

➤ Présentation de l'unité MIAT



Assemblée Générale du département MathNum



RÉPUBLIQUE
FRANÇAISE

*Liberté
Égalité
Fraternité*

INRAE

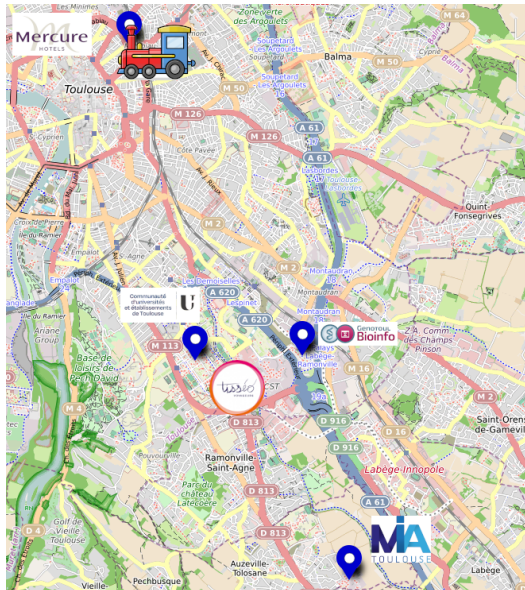
8 octobre 2026

MIAT: Mathématiques et Informatique Appliquées de Toulouse

Unité propre INRAE

► Centre INRAE Occitanie-Toulouse

► Département
MathNum



Organigramme



Direction

DU : Nathalie Vialaneix, DR
DUAz : Christophe Klopp, IR,
Nathalie Peyrard, DR

Équipe administrative

Benjamine Nguyen Van Thanh, TR
Bérengère Pena-Arnaud, TR
Nathalie Pham, CDD
Samia Errachedy, AI

Équipe informatique

Florent Blaise, IE
Mikael Grialou, TR

Équipe de recherche

11 CR, 8 DR, 9 Doctorant(e)s, 1 IE, 4 IR, 3 Postdocs, 1 Apprentie, 1 MCF

Axes de recherche

ASAP

Statistique et apprentissage
Responsable : Nathalie Peyrard, DR

IR — David Allouche
CR — Céline Brouard
Doctorant — Mathis Campredon
MCF — Antoine Channarond (en délégation)
CR — Benjamin Charlier
CR — Sébastien Coube-Siquelle
Postdoc — Pierre Cry
CR — Céline Delmas
IE — Élise Maigné
Doctorant — Alexis Mergez
Postdoc — Mimoun Mohamed
DR — Nathalie Peyrard (resp.)
CR — Sandra Planckade
Doctorante — Emma Rodriguez
DR — Thomas Schiex
Doctorant — Mathieu Valdeyron
DR — Nathalie Vialaneix

BioComp

Biologie computationnelle
Responsable : Christine Gaspin, DR

Apprentie — Lauriana Be Manantsoa
CR — Céline Brouard
IR — Samuel Buchet
Postdoc — Xian Hui Chang
MCF — Antoine Channarond (en délégation)
CR — Simon de Givry
DR — Frédéric Garcia
DR — Christine Gaspin (resp.)
IR — Anne Goelzer
IR — Sylvain Jasson
CR — Benjamin Linard
IE — Élise Maigné
Doctorant — Alexis Mergez
Doctorante — Emma Rodriguez
DR — Nathalie Vialaneix
DR — Matthias Zyttricki

DecA

Agents décisionnels
Responsable : Patrick Taillandier, DR

CR — Stéphane Couture
DR — Frédéric Garcia
IR — Anne Goelzer
IR — Sylvain Jasson
Doctorant — Alexandre Lhuisset
Doctorant — Madita Prasanna
CR — Gauthier Quessel
DR — Régis Sabbadin
CR — Leo Saulières
DR — Patrick Taillandier (resp.)
CR — Meribell Vinyals

OpTeam

Optimisation pour les sciences du vivant
Responsable : Simon de Givry, CR

IR — David Allouche
Doctorant — Bessam Azizi
IR — Samuel Buchet
CR — Benjamin Charlier
CR — Simon de Givry (resp.)
Doctorant — Coralie Marchau
Postdoc — Mimoun Mohamed
CR — Gauthier Quessel
DR — Thomas Schiex
Doctorant — Gaudio Seva

Plateformes

Genotoul Bioinfo

Responsables : Claire Hoede, IR & Matthias Zyttricki, DR

IE — Florent Blaise
IE — Philippe Bordon (BioComp)
IR — Nicolas Enjalbert Couvrech
DR — Christine Gaspin (BioComp)
CDD — Maya Gawinowski
IE — Fabien Graziani
IR — Claire Hoede (resp.)
IR — Christophe Klopp

IE — Didier Laborie
CDD — Théo Moser
CDD — Martin Rascopeau
IE — Philippe Ruiz
IE — Marie-Stéphane Trotard
DR — Nathalie Vialaneix (ASAP, BioComp)
DR — Matthias Zyttricki (resp.)

RECORD

Responsable : Roman Tripos, IR

IE — Estelle Ancelet
IE — Eric Casellas
IR — Patrick Chabrier
IR — Nathalie Rousseau
IR — Roman Tripos (resp.) (ASAP)

Signae

IR — Christophe Klopp

- 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



MAJ 10/09/2026

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



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

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



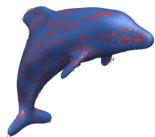
- trajectoires des oiseaux
- comptages d'oiseaux

Comportement des cervidés

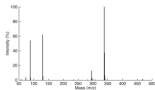


➤ Axe Statistique et APprentissage

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

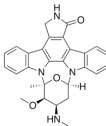


MS/MS spectra

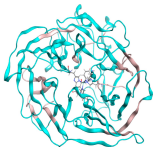


f

Metabolite



y



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, ...)

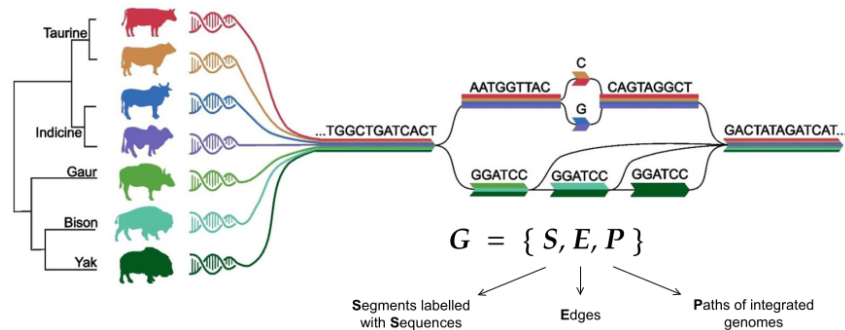


Objectifs scientifiques : Développer des méthodes et des outils finalisés pour décrypter la complexité du vivant depuis l'échelle moléculaire jusqu'aux traits phénotypiques

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

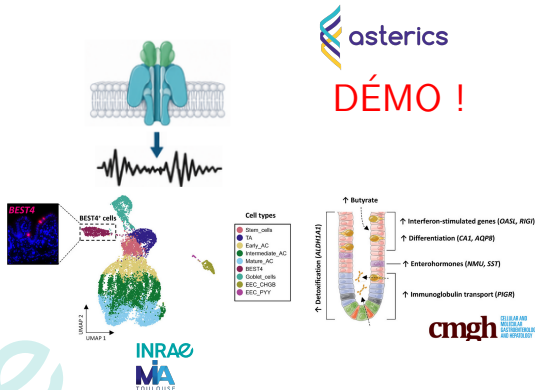
Un nouveau paradigme : la **pangénomique** (PanGWAS, PanQueSt)



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

➤ Axe Biologie Computationnelle

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



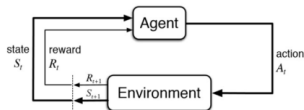
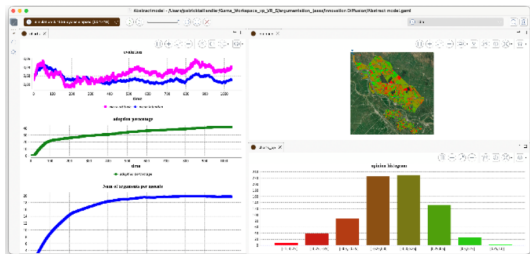
Objectifs scientifiques : simuler et modéliser les comportements sociaux pour expliquer et décider

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

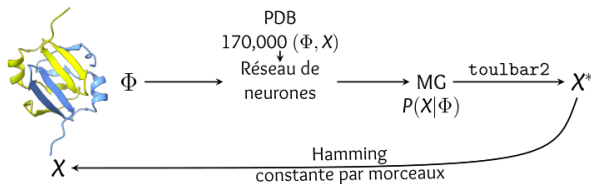
Objectifs scientifiques : développer des méthodes d'optimisation combinatoire pour les sciences du vivant

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





NanoBioCat, Chaire ANITI HEROIC, GMLas



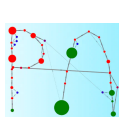
Enjeux méthodologiques : hybridation méthodes d'optimisation discrète et d'apprentissage automatique, passage à l'échelle et efficacité

➤ 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  **Genotoul
Bioinfo**

- ▶ 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



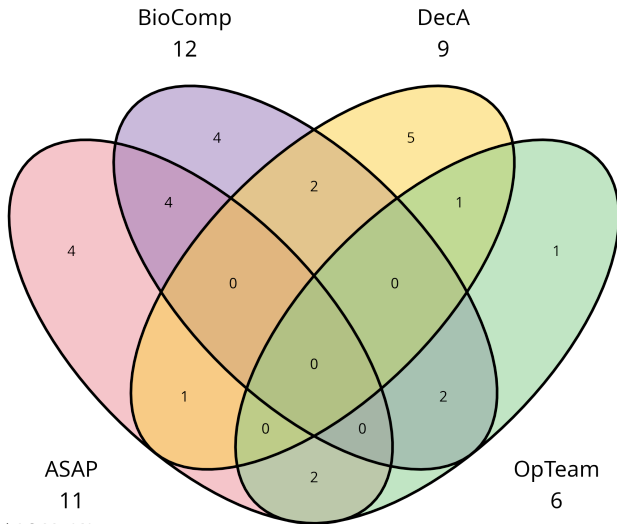
➤ Références images

- ▶ 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)





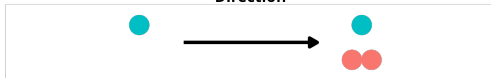
Plus de mixité dans les responsabilités de direction

Femmes et Hommes

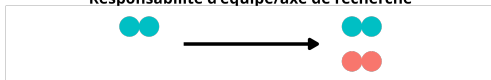
2019

2026

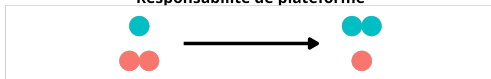
Direction



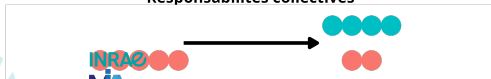
Responsabilité d'équipe/axe de recherche



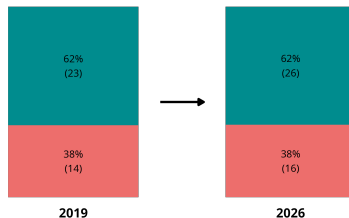
Responsabilité de plateforme



Responsabilités collectives



Toutes responsabilités confondues



➤ Transfert



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



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



8 octobre 2026 / AG MathNum



- ▶ PSA **[confidentiel]**
- ▶ Pierre-Fabre Dermo Cosmétique (suivie d'un CDI) **[confidentiel]**
- ▶ utilisation de toulbar2 chez Airbus **[confidentiel]**
- ▶ utilisation d'Asterics chez PFDC **[confidentiel]**

➤ Actions en direction du grand public et de la formation



Formation

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