

approche remarquable pour obtenir des opérateurs sans sous-espace invariant non trivial sur des espaces classiques comme ℓ_1 ou c_0 , et même un opérateur sans fermé invariant non trivial sur ℓ_1 . Ce problème du sous-espace invariant, toujours ouvert aujourd'hui dans le cadre hilbertien, le hantera toute sa vie : en août 2015, il annonçait¹ lors d'un congrès à l'Institut Fields avoir construit (en collaboration avec Eva Gallardo-Gutiérrez) un opérateur T sur ℓ_1 tel que pour tout polynôme non constant p ,

$p(T)$ a un sous-espace invariant non trivial.

Charles Read a également apporté des contributions frappantes à la théorie des espaces de Banach, à la dynamique linéaire et à la théorie des algèbres de Banach. Un hommage de Béla Bollobás est disponible sur le site de la *London Mathematical Society Newsletter*², en attendant l'hommage mathématique détaillé qui devrait paraître prochainement dans le *Bulletin of the London Mathematical Society*.

Bernard PRUM, un mathématicien épris de biologie

1946-2015

• X. GUYON



Bernard Prum est décédé brutalement le 21 octobre à l'âge de 69 ans. Il était professeur émérite à l'université d'Évry. Ancien élève de l'ÉNS, agrégé de mathématiques en 1969, il s'est orienté d'abord vers l'analyse algébrique puis a bifurqué vers les mathématiques appliquées. As-

sistant puis maître-assistant à l'université d'Orsay, il y intégra le tout nouveau laboratoire de statistique qui venait de mettre en place une collaboration active avec le département de biométrie de l'INRA de Jouy-en-Josas et le département de mathématiques de l'INAPG (cours dans le DEA, stages, sujets de thèse), donnant ainsi au laboratoire une orientation vers la recherche quantitative en agronomie et en zootechnie. C'est dans ce contexte que j'ai connu Bernard. Nous avons enseigné plusieurs années à la MIAGE en même temps que nous préparions notre thèse, en grande partie commune, sur la théorie générale des processus à deux indices : semi-martingale pour la filtration du drap brownien, formule de Itô, théorème de Girsanov pour un chan-

gement de probabilité, intégrale curviligne et formule de Green sont quelques-uns des thèmes qui nous ont occupés. Nous avons aussi mis en évidence le fait que la famille des variations était un outil d'identification très riche en dimension 2. Pour compléter sa thèse et faire que « tout ne soit pas commun » dans notre travail, Bernard avait mené une étude approfondie sur les propriétés de Markov au sens de Ida pour les champs spatiaux. Cette étude sera à l'origine de son intérêt pour les champs latticiels et conduira à son livre « Processus sur réseau – Mesure de Gibbs » publié en 1991 chez Masson, puis traduit chez Kluwer. De même, nous avons exploré les applications en essayant de comprendre quelle était l'influence de l'existence d'une structure de corrélation spatiale dans le dépouillement d'un plan expérimental mené sur un champ aléatoire, à un moment où l'expérimentation était très utile dans le domaine de l'amélioration des plantes. Nous faisons aussi nos premiers pas en informatique, veillant à ne pas écorner nos paquets de cartes perforées, épaisses « lignes » de Fortran, que nous passions au centre de calcul d'Orsay qui était alors celui de l'accélérateur linéaire. Mais dès ces années 70, Bernard, pour « changer d'air », me faisait souvent voyager dans la génétique et ses sous-entendus mathématiques. Son intérêt pour la biologie était déjà présent.

1. <http://www.fields.utoronto.ca/video-archive/2015/08/394-4925>

2. <http://newsletter.lms.ac.uk/charles-read-1958-2015/#more-2011>

En 1981, un an après sa thèse, Bernard est nommé professeur à l'université Paris V. Il crée le laboratoire de « Statistiques médicales », rapidement labellisé Centre national de la recherche scientifique (CNRS), qu'il a dirigé jusqu'en 1998. À l'époque, il n'y avait de « mathématiciens », rue des Saints Pères, que ces « statisticiens », le MAP 5 n'arrivera que beaucoup plus tard. Les orientations du laboratoire seront un mixte de questions issues du domaine médical et d'étude mathématique des méthodes utilisées. Comme par exemple, les modèles de survie, les algorithmes stochastiques, l'approche bayésienne des données longitudinales, la modélisation épidémiologiste et son facteur de variabilité géographique, le rapport de vraisemblance dans le cas d'une hypothèse nulle frontière avec l'alternative, la détection de ruptures dans le suivi temporel de patients, l'utilisation de modèles markoviens pour les séquences d'ADN. Bernard a contribué aux échanges entre statisticiens et médecins par sa participation à des enseignements de DEA de médecine, par ses articles de vulgarisation et la rédaction du livre « Modèle linéaire – Comparaison de groupe et régression – », illustré d'exemples « médicaux » et édité par l'INSERM. Depuis la création du laboratoire, le séminaire hebdomadaire abordera des questions posées en médecine comme les aspects mathématiques des procédures utilisées. Ces recherches feront fructifier collaborations et travaux conjoints avec différentes institutions, l'INSERM, le laboratoire « Mathématique, Informatique et Génome » de l'INRA, le groupe « Statistique des séquences biologiques » de l'INAPG et le laboratoire « Analyse et Modèles Stochastiques » de l'université de Rouen. Collaborations qui se poursuivront après son départ à Évry. Bernard fut aussi à l'initiative d'un équipement rapide en informatique, convaincu de l'utilité de cet outil pour confronter modèle et données réelles.

En 1998, le Génopole d'Évry est en pleine expansion et les mathématiques sont intégrées à l'avenue. Bernard y est nommé professeur et fonde le laboratoire mixte CNRS – INRA – université d'Évry « Statistiques et Génome ». Il passe alors dans le cœur de ce qu'il aime, la statistique appliquée à la biologie et à la génétique, comme il l'avait déjà manifesté à Paris V. À son investissement en recherche s'ajoute le pilotage administratif du laboratoire. Patrick Cumi, le président de l'université d'Évry, dira de lui, lors de son éloge funèbre : « Il fallait être visionnaire pour comprendre avant les autres que la génomique envahirait tous les domaines des sciences humaines et que par l'arrivée pressentie de données

massives et de leur complexité, il nous faudrait des mathématiques de très haut niveau, des mathématiques qui seraient à inventer et qui deviendraient incontournables ». Pour ce faire, Bernard n'a pas hésité à recruter des chercheurs aux profils peu classiques pour un laboratoire de statistiques. À sa recherche et l'encadrement de thèses s'ajoutaient de nombreux articles de vulgarisation sur « à quoi servent les mathématiques en génétique et génomique », évoquant les nouveaux problèmes que ces disciplines posent aux mathématiciens, tels la lecture des séquences d'ADN, l'héritabilité des caractères, l'analyse des liens entre les maladies et les variantes génomiques observées, la reconstruction des réseaux d'interactions au sein de la cellule. Il travaillait aussi sur l'approche « grandes déviations » de la distribution des occurrences d'un mot. Dans un langage toujours simple et imagé, il y décrit sa façon de faire comme un « cheminement passant par un dialogue constant entre le biologiste et le mathématicien, le premier apportant le problème et d'innombrables connaissances, le second des outils et essayant d'apprendre à son algorithme comment utiliser ce savoir du biologiste. Cette interface enrichit les mathématiques de nouveaux théorèmes et la biologie d'outils permettant l'analyse des millions de lettres produites chaque jour par les séquenceurs » (*Images des Mathématiques* – octobre 2009). Les chaînes de Markov, observées ou non, constituent l'outil central des algorithmes utilisés. Avec G. Nuel, il écrivit en 2007 chez Hermes, son cours « Analyse statistique des séquences biologiques - Modélisation markovienne, alignements et motifs ». Les deux dernières thèses qu'il a encadrées avaient pour sujet, l'une « Les chaînes de Markov régulées et l'approximation de Poisson pour l'analyse de séquences biologiques », l'autre « L'analyse de processus pour la génomique : l'étude du modèle MTD (Mixture Transition Distribution) et l'inférence de réseaux bayésiens dynamiques ». Il poussait les jeunes chercheurs à s'ouvrir davantage aux problèmes posés par les biologistes plutôt que de rester dans une sphère plus fermée purement mathématique. Sa porte était toujours ouverte pour le dialogue et les conseils. Sa dernière voie d'exploration était l'immunologie et il confiait aux jeunes que c'est dans cette direction qu'il aimerait se lancer pour faire des mathématiques appliquées.

Bernard a manifesté tout au long de sa carrière son intérêt pour la « divulgation scientifique » : enseignant-chercheur, il aimait enseigner, faire découvrir la finesse d'un résultat mathématique, mais aussi à quoi il pourrait servir. Je garde un souvenir

émerveillé de ses polys manuscrits et ronéotés de la MIAGE, tout particulièrement celui de Recherche Opérationnelle, qui n'était en rien sa spécialité mais où on pouvait faire « beaucoup de dessins ». Convaincu de l'utilité de l'approche mixte mathématique et numérique, Bernard défendait dans son dernier livre d'enseignement, « La démarche statistique »¹, la pratique de tests exacts, faciles à tabuler numériquement, par opposition à la démarche « historique » des approximations gaussiennes, à une époque où l'emploi de l'informatique ou d'un logiciel simple (par exemple R) est incontournable pour l'enseignement de la statistique. Professeur émérite, il continuait à enseigner à Évry malgré quelques « freins » administratifs !

Bernard était une personne de communication et il n'a pas hésité à donner de son temps au milieu mathématique. Son implication y a été importante : président de la section 01 de Mathématiques du CNRS de 1987 à 1991, actif dans la préparation du premier congrès européen de mathématiques (1992), secrétaire de la SMAI de 1995 à 1998 puis membre de son Conseil d'administration, responsable du groupe MAS de 2002 à 2006, membre du CNU, de conseils d'UFR, de jurys d'évaluation de la recherche, de commissions de spécialistes. Il a participé à des activités de « Maths en Jeans ». À Évry, il a été membre du Conseil scientifique, responsable de

l'École doctorale « Des Génomes aux Organismes » et vice-président en charge des relations internationales. Très tôt, il avait manifesté cet intérêt pour l'international en participant solidairement à plusieurs écoles d'été à « Cuba » au début des années 1970, puis au comité de coopération avec le Nicaragua dans les années 1980 pour mettre en place des accords de coopération universitaires. Il voyagea en Uruguay au temps de la dictature pour obtenir la libération du mathématicien Massera. L'Amérique Latine était son pays.

Christophe Ambroise, qui a pris la succession de Bernard à la direction du laboratoire d'Évry, dit de lui : « Bernard avait su créer une ambiance de travail presque "familiale" au laboratoire. La plupart des membres étaient présents en permanence (hors des cours) et sa porte leur était grande ouverte. Bernard tenait beaucoup à cette ambiance, propice à la communication et aux collaborations entre les membres du laboratoire, particulièrement importantes car les membres du laboratoire sont des scientifiques d'origines très différentes, biologistes, bio-informaticiens, statisticiens appliqués, statisticiens mathématiciens. »

Bernard avait beaucoup d'intuition et la capacité à la faire partager. Il laisse le souvenir d'un collègue attachant, disponible, plein d'humour, clairvoyant et aimant profondément son travail.

Références

- [1] F. MURI-MAJOUBE et B. PRUM. « Une approche statistique de l'analyse des génomes ». *Gazette des mathématiciens* **89** (2001), p. 63–98.
- [2] G. NUEL et B. PRUM. « Analyse statistique des séquences biologiques ». *Éditions Hermes, Lavoisier, Paris* (2007).
- [3] B. PRUM. « Des mathématiques dans nos cellules ? Partie 2 ». *Images des Mathématiques* (2009). URL : <http://images.math.cnrs.fr/Des-mathematiques-dans-nos,406.html>.
- [4] B. PRUM. « Interview ». *La Recherche* (2004). URL : <http://www.larecherche.fr/actualite/mathematiques/bernard-prum-nous-croisons-theorie-mathematique-realite-01-04-2004-85917>.
- [5] B. PRUM. *L'explosion des Mathématiques*. Brochure SMF/SMAI, 2002. URL : <http://smf.emath.fr/Publications/ExplosionDesMathematiques/>.
- [6] B. PRUM. *Travaux depuis les années 2000*. URL : <http://www.math-evry.cnrs.fr/members/bprum/welcome>.
- [7] B. PRUM. *Trouver les gènes coupables*. 2005. URL : <http://www.larecherche.fr/savoirs/autre/trouver-genes-coupables-01-11-2005-88238>.
- [8] B. PRUM et A.-S. TOCQUET. « The use of Markov models and hidden Markov models in genomics ». *Mathematical and computational methods in biology* **65** (2006), p. 5.

Xavier Guyon

Université Paris 1

Xavier Guyon est professeur émérite, membre du laboratoire SAMM (Statistique, Analyse et Modélisation Multidisciplinaire). Ses principaux travaux portent sur le calcul stochastique à deux indices, l'analyse d'image et les champs de Gibbs, l'étude des variations des champs, la statistique des processus spatiaux.

1. Éditions Cépaduès, 2010.