

# 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" :** *Aucun mot-clé.*

**Mots-clés de "B - Autres sciences et domaines d'application - 2024" :** *Aucun mot-clé.*

**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 :** Centre Inria de l'Université de Lorraine  
**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 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

### 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](http://inria.fr)
- Site du responsable
- Derniers Rapports d'Activité :

### Documents sur la structure

- Intranet
- Privés

### Décisions

- **16714** (21/12/2023) : création

### Localisation

- **Adresse postale :** Centre Inria de l'Université de Lorraine, 615 rue du Jardin Botanique, 54600 Villers-lès-Nancy France
- **Coordonnées GPS :** 48.666, 6.157

(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. Valparaiso), 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