**Retour sur le workshop croisé Mathématiques et Biologie**

La journée scientifique consacrée aux interfaces entre mathématiques et biologie (8 avril 2025, UPVD), organisé par les laboratoires [LAMPS](%28https%3A/lamps.univ-perp.fr) et IHPE a déroulé un programme dense et cohérent qui a mis en lumière la puissance de la modélisation pour décrypter des phénomènes vivants très variés.

[Francesco Bonaldi](https://francescobonaldi.weebly.com/) a rappelé combien la rigueur des équations issues de la mécanique et de l’analyse numérique permet de structurer les questions posées par les biologistes.

[Hassan Maatouk](https://lamps.univ-perp.fr/membres/hassan-maatouk) a ensuite montré, à travers plusieurs jeux de données complexes, qu’un cadre statistique bayésien bien conçu peut extraire un signal pertinent au-delà du bruit expérimental.

[Mircea T. Sofonea](https://www.umontpellier.fr/articles/mircea-sofonea-la-modelisation-est-une-forme-danalyse-quantitative-de-donnees-comme-une-autre-non-une-pratique-divinatoire) a poursuivi en illustrant la façon dont la dynamique évolutive des pathogènes, saisie à l’échelle intra-hôte, rejaillit sur les trajectoires épidémiologiques à l’échelle des populations.

[Marie-Agnès Travers](https://ihpe.fr/ihpe-travers-marie-agnes/) a transporté l’auditoire vers les modelisation des maladies en bassins ostréicoles, où l’évolution d’un vibrion marin dépend finement de la température et des pratiques d’élevage.

[Constanze Ciavarella](https://www.linkedin.com/in/constanze-ciavarella/?originalSubdomain=fr) a raconté comment l’intégration de données d’essais cliniques et de modèles de transmission éclaire la mise au point de nouveaux traitements contre le paludisme à *P. vivax*.

[Romain Bertrand](https://crbe.cnrs.fr/annuaire/bertrand), collaborateur d’Annia Alba, a clôturé la matinée en décrivant la façon dont un modèle mécaniste des niches et des dispersions permet d’anticiper les futures redistributions d’espèces soumises au changement climatique.

[Bastien Reyné](https://www.linkedin.com/in/breyne/?originalSubdomain=fr) a illustré l’impact du moment d’apparition d’un mutant sur la trajectoire d’une épidémie, rappelant que la chronologie des événements évolutifs compte autant que leurs probabilités.

[Annia Alba](https://ihpe.fr/ihpe-alba-menendez-annia/) a déroulé le fil du projet InvaSnail, qui combine observations de terrain, expérimentations et modélisation pour comprendre l’expansion d’escargots vecteurs de parasites.

[Bart Haegeman](http://bart.haegeman.free.fr/) a montré comment les « gene drives » pourraient, à terme, perturber le cycle de la schistosomiase en ciblant les chromosomes sexuels.

Au fil des exposés, un motif récurrent est apparu : la nécessité d’articuler plusieurs niveaux d’organisation biologique - du gène à l’écosystème - dans un même cadre mathématique, afin de concevoir des stratégies de contrôle robustes basées sur l’écologie/biologie prédictive.

Les discussions ont fait émerger l’idée qu’une Chaire de Professeur Junior dédiée à la « modélisation intégrée des dynamiques éco-épidémiologiques » serait un instrument idéal pour consolider ces synergies. Elle pourrait fédérer les compétences méthodologiques du laboratoire de mathématiques avec les questions appliquées portées par les laboratoires de biologie ; former des étudiants à l’interface des disciplines ; et attirer des financements structurants autour d’objectifs concrets tels que la santé des écosystèmes aquacoles, le contrôle des maladies réémergentes et plus généralement la gestion des parasites. La journée s’achève donc sur la conviction partagée qu’un tel projet entre le LAMPS et l’IHPE offrirait au site une visibilité internationale durable tout en répondant à des enjeux sociétaux majeurs.

Intervenants:

**Francesco Bonaldi** | Maître de conférences, LAMPS. Spécialiste des méthodes numériques en mécanique du continuum et en simulations multi-physiques.

**Hassan Maatouk** | Maître de conférences, LAMPS. Travaille sur les processus gaussiens contraints et l’estimation bayésienne pour jeux de données massifs.

**Mircea T. Sofonea** | Maître de conférences, UM. UMR *Pathogenesis and Control of Chronic and Emerging Infections* (PCCEI, U1058) - Univ. Montpellier, INSERM. Épidémiologie évolutive (Ebola, HPV, SARS-CoV-2), intégration polymorphisme–politiques de santé.

**Marie-Agnès Travers** | Chercheuse IFREMER, UMR IHPE. Microbiologie marine ; mortalités d’huîtres liées à *Vibrio aestuarianus* et surveillance nationale (LNR Mollusques).

**Constanze****Ciavarella** | Modélisatrice, PCCEI. Modèles individu-centrés & essais cliniques pour le paludisme *P. vivax*, mobilité humaine, diagnostics sérologiques. ExposUM Fellowship 2024 : Modelling the role of heterogeneity in the transmission of infectious diseases

**Romain Bertrand** | UMR CRBE – CNRS (Toulouse). Tenure-track « CPJ » en écologie fonctionnelle ; base de données spatio-temporelles pour prédire les redistributions d’espèces.

**Bastien Reyné** | Post-doc UMR SISTM – Bordeaux Population Health. Modélisation intra-hôte (VHB) et dynamique évolutive des variants SARS-CoV-2.

**Annia Alba** | Chercheuse CNRS, UMR IHPE. Interactions hôte–parasite (fasciolose) et niche écologique des escargots invasifs. ExposUM Fellowship 2023 : Biological invasions, climate change and trematodiasis in Occitania: a vector centered One Health approach for assessing risks and interventions on snail-borne zoonosis (InvaSnails).

**Bart Haegeman** | Chercheur CNRS, UMR LOMIC. Théorie des communautés et modèles.

Nos remerciements à Serge Dumont, directeur du LAMPS, pour l’accueil, à Robert Brouzet et Mircea Sofonea (LAMPS) et Christoph Grunau (IHPE) pour l’organisation et à Nadia Tahri-Roe, Diane Merceron et Camille Gonter pour la préparation et gestion.