Présentation de l'unité MIAT

TOULOUSE

http://miat.inrae.fr

Assemblée Générale du département MathNum

RÉPUBLIQUE FRANÇAISE
Liberté
Égalité
Fraternité

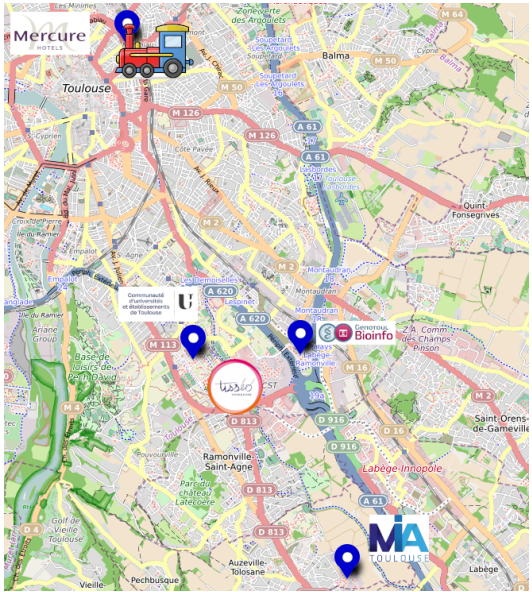
INRAE

8 octobre 2026

MIAT: Mathématiques et Informatique Appliquées de Toulouse

Unité propre INRAE

- Centre INRAE Occitanie-Toulouse
- Département MathNum



Organigramme

- 42 permanents
- 16 non permanents (11 docs/postdocs)
- 1 MCF en délégation et une CPJ à venir...
- 24 doctorant·e·s (co)-encadré·e·s

Nos expertises

Chercheur·se·s en : Mathématiques - Informatique - Économie pour le vivant (des échelles microscopiques - biologie moléculaire, à macroscopie - agro-éco-systèmes)

Nos expertises

Chercheur·se·s en : Mathématiques - Informatique - Économie pour le vivant (des échelles microscopiques - biologie moléculaire, à macroscopie - agro-éco-systèmes)

Expertises :

- intelligence artificielle
- optimisation discrète, apprentissage neurosymbolique
- apprentissage automatique, statistique (dont statistique computationnelle), apprentissage par renforcement
- modélisation et simulation (dont modélisation multi-agents et modélisation mécaniste)
- bioinformatique, algorithmique du texte

Nos expertises

Chercheur·se·s en : Mathématiques - Informatique - Économie pour le vivant (des échelles microscopiques - biologie moléculaire, à macroscopie - agro-éco-systèmes)

Expertises :

- intelligence artificielle
- optimisation discrète, apprentissage neurosymbolique
- apprentissage automatique, statistique (dont statistique computationnelle), apprentissage par renforcement
- modélisation et simulation (dont modélisation multi-agents et modélisation mécaniste)
- bioinformatique, algorithmique du texte

Ingénierie : développement logiciel, développement et administration systèmes de calcul

Axe Statistique et APprentissage

ASAP

Objectifs scientifiques : Développer des méthodes statistiques et d'apprentissage pour répondre à des questions en biologie et écologie

Expertises : processus stochastiques, modèles graphiques, apprentissage statistique (dont méthodes à noyau et réseaux de neurones)

Axe Statistique et APprentissage

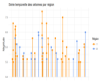
ASAP

Expertise et visibilité internationale sur les H(S)MM. Enjeux de formalisation, inférence, passage à l'échelle.

Cancer

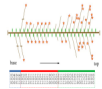
- phases rémission et rechute
- biomarqueur

Séismes



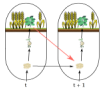
- périodes faible/forte activité sismique
- séismes

Arbres fruitiers



- phases de développement
- floraison

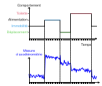
Plantes annuelles



Migration des oiseaux

- trajectoires des oiseaux
- comptages d'oiseaux

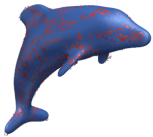
Comportement des cervidés

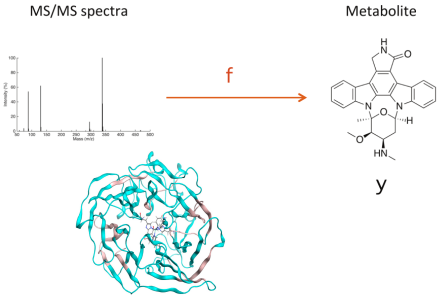


Axe Statistique et APprentissage

ASAP

Méthodes à noyau et réseaux de neurones pour des données non vectorielles (graphes, formes, données discrètes, signaux)





Enjeux finalisés pour : nouvelles technologies de séquençage (données Nanopore, transcriptomiques spatiales, ...) – liens BioComp

Enjeux méthodologiques : développement de nouveaux paradigmes d'apprentissage (DL, apprentissage multi-instances, ...)

Axe Biologie Computationnelle

BioComp

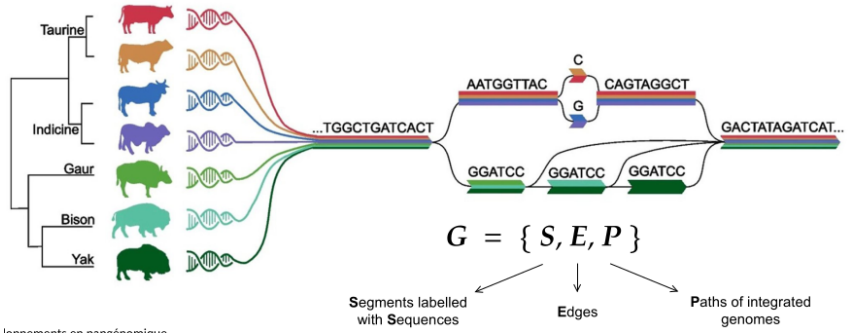
Objectifs scientifiques : Développer des méthodes et des outils finalisés pour décrypter la complexité du vivant depuis l'échelle moléculaire jusqu'aux traits phénotypiques

Expertises : algorithmique du texte (dont pangénomique), biologie des systèmes, intégration de données omiques (en particulier, Hi-C, épitranscriptomique, transcriptomique à cellules uniques...)

Axe Biologie Computationnelle

BioComp

Un nouveau paradigme : la pangénomique (PanGWAS, PanQueSt)

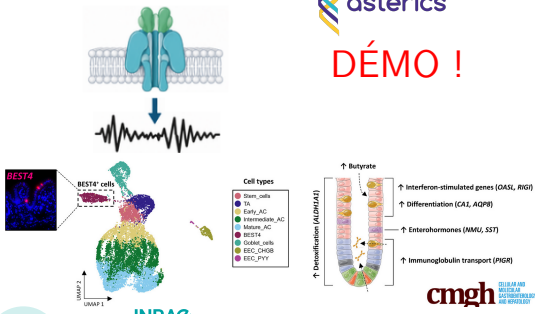


Enjeux : passage à l'échelle des requêtes, approches k-mers, GWAS sur graphe de pangénome

Axe Biologie Computationnelle

BioComp

Développer des méthodes (statistique, ML, biologie des systèmes) pour les nouvelles technologies d'acquisition de données et pour modéliser les mécanismes de régulation (AgroDiv, DEMETER, DYNAMENT, BEST4MUCUS, MAMBO)



Enjeux finalisés en : compréhension des mécanismes biologiques expliquant des résistance chez les plantes et les animaux (régulation, diversité cellulaire), biocontrôle/biostimulation

Enjeux méthodologiques : données spatialisées (transcriptomique spatiale, Hi-C), modèles multi-échelles (intégration) et plante entière

Agents Décisionnels

DecA

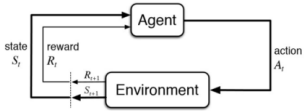
Objectifs scientifiques : simuler et modéliser les comportements sociaux pour expliquer et décider

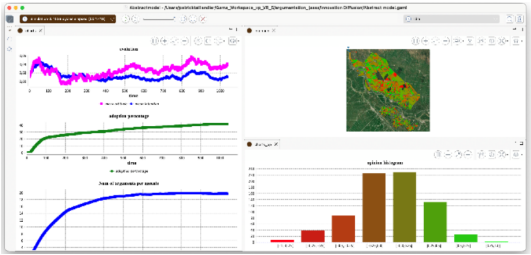
Expertises : modélisation multi-agents, apprentissage par renforcement, modélisation dans l'incertain, théorie des jeux

Axe Agents Décisionnels

DecA

(PEPR FORRESTT, PEPR SOLUBIOD, XRisks)





Enjeux finalisés en : modélisation des comportements pour l'adoption d'innovation en agriculture, gestion des risques

Enjeux méthodologiques : modélisation à une échelle collective, AR observationnel, agents LLM,

réalité virtuelle DÉMO !

Axe Optimisation pour les sciences du vivant

OpTeam

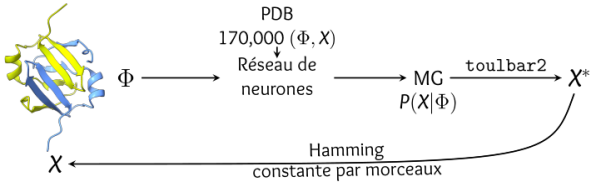
Objectifs scientifiques : développer des méthodes d'optimisation combinatoire pour les sciences du vivant

Expertises : réseaux de fonctions de coûts, IA neurosymbolique, modèles de diffusion, design de protéines

Axe Optimisation pour les sciences du vivant

OpTeam

NanoBioCat, Chaire ANITI HEROIC, GMLas

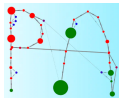


Enjeux méthodologiques : hybridation méthodes d'optimisation discrète et d'apprentissage automatique, passage à l'échelle et efficacité

Notre plateforme Genotoul-Bioinfo en soutien à l'ensemble de la communauté nationale

Missions : Offre de services et d'appui aux communautés en bioinformatique hors MathNum

- un des plus gros clusters ouverts en bioinformatique de France
- plus de 1400 utilisateurs
- partenaire dans $\simeq$ 20 projets d'analyse en bioinformatique et biostatistique par an
- 12 logiciels développés et maintenus



asterics

DEMO !

Objectifs prioritaires : Développer la pangénomique, la métagénomique, l'intégration de données omiques

QUESTIONS

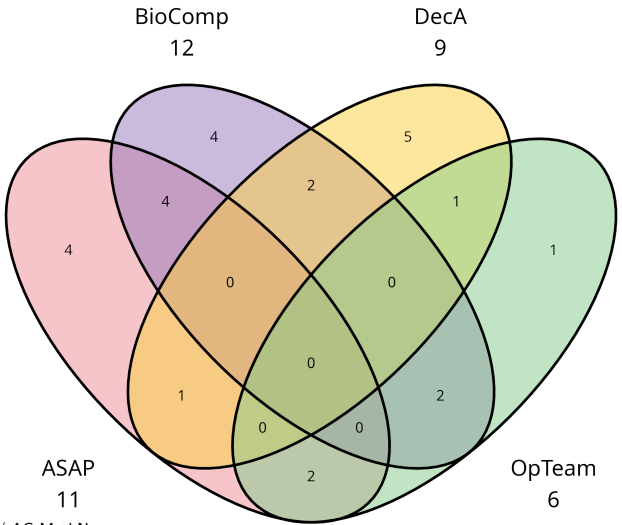
Présentation du projet de l'UPR MIAT

Références images

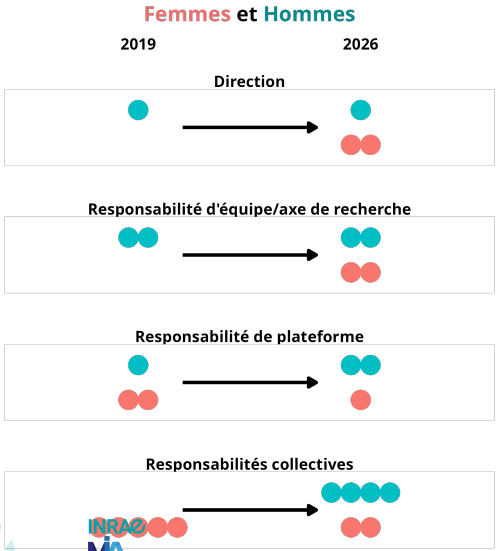
- Dessin de train : https://www.vectorportal.com
- Maïs : USDA photo by Keith Weller.
  https://www.flickr.com/photos/usdagov/845582175
- Protéine : Vara104 Protein_design (wikimedia commons)
  https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Protein_design.png
- DNA strand : https://www.vectorportal.com
- Plante : https://www.vectorportal.com
- Logo déménagement :
  https://fr.vecteezy.com/vecteur-libre/construction
- Logo serveur : https://www.vectorportal.com

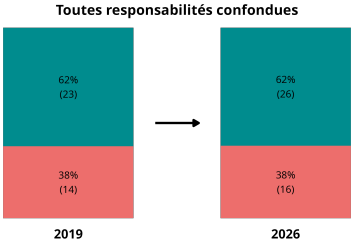
Une organisation thématique et flexible

$\simeq$ 12 double appartenances (sur 26)



Plus de mixité dans les responsabilités de direction





Transfert

AMINEO
AI-powered Protein Design

Startup fondée en partie sur le logiciel toulbar2 pour le design de protéines (partenariats avec des PME liées aux biotechnologies)

Cifre

- PSA **[confidentiel]**
- Pierre-Fabre Dermo Cosmétique (suivie d'un CDI) **[confidentiel]**

Aide aux politiques publiques dans la gestion de la pandémie Covid 19 au Vietnam

- utilisation de toulbar2 chez Airbus **[confidentiel]**
- utilisation d'Asterics chez PFDC **[confidentiel]**

Actions en direction du grand public et de la formation

SALON INTERNATIONAL DE L'AGRICULTURE

Formation

- EDEN
- Interventions dans des masters sur Toulouse + $\simeq$ 10 stagiaires / an
- Importante activité de formation continue de Genotoul-Bioinfo & sur Git

p. 21