

41^{ième} Colloque de la Société Francophone de Biologie Théorique
Livre des résumés

Poitiers, du 24 au 27 Juin 2024

Effet de l'hétérogénéité environnementale sur l'augmentation du rendement maximal durable de pêche

Pierre Auger, UMI IRD 209 UMMISCO & Sorbonne Université, France
pierre.auger@ird.fr

Nous considérons une pêcherie composée de deux sites de pêche reliés par des migrations des poissons. Sur chaque site, nous considérons un modèle de pêche classique avec une population de poissons croissant de manière logistique et des captures de Schaefer. Nous supposons que les migrations entre les deux sites sont rapides par rapport à la croissance locale du stock et à la pêche. Tirant partie des échelles de temps, nous utilisons les méthodes d'agrégation de variables pour obtenir un modèle réduit gouvernant la biomasse totale de la population de poissons à une échelle de temps lente. Ensuite, nous recherchons le rendement maximal durable de pêche (RDM) pour le système des deux patchs connectés. Nous montrons que même si la population totale d'équilibre peut être supérieure à la somme des capacités limites sur chaque site isolé, la capture totale est toujours inférieure ou égale à la somme des captures sur les deux sites de pêche isolés. Nous considérons ensuite une communauté de poissons proie-prédateur de Lotka-Volterra dans le même environnement. Nous supposons que seul le prédateur est capturé et non sa proie, toujours supposée croître logistiquement sur chaque site. Nous montrons que dans ce cas, en raison de la connectivité, la capture totale au RDM peut être supérieure à la somme des captures optimales sur chaque site isolé. Ce résultat est obtenu lorsque les deux sites sont hétérogènes. Deux paramètres d'hétérogénéité sont importants, le taux de croissance de la proie et un paramètre caractérisant la « viabilité » du prédateur. Nous montrons que le taux de croissance des proies doit être élevé sur un site tandis que la viabilité des prédateurs doit être élevée sur l'autre site afin de favoriser un excès de capture au RDM. Par ailleurs, un phénomène d'émergence est également être observé : si aucun des sites isolés n'est viable pour la pêche, l'ensemble du système des sites connectés peut être viable. Notre étude est étendue au modèle proie-prédateur avec une réponse fonctionnelle Holling de type II.

A phase field model of Cahn-Hilliard type for tumour growth with mechanical effects and damage

Giulia Cavalleri,
giulia.cavalleri01@universitadipavia.it

We introduce a new diffuse interface model for tumour growth in the presence of a nutrient, in which we take into account mechanical effects and reversible tissue damage. The highly nonlinear PDEs system mainly consists of a Cahn-Hilliard type equation that describes the phase separation process between healthy and tumour tissue. This equation is coupled to a parabolic reaction-diffusion equation for the nutrient and a hyperbolic equation for the balance of forces, including inertial and viscous effects. The main novelty is the introduction of cellular damage, whose evolution is ruled by a parabolic differential inclusion. We are able to prove a global-in-time existence result for weak solutions by passing to the limit in a time-discretized and regularised version of the system.

SAM : Une approche numérique pour l'approximation du symbole d'un opérateur

Jean-Paul CHEHAB, LAMFA, UMR CNRS 7352, Université de Picardie Jules Verne
jean-paul.chehab@u-picardie.fr

Nous introduisons ici la méthode numérique (SAM) vouée à l'approximation numérique du symbole d'un opérateur auto adjoint, à partir de matrices de discrétisation de celui-ci. SAM repose sur l'estimation de traces de matrices, que l'on restreint à des sous espaces associées à des bandes de fréquences couvrant le domaine spectral. La séparation en fréquences peut être réalisée par des méthodes spectrales mais aussi par des méthodes de type multi-grilles. Nous appliquons la nouvelle méthode, d'abord à des problèmes stationnaires, avec un ensemble d'opérateurs tels que le laplacien négatif et ses puissances fractionnaires. Nous considérons également des équations dispersives amorties, telles celles de Korteweg-de Vries ou Benjamin-Ono, pour lesquelles SAM est utilisée pour approcher le symbole d'un l'opérateur de d'amortissement.

Hommage à Pierre Magal Data-Driven Mathematical Modeling Approaches for pandemic

Jacques Demongeot, UGA & IUF
jacques.demongeot@yahoo.fr

In this review, we successively present the methods for phenomenological modeling of the evolution of reported and unreported cases of COVID-19, both in the exponential phase of growth and then in a complete epidemic wave. After the case of an isolated wave, we present the modeling of several successive waves separated by endemic stationary periods. Then, we treat the case of multi-compartmental models without or with age structure. Eventually, we review the literature, with papers ranging from the medical survey of hospital cases to forecasting the dynamics of new cases in the general population. This review favors the phenomenological approach over the mechanistic approach in the choice of references and provides simulations of the evolution of the number of observed cases of COVID-19 for only 10 states (California, China, France, India, Israel, Japan, New York, Peru, Spain and United Kingdom).

Tutorial (2h) AI in Medicine

- Brief history of AI
- Reversible and not-reversible classifiers
- Maxwell©, a reversible, agnostic and skeptical classifier
- Applications to genomics

References

1. B. KAMMEGNE, K. OSHINUBI, T. BABASOLA, O.J. PETER, O.B. LONGE, R.B. OGUNRINDE, E.O. TITIOYE & J. DEMONGEOT Mathematical modelling of spatial distribution of COVID-19 outbreak using diffusion equation. *Pathogens*, 12, 88 (2023).
2. Z. XU, D. WEI, Q. ZENG, H. ZHANG, Y. SUN & J. DEMONGEOT More or less deadly? A mathematical model that predicts 1 SARS-CoV-2 evolutionary direction. *Computers in Biology & Medicine*, 153, 106510 (2023).
3. . DEMONGEOT & P. MAGAL Data Driven Modeling in Mathematical Biology. *Frontiers in Applied Maths & Statistics*, 9, 1129749 (2023).
4. . DEMONGEOT & M. THELLIER Primitive oligomeric RNAs at the origins of life on Earth. *Int. auteur J. Molecular Sciences*, 24, 2274 (2023).
5. Z. XU, D. YANG, H. ZHANG & J. DEMONGEOT A Novel Mathematical Model that Predicts the Protection Time of SARS-CoV-2 Antibodies. *Viruses*, 15, 586 (2023).
6. H. BEN KHALFALLAH, M. JELASSI, J. DEMONGEOT & N. BELLAMINE BEN SAOUD Decision support systems in Healthcare : systematic review, meta-analysis and prediction, with example of COVID-19. *AIMS Bioengineering*, 10, 27-52 (2023).
7. Z. XU, Q. PENG, W. LIU, J. DEMONGEOT, D. WEI Antibody Dynamics Simulation - A Mathematical Exploration of Clonal Deletion and Somatic Hypermutation. *Biomedicines*, 11, 2048 (2023)
8. J. DEMONGEOT, J. GARDES, C. MALDIVI, D. BOISSET, K. BOUFAMA & I. TOUZOUTI Genomic phylogeny by Maxwell®, a new classifier based on Burrows-Wheeler transform. *Computation*, 11, 158 (2023).
9. J. WAKU, K. OSHINUBI, U.M. ADAM & J. DEMONGEOT Forecasting the endemic/epidemic transition in COVID-19 in some countries : influence of the vaccination. *Diseases*, 11, 135 (2023).
10. J. DEMONGEOT & P. MAGAL Population dynamics model for aging *AIMS MBE*, 20, 19636–19666. (2023). arXiv :2309.17106 (2023).

11. J. DEMONGEOT, Q. GRIETTE, Y. MADAY & P. MAGAL A Kermack-McKendrick model with age of infection starting from a single or multiple cohorts of infected patients. *Proc. Royal Society A*, 479, 2022.0381 (2023).
12. J. GARDES, C. MALDIVI, D. BOISSET, T. AUBOURG & J. DEMONGEOT An unsupervised classifier for the whole genome phylogenies, the Maxwell©tool. *IJMS*, 24, 16278 (2023).
13. J. DEMONGEOT, P. MAGAL & K. OSHINUBI Forecasting the changes between endemic and epidemic phases of a contagious disease, with example of COVID-19. *Mathematical Medicine & Biology* (accepted). arXiv :2309.17026 (2023).
14. J. DEMONGEOT, J. WAKU & O. COHEN Combinatorial and frequency properties of the ribosome ancestors. *AIMS MBE*, 21, 884–902 (2023).
15. Z. XU, J. SONG, H. ZHANG, Z. WEI, D. WEI & J. DEMONGEOT Mathematical Modeling of Host-Virus Interaction in Dengue Virus Infection : A Quantitative Study. *Viruses*, 16, 216 (2024).

Spreading property for prey-predator systems on a lattice

Arnaud Ducrot,
`arnaud.ducrot@univ-lehavre.fr`

We investigate the spreading behaviour for the solutions of a prey-predator system on a discrete lattice. The spatial motion of individuals from one site to another is modeled by a discrete convolution operator. Our analysis of the spreading speeds of invasion of the species is based on the careful and detailed study of the hair-trigger effect and spreading speed for a non-autonomous scalar Fisher-KPP equation on a lattice. Then, we are able to compare the solutions of the prey-predator system with those of a suitable scalar Fisher-KPP equation and derive the invasion speeds of the prey and of the predator.

L'effet Warburg dans le cancer est-il un atavisme ?

Eric Fanchon,
eric.fanchon@univ-grenoble-alpes.fr

Asymptotic behavior of an epidemic model with infinitely many variants

Quentin Griette,
`quentin.griette@univ-lehavre.fr`

We investigate the long-time dynamics of a SIR epidemic model with infinitely many pathogen variants infecting a homogeneous host population. We show that the basic reproduction number \mathcal{R}_0 of the pathogen can be defined in that case and corresponds to a threshold between the persistence ($\mathcal{R}_0 > 1$) and the extinction ($\mathcal{R}_0 \leq 1$) of the pathogen. When $\mathcal{R}_0 > 1$ and the maximal fitness is attained by at least one variant, we show that the system reaches an equilibrium state that can be explicitly determined from the initial data. When $\mathcal{R}_0 > 1$ but none of the variants attain the maximal fitness, the situation is more intricate. We show that, in general, the pathogen is uniformly persistent and all families of variants that have a uniformly dominated fitness eventually get extinct. We derive a condition under which the total mass of pathogens converges to a limit which can be computed explicitly. We also find counterexamples that show that, when our condition is not met, the total mass of pathogen may converge to an unexpected value, or the system can even reach an eternally transient behavior where the mass oscillates between several values. We illustrate our results with numerical simulation.

Schéma numérique pour une équation de coagulation avec source et dépolymérisation

Simon LOIN, LAMFA, CNRS & Université de Picardie Jules Verne, Amiens, France
loin.simon@gmail.com

Nous nous intéressons à la résolution numérique d'une équation de coagulation-fragmentation discrète (système infini d'équations différentielles ordinaires). Plus particulièrement, les équations proviennent d'un modèle cinétique modélisant la production et coagulation de la protéine de fibrine, ainsi qu'un phénomène de dépolymérisation dû à une autre protéine, la plasmine. Ces phénomènes biologiques apparaissent dans le cadre des cancers où le coagulum interagit avec le micro-environnement tumoral. Les équations présentées sont une simplification de ce modèle qui se rapproche des équations de Becker-Döring. Ce système d'EDO étant infini, il est nécessaire de le tronquer pour la résolution numérique. La méthode numérique présentée consiste en un schéma volumes finis sur une EDP de type Fokker-Planck approchant notre système d'EDO initial. Nous comparerons cette méthode à une méthode de Runge-Kutta. Notre méthode permet un gain de temps de calcul et préserve l'asymptotique en temps long, cependant il est inutilisable dans certains cas.

Scénarios d'établissement d'éléments transposables dans une population de génomes.

Martin Rosalie, UPVD, Laboratoire Génome et Développement des Plantes
martin.rosalie@univ-perp.fr

Contributeurs : "Martin ROSALIE et Sébastien GOURBIÈRE"

Certains éléments transposables ont la capacité de se dupliquer dans le génome pour s'insérer ailleurs. Ils s'accumulent alors dans le génome et se retrouvent être une part significative de l'ADN des eucaryotes. Bien que les conséquences de ces duplications et insertions peuvent être néfastes, il est possible qu'elles apportent ponctuellement des avantages évolutifs. Suite à modèle mathématique basé sur des interactions hôtes-parasites (ici génome-élément transposable), des scénarios d'établissement d'une population d'éléments transposables dans le génome ont été proposée [Flo+21]. Nous proposons ici une approche individu-centré de ce modèle d'équations différentielles pour quantifier la faisabilité des scénarios envisagés à l'aide de l'algorithme de Gillespie. Les résultats montrent que les mécanismes d'activation et de silencing des éléments transposables jouent un rôle important sur la distribution des éléments transposables dans la population de génomes. Dans ce modèle, nous montrerons qu'il faut une proportion de moins de 50% d'éléments transposables actifs pour éviter qu'ils soient purgés ou qu'ils n'entraînent la co-extinction des deux populations; c'est donc une condition nécessaire à la stabilisation des éléments transposables dans le génome.

[Flo+21] A. Flores-Ferrer, A. Nguyen, S. Glémin, J.-M. Deragon, O. Panaud et S. Gourbière. « The ecology of the genome and the dynamics of the biological dark matter ». In : *Journal of Theoretical Biology* 518 (juin 2021), p. 110641. issn : 0022-5193. doi : 10.1016/j.jtbi.2021.110641.

Trends and paradoxes of competitive evolution in the predation mechanism

Sanchez-Palencia Evariste,
`evariste.sanchez-palencia@orange.fr`

We give a series of numerical examples of competitive evolution in the predation system, showing in some cases how the choice is made to increase the efficiency of the predation mechanism (or other significant parameters) to the detriment of populations (both of prey and predators). We then develop the mathematical theory that enables us to understand the causality involved, and we identify a trend towards the emergence of the functional predation mechanism as such (and not of populations of the species involved). The realization of this trend only takes place when the conditions for it are offered by the hazards proposed to successive competitive choices. The logical structure of this trend is similar to that of the “tendency of rate of profit to fall” in certain economic models.

Hopf Bifurcation in Abstract Semilinear Equations with Non-dense Domain and Applications to an Age-structured Predator-prey Model

Shigui Ruan, Department of Mathematics, University of Miami, Coral Gables, FL 33146, USA
ruan@math.miami.edu

Normal form theory is very important and useful in simplifying the forms of equations restricted on the center manifolds in studying nonlinear dynamical problems. In this talk, using the center manifold theorem associated with the integrated semigroup theory, we introduce a Hopf bifurcation theorem and normal form theory for semilinear Cauchy problems in which the linear operator is not densely defined and is not a Hille-Yosida operator and present procedures to compute the Taylor's expansion and normal form of the reduced system restricted on the center manifold. We then apply the main results and computation procedures to determine the direction of the Hopf bifurcation and stability of the bifurcating periodic solutions in age-structured predator-prey model (Based on joint papers with Pierre Magal, Zhihua Liu, Zhi-Cheng Wang and San-Xing Wu).

Spatial multi-scale modelling of cell metabolism

Angélique Stéphanou,
`angelique.stephanou@univ-grenoble-alpes.fr`

In this work, a model of tumor metabolism highlighting the spatiotemporal heterogeneity is developed. This model makes it possible to test different scenarios of environmental stress and to assess their consequences on the metabolic trajectory of individual cells as well as of the tissue as a whole. Moreover, by combining continuous and discrete approaches within a hybrid multiscale model, cell metabolism is spatially contextualized and complex behaviors emerge.

Bifurcation behavior of structured population dynamics models and some recent progress on epidemic modelling

Zihua Liu, School of Mathematical Sciences, Beijing Normal University, Beijing, China
zihualiu@bnu.edu.cn

The main purpose of this talk is to present our works in recent years on bifurcations in structured population dynamics models and epidemic modelling. By using the integrated semigroup and bifurcation theories, we investigate the Hopf bifurcation and Bogdanov-Takens bifurcation. Furthermore, we developed several differential equations models for COVID-19 epidemics and use early reported case data to estimate the parameters and predict epidemic.