

Titres et abstract des exposés

Etienne Auclair, Nathalie Peyrard, Régis Sabbadin (Inra de Toulouse)
Apprentissage de la structure d'un réseau bayésien dynamique étiqueté, avec information a priori sur une structure en communauté

La question de l'apprentissage des interactions entre plusieurs processus dynamiques se pose fréquemment en écologie ou en sciences humaines. Cependant, elle reste difficile à résoudre car, contrairement à d'autres domaines comme la bio-informatique, les données sont rares. Par contre, on dispose de la connaissance des experts du domaine. Cette connaissance peut être sur les différents types de mécanismes qui pilotent les processus ou sur la structure du réseau d'interaction.

Nous proposons un cadre original, combinant les réseaux bayésiens dynamiques avec structure à arêtes étiquetées, le stochastic block model et la programmation linéaire 0-1, qui permet d'améliorer les résultats d'apprentissage en intégrant ces deux types de connaissances expertes. L'approche est illustrée sur un problème d'apprentissage d'un réseau d'interactions écologiques.

Pré-requis : L'exposé sera accessible à toute personne ayant les bases en probabilité et statistique. Des notions sur les réseaux bayésiens peuvent aider.

Simon Boitard, Bertrand Servin (Inra de Toulouse)
Estimation de l'histoire évolutive d'une espèce à partir de séquences génomiques

Les séquences d'ADN d'individus modernes issus d'une même espèce contiennent de nombreuses informations sur l'histoire évolutive de cette espèce. En effet, les patrons de diversité génétique observés parmi ces individus ont été influencés par les divers événements évolutifs qu'a traversés l'espèce : divergences et fusions de populations, migrations entre populations, expansions ou déclin démographiques ...

Un objectif central de la génétique des populations est de construire des procédures statistiques permettant de reconstruire ces événements passés à partir de séquences d'ADN. Bien que les modèles stochastiques décrivant ces processus évolutifs sont connus depuis longtemps, le développement de procédures statistiques permettant d'estimer les paramètres de ces modèles

est une question difficile, car la vraisemblance ne peut généralement pas être écrite de manière analytique, et car les espaces d'état des paramètres et des données sont de très grande dimension. Dans notre exposé, nous passerons en revue les différentes stratégies mises en oeuvre dans ce contexte, en nous concentrant sur une question spécifique : l'estimation de changements de taille passés dans une population isolée.

Pré-requis : Connaissances de base en probabilités et statistiques (notion d'estimation, vraisemblance, lois de probabilités usuelles, chaînes de Markov ...). A priori accessible à un public très large (mathématiques / informatique / biologie).

Patrick Cattiaux, Fanny Delebecque (Institut de mathématiques de Toulouse)
Quelques modèles de déplacements collectifs – Exposé et atelier

La présentation a pour objectif de présenter plusieurs modèles de comportement collectif pour des déplacements d'un grand nombre d'individus. On s'intéressera en particulier à la notion de Flocking pour des modèles d'alignement de type Cucker-Smale, déterministes, aléatoires et à retard.

L'atelier consistera en la mise en oeuvre de quelques modèles.

Pré-requis : La présentation et les ateliers seront accessibles au plus grand nombre, néanmoins, des notions de base en équations différentielles, probabilités de base et de programmation en Scilab sont souhaitables.

Pierre Neuvial (Institut de mathématiques de Toulouse)
Introduction aux tests multiples en biologie et médecine

Cet exposé propose, à partir d'exemples concrets en génomique et en neuroimagerie, une introduction à la notion de test multiple. Nous présentons quelques-unes des mesures de risque couramment utilisées ainsi que les méthodes permettant de contrôler ces risques.

Nous donnons également un aperçu de quelques directions de recherche actuelles dans ce domaine: en particulier, la prise en compte (i) du caractère ex-

ploratoire des problèmes de tests multiples et (ii) de certaines propriétés intrinsèques des données biomédicales, comme leur caractère multi-échelle.

Pré-requis : tests statistiques.

Nathalie Souf (IRIT- UPS Toulouse, Castres)

Gestion des données médicales et personnalisation

La présentation a pour objectif de présenter des enjeux actuels pour la gestion de données dans le domaine de la médecine personnalisée.

Proposer une médecine 4P : Prédicative, Préventive, Personnalisée et Participative apparaît comme l'un des enjeux actuels pour faire évoluer les soins. La médecine personnalisée répond à un besoin de cibler au mieux traitements, diagnostics et suivi de chaque patient. Nous tenterons dans cet exposé de souligner des pistes de recherche dans le domaine de l'ingénierie de l'informatique médicale permettant d'appréhender de tels enjeux. Nous aborderons quelques spécificités des bases de données médicales et présenterons quelques travaux dans le domaine de la science des données ou de l'Internet des Objets. nature.

Pré-requis : a priori accessible à un public très large
(Informatique/Mathématiques/Biologie)