s) : IECL (UMR7502)

CRI : Centre Inria de l'Université de Lorraine

Localisation : Institut Élie Cartan de Lorraine – UMR 7502

Code structure Inria : 051114-0

Numéro RNSR : 202424506M

N° de structure Inria: SR0956AR

Présentation

SIMBA (Statistical Inference and Modeling for Biological Applications) est une équipe-projet commune Inria, Université de Lorraine et CNRS, hébergée à l'Institut Elie Cartan de Lorraine, laboratoire de Mathématiques de l'Université de Lorraine. C'est une équipe de chercheurs en mathématiques appliquées à la biologie et à la médecine, avec une large gamme d'expertise en modélisation et méthodes statistiques et stochastiques, pour des applications et en collaboration avec des chercheurs de l'INRAE, des CHRU de Nancy et Strasbourg, de l'Institut de Cancérologie de Lorraine, etc.

Axes de recherche

Nous sommes spécialistes des processus stochastiques, des modèles de dynamiques de populations structurées multi-échelle, de leurs limites d'échelles dans différents régimes motivés par la biologie (grande population, champ-moyen, moyennisation lent-rapide, temps long...) et de leur simulation numérique. Notre expertise en statistiques recouvre divers aspects de l'apprentissage statistique et de la régression (sélection de variables, goodness-of-fit...), de l'analyse de flux de données, détection de rupture, des modèles de réseaux (par exemple pour les réseaux de gènes) et des questions d'inférence pour des classes de processus importants en biologie, comme les processus de Markov déterministes par morceaux.

Parmi les applications marquantes de l'équipe, nous nous intéressons en oncologie à la modélisation de la croissance tumorale, à l'inférence de l'hétérogénéité tumorale à partir de données génétiques et à la construction d'outils d'aide à la décision pour l'évolution de tumeurs. Nous étudions l'évolution des longueurs des télomères chez l'homme ou chez d'autres

Contact

- **Responsable :** Nicolas Champagnat
- **Tél :** 03.72.74.54.03
- **Secrétariat Tél :** 03.88.59.20.89

En savoir plus

- Site de l'équipe
- Site sur inria.fr
- Site du responsable
- Derniers Rapports d'Activité :

Documents sur la structure

- Intranet
- Privés

Décisions

- 16714 (21/12/2023) : création

Localisation

- **Adresse postale :** IECL
Campus Aiguillettes BP 70239
54506 Vandoeuvre Les Nancy
France
- **Coordonnées GPS :** Non renseignées

organismes comme les levures ou les coraux. Nous nous intéressons à l'expression stochastique des gènes en lien avec l'analyse des données transcriptomiques en cellules uniques. Nous appliquons également nos modèles en épidémiologie, notamment végétale avec l'étude de l'invasion en France d'une maladie du frêne, la chalarose.

Relations industrielles et internationales

Nous avons développé un réseau de collaborations internationales et industrielles, parmi lesquelles on peut citer:

- En Biologie : Nan Papili Gao (ETH Zürich), Pablo Marquet (Pontificia Univ. Católica de Chile), Sebastian Schreiber (UC Davis)
- En Mathématiques : Michel Benaïm (Univ. Neuchâtel), Anton Bovier (Univ. Bonn), Alex Cox (Univ. Bath), Alexandru Hening (Tufts Univ.), Pierre-Emmanuel Jabin (Penn State Univ.), Svante Janson (Uppsala Univ.), Martin Kolb (Univ. Paderborn), Andreas Kyprianou (Univ. Bath), Cristobal Quinao (Univ. O'Higgins), Cécile Mailler (Univ. Bath), Rolando Rebolledo (Univ. Valparaíso), Paavo Salminen (Turku Univ.), Sebastian Schreiber (UC Davis), Leonardo Videla (Univ. Santiago de Chile)
- Collaborations industrielles à Nancy, Strasbourg, Lyon : Emosis Diagnostics, Deep river, Vidium