

## Modèles de sélection-mutation

En collaboration avec :

O. Diekmann, S. Mischler, B. Perthame

L. Desvillettes, S. Mischler, G. Raoul

G. Raoul and N. Champagnat

## Principes de la modélisation

- ▶ Les individus sont caractérisés par un trait **phénotypique**.
- ▶ Sauf mutation, un individu hérite du trait de son parent → **reproduction asexuée**.
- ▶ Echelle de temps des mutations  $\gg$  Echelle de temps reproduction.
- ▶ Nombreuses mutations de faible amplitude.

## Equation de base

On note  $u_\varepsilon(t, x)$  la densité de population d'individus de trait  $x \in \mathbb{R}$ . Suivant D. J. M. P.,

$$\partial_t u_\varepsilon = \frac{1}{\varepsilon} \left( \sum_{i=1}^k l_i^\varepsilon(t) \eta_i(x) - 1 \right) u_\varepsilon + M_\varepsilon(u_\varepsilon), \quad (1)$$

où  $M_\varepsilon$  est le noyau de mutation

$$M_\varepsilon(f) = \frac{1}{\varepsilon} \int_{\mathbb{R}} K(z) (f(x + \varepsilon z) - f(x)) dz, \quad (2)$$

Les  $l_i^\varepsilon$  sont des ressources, **l'environnement**, qui sont utilisées par la population. Le plus simple est de prendre

$$l_i^\varepsilon(t) = \frac{1}{1 + \int_{\mathbb{R}} \eta_i(x) u_\varepsilon(x) dx}. \quad (3)$$

Suivant encore D.J.M.P., on pose

$$u_\varepsilon(t, x) = \exp(\phi_\varepsilon(t, x)/\varepsilon), \quad \text{ou} \quad \phi_\varepsilon = \varepsilon \log u_\varepsilon.$$

Alors  $\phi_\varepsilon$  est solution de

$$\partial_t \phi_\varepsilon = \sum_{i=1}^k l_i^\varepsilon(t) \eta_i(x) - 1 + H_\varepsilon(\phi_\varepsilon),$$

avec

$$H_\varepsilon(\phi_\varepsilon) = \int K(z) \exp\left(\frac{\phi_\varepsilon(t, x + \varepsilon z) - \phi_\varepsilon(t, x)}{\varepsilon}\right) dz.$$

On peut de plus obtenir aisément des bornes **uniformes** sur  $\phi_\varepsilon$ .  
Par exemple  $\phi_\varepsilon \in W^{1,\infty}([0, T] \times \mathbb{R})$ .

Il est donc facile de passer dans un certain sens à la limite pour obtenir  $\phi_\varepsilon \longrightarrow \phi$

$$\partial_t \phi = \sum_{i=1}^k l_i(t) \eta_i(x) - 1 + H(\partial_x \phi),$$

avec

$$H(\xi) = \int K(z) \exp(\xi z) dz.$$

Par contre on a perdu l'équation sur les  $l_i$ . On peut essayer de la remplacer par la contrainte

$$\max \phi(t, \cdot) = 0.$$

Mais ceci **perd** une partie de **l'information**.

## Etude de l'équation de sélection seule

On peut analyser le comportement en temps grand de

$$\partial_t u = \left( \sum_{i=1}^k l_i(t) \eta_i(x) - 1 \right) u,$$

avec toujours les relations

$$l_i(t) = \frac{1}{1 + \int_{\mathbb{R}} \eta_i(x) u(x) dx}.$$

Sous certaines conditions sur les  $\eta_i$ , on peut montrer que  $u \rightarrow \mu$ .  
 $\mu$  est l'**unique mesure** positive vérifiant

$$\text{supp } \mu \subset \text{supp } u^0, \quad \bar{l}_i = \frac{1}{1 + \int_{\mathbb{R}} \eta_i(x) d\mu(x)},$$

$$\sum_i l_i \eta_i - 1 \leq 0 \quad \text{sur } \text{supp } u^0, \quad = 0 \quad \text{sur } \text{supp } \mu.$$

## L'équation manquante

Comme la mesure d'équilibre définie précédemment ne dépend que de  $\{u^0 > 0\}$ , on peut définir l'application

$$\omega \subset \mathbb{R} \longrightarrow \mu(\omega).$$

On obtient alors le système complet

$$\partial_t \phi = \sum_{i=1}^k l_i(t) \eta_i(x) - 1 + H(\partial_x \phi),$$

avec

$$l_i(t) = \frac{1}{1 + \int_{\mathbb{R}} \eta_i(x) d\mu(\{\phi(t, \cdot) = 0\})}.$$

## Perspectives et problèmes ouverts

Le rapport entre la valeur maximale de  $u_\varepsilon$  et sa valeur minimale est d'ordre

$$\exp(C/\varepsilon).$$

Si  $\varepsilon$  est vraiment petit (trop par rapport au nombre total d'individus), cela implique que l'effectif de la plupart des sous-populations est inférieur à un individu.

Il serait donc nécessaire de pouvoir en compte dans le modèle les tailles finies des populations...