

Processus de branchement en dynamique des populations

Session organisée par **Viet Chi Tran**

Motivés par la biologie, qui contribue toujours au développement de mathématiques de plus en plus variées et complexes, les processus de branchement apparaissent également dans de nombreux autres domaines (interprétation d'EDP, informatique...). Avec la session proposée, nous souhaitons illustrer la richesse des questions mathématiques impliquant ces processus, avec principalement des applications en dynamique des populations. Les progrès dans cette partie de la biologie dépendent de plus en plus de la modélisation, de l'analyse mathématique et du calcul. La prise en compte du fait que les processus biologiques sont intrinsèquement stochastiques et non linéaires, et qu'ils mélangent des échelles multiples, est fondamentale. Or la théorie mathématique a longtemps proposé des approches basées sur des hypothèses d'indépendance et d'homogénéité. La levée de ces hypothèses a posé des questions qui ont récemment motivé une abondante littérature probabiliste.

Références :

- [1] K.B. Athreya and P.E. Ney, *Branching Processes* (1970), Springer-Verlag.
- [2] T.E. Harris, *The theory of branching processes* (1963), Springer-Verlag.

Adresse de l'organisateur :

Viet Chi TRAN

Laboratoire Paul Painlevé, Université des Sciences et Technologies Lille 1

Cité scientifique, 59 655 Villeneuve d'Ascq Cedex France

E-mail : chi.tran@math.univ-lille1.fr

<<http://math.univ-lille1.fr/~tran/>>

Session : Processus de branchement en dynamique des populations

Fixation et polymorphisme des mutations délétères : impact sur la démographie des petites populations et sur l'évolution des systèmes de reproduction

par **Sylvain Billiard**, Camille Gervais et **Camille Coron**

Le premier exposé sera composé de deux interventions de 20 min.

Dynamique de la dépression de consanguinité et évolution des systèmes d'auto-incompatibilité chez les plantes travail joint de Sylvain Billiard et Camille Gervais.

Un des mécanismes évolutifs les plus importants dans l'évolution des systèmes de reproduction est la dépression de consanguinité. La dépression de consanguinité est une conséquence de l'expression de mutations délétères récessives qui se retrouvent à l'état homozygotes. Les systèmes de reproduction modulent les croisements entre individus (qui se croise avec qui?) et donc la probabilité que les mutations délétères soient homozygotes (plus deux individus sont apparentés, plus leurs descendants seront consanguins et exprimeront une dépression de consanguinité forte). On s'attend donc que les systèmes de reproduction évoluent sous l'effet de la dépression de consanguinité pour limiter les croisements entre apparentés, et notamment l'autofécondation. De nombreux modèles ont été réalisés pour évaluer cette hypothèse, et leurs prédictions sont dramatiquement dépendantes des hypothèses démographiques et génétiques, notamment du fait que la dynamique de la dépression de consanguinité dépend fortement du système de reproduction lui-même. Cela est dû au phénomène de purge, c'est-à-dire l'élimination par sélection naturelle des mutations délétères. Il est ainsi difficile de produire des modèles permettant d'expliquer la diversité des systèmes de reproduction, leur évolution et leur distribution au sein des espèces. Au cours de cet exposé, nous nous attacherons à illustrer ce point en nous concentrant sur le cas particulier des systèmes d'auto-incompatibilité, présent chez plus de la moitié des plantes à fleurs. Ce système permet d'éviter la reproduction entre apparentés, et notamment l'autofécondation, par le biais d'un système moléculaire de reconnaissance du soi. Nous montrerons l'importance des différentes hypothèses démographiques et génétiques de la dépression de consanguinité sur l'évolution de ce système d'auto-incompatibilité, son maintien et sa diversification.

Calcul de la probabilité de fixation d'un allèle délétère dans une population sexuée de taille finie par Camille Coron.

Session : Processus de branchement en dynamique des populations

Journées MAS 2010, Bordeaux

On s'intéresse à la modélisation de la reproduction sexuée, c'est-à-dire du brassage génétique ayant lieu à chaque naissance, et au calcul de la probabilité de fixation d'un allèle délétère dans une population sexuée. En effet, un phénomène important présent dans l'évolution d'une petite population est le vortex d'extinction, c'est-à-dire l'accumulation de mutations délétères conduisant à l'extinction de la population. Le modèle utilisé est un processus de naissance et mort dont les taux de naissances sont créés de façon à modéliser le brassage génétique d'une population sexuée. La mutation considérée est supposée faible, c'est-à-dire que les coefficients du modèle dévient peu du cas neutre. On introduit donc un paramètre δ (supposé faible) de déviation par rapport au cas neutre. On calcule alors la probabilité de fixation en utilisant l'équation de Kolmogorov puis en montrant que cette probabilité de fixation admet un développement limité par rapport à δ en 0. Cette approche conduit à la recherche d'une solution bornée d'une équation de récurrence linéaire d'ordre 2 sur \mathbb{N}^3 à coefficients non-constants.

Adresses :

Sylvain BILLIARD

Génétique et Evolution des Populations Végétales, Lille 1
Cité scientifique, 59 655 Villeneuve d'Ascq Cedex France
E-mail : sylvain.billiard@univ-lille1.fr

Camille GERVAIS

Génétique et Evolution des Populations Végétales, Lille 1
Cité scientifique, 59 655 Villeneuve d'Ascq Cedex France

Camille CORON

Centre de Mathématiques Appliquées, Ecole Polytechnique
Route de Saclay, 91128 Palaiseau Cedex France
E-mail : coron@cmmap.polytechnique.fr

Session : Processus de branchement en dynamique des populations

Journées MAS 2010, Bordeaux

Session : Processus de branchement en dynamique des populations

Grandes déviations supérieures pour les processus de branchement en environnement aléatoire

par **Vincent Bansaye** et Christian Boeinghoff

Les processus de branchement en environnement aléatoire généralisent les processus de Galton Watson : à chaque génération, on tire de manière indépendante et identiquement distribuée une loi de reproduction qui vaut pour tous les individus en vie à cette génération. On s'intéresse ici aux événements atypiques correspondant à une croissance exceptionnelle de la population, c'est-à-dire aux grandes déviations supérieures. Nous autorisons par ailleurs les individus à avoir un grand nombre d'enfants (queues de distributions des lois de reproduction lourdes). Nous verrons comment la croissance exceptionnelle de la population peut résulter à la fois d'une reproduction exceptionnelle d'un individu, de suite d'environnements exceptionnels ainsi que de période de survie dans le cas faiblement sous-critique. Ceci permettra de donner une expression de la fonction de taux. Elle généralise les résultats de Boeinghoff et Kersting (09) et Bansaye et Berestycki (08) pour les grandes déviations supérieures (sans queue lourde).

Adresses :

Vincent BANSAYE

Centre de Mathématiques Appliquées, Ecole Polytechnique

Route de Saclay, 91128 Palaiseau Cedex France

E-mail : bansaye@cmap.polytechnique.fr

<http://www.cmapx.polytechnique.fr/~bansaye/>

Christian BOEINGHOFF

Goethe Universität

Fb. Informatik und Mathematik (Fach 187)

60054 Frankfurt am Main

E-mail : boeinghoff@math.uni-frankfurt.de

Session : Processus de branchement en dynamique des populations

Journées MAS 2010, Bordeaux

Session : Processus de branchement en dynamique des populations

Comportement de Brunet-Derrida pour des systèmes de particules avec branchement et sélection

par Jean Bérard et **Jean-Baptiste Gouéré**

Nous considérons des systèmes de particules avec branchement et sélection pour lesquels Brunet et Derrida ont observé un effet anormalement élevé de la taille de la population sur la vitesse de déplacement. Nous donnerons une preuve rigoureuse de ce résultat.

Adresses :

Jean BÉRARD

Institut Camille Jordan

Université Claude Bernard - Lyon 1

Bâtiment Doyen Jean Braconnier

43, Boulevard du 11 Novembre 1918

69622 VILLEURBANNE Cedex

E-mail : jean.berard@univ-lyon1.fr

Jean-Baptiste GOUÉRÉ

Laboratoire de Mathématiques, Applications et Physique Mathématique

Université d'Orléans,

B.P. 6759, 45067 Orléans Cedex 2 France

E-mail : Jean-Baptiste.Gouere@univ-orleans.fr

<http://www.univ-orleans.fr/mapmo/membres/gouere/>

Session : Processus de branchement en dynamique des populations

Journées MAS 2010, Bordeaux

Session : Processus de branchement en dynamique des populations

A historical law of large numbers for the Marcus-Lushnikov process

par **Stéphanie Jacquot**

The Marcus-Lushnikov process is a finite stochastic particle system, in which each particle is entirely characterized by its mass. Each pair of particles with masses x and y merges into a single particle at a given rate $K(x, y)$. Under certain assumptions, this process converges to the solution to the Smoluchowski coagulation equation, as the number of particles increases to infinity. The Marcus-Lushnikov process gives at each time the distribution of masses of the particles present in the system, but does not retain the history of formation of the particles. We set up a historical analogue of the Marcus-Lushnikov process (built according to the rules of construction of the usual Markov-Lushnikov process) each time giving what we call the historical tree of a particle. The historical tree of a particle present in the Marcus-Lushnikov process at a given time t encodes information about the times and masses of the coagulation events that have formed that particle. We prove a law of large numbers for the empirical distribution of such historical trees. The limit is a natural measure on trees which is constructed from a solution to the Smoluchowski coagulation equation.

Adresse :

Stéphanie JACQUOT

Statistical Laboratory

University of Cambridge,

Wilberforce Road, Cambridge CB3 0WB

E-mail : S.M.Jacquot@statslab.cam.ac.uk

<http://www.statslab.cam.ac.uk/Dept/People/jacquot.html>

Session : Processus de branchement en dynamique des populations