

Exposés à l'école de recherche d'Aussois 2026

Maxence Baccara The range of competing random walks

Motivated by population ecology, and more particularly the theory of functional responses, we study the exploration dynamics of a family of independent random walks in the lattice \mathbb{Z}^d that compete for resources. We are interested in understanding how the competition between individuals affects the amount of resources consumed by each individual. In particular, we will see that depending on the dimension of the lattice, the competition appears either in the Law of Large Numbers, the Central Limit Theorem or not at all.

Luce Breuil Modélisation mathématique et étude statistique d'un modèle de vieillissement en deux phases chez la mouche drosophile

Depuis une dizaine d'années, Michael Rera et son équipe étudient les mécanismes biologiques du vieillissement à l'aide d'un phénotype prédicteur de mort naturelle chez plusieurs organismes : le phénotype Smurf. Dans ce travail, nous nous basons sur ces observations biologiques pour proposer un modèle mathématique du vieillissement en deux phases dans lequel le temps de vie de chaque individu est caractérisé par deux temps aléatoires : le temps passé non-Smurf et le temps passé Smurf. Les lois de ces temps sont représentées respectivement par le taux de transition de non-Smurf à Smurf et le taux de mort une fois Smurf. À l'aide d'estimateurs non-paramétriques et paramétriques de ces taux, nous étudions les dynamiques du modèle sur des données *in vivo* de mouches drosophiles et investiguons les potentielles dépendances entre les deux phases.

Élie Cerf Convergence et représentation de la limite de Yaglom d'une chaîne de Markov par sa mesure d'excursions

Nous nous intéressons à un processus de Markov en temps continu et espace d'états discret atteignant un état absorbant en temps fini. En supposant que celui-ci ne peut atteindre son état absorbant que depuis un unique autre état dit 'de sortie', nous pouvons décomposer ses trajectoires en excursions loin de l'état absorbant. Cette approche trajectorielle nous permet de relier l'étude de la limite de Yaglom du processus au comportement asymptotique de l'inverse de son temps local en l'état de sortie.

Maxime Clenet Modeling metapopulation in dynamic landscapes: toward a unified concept of temporal metapopulation capacity

Habitat loss and fragmentation are primary drivers of biodiversity decline, yet most metapopulation models treat landscape connectivity as a static property, ignoring the temporal variability inherent to real ecosystems. Classical metapopulation theory, from the Levins model to spatially realistic approaches, has established metapopulation capacity as a key metric of persistence, but this formalism relies on static network representations. Here, we present a metapopulation model on temporal networks that explicitly links persistence to time-varying connectivity. We decompose temporal connectivity into three components: spatial network structure, functional movement fluxes among patches, and local patch state. From this decomposition, we derive a temporal generalization of the metapopulation capacity that integrates structural and dynamic landscape properties into a single persistence criterion. We illustrate our approach on seasonal habitat networks, showing that the temporal metapopulation capacity captures persistence thresholds that static approximations

systematically miss. Our results provide new tools for predicting species vulnerability under global change scenarios where connectivity dynamics are increasingly relevant.

Jean Cohen Outils d'interprétabilité pour la caractérisation du généralisme des plantes à fleurs vis-à-vis des pollinisateurs à partir de données de sciences participatives

Au sein des réseaux plantes-pollinisateurs, le généralisme désigne la capacité d'une plante à interagir avec une grande diversité de pollinisateurs différents. Ce généralisme est amené à varier selon des facteurs intrinsèques, liés aux caractéristiques de la plante, mais aussi selon l'environnement dans lequel elle se trouve, dépendant par exemple de la composition du paysage avoisinant ou des conditions climatiques et météorologiques. Quinze années de données du programme de suivi participatif Spipoll nous permettent de caractériser ces variations de généralisme à l'échelle du territoire français mais demandent une caractérisation fine du processus d'échantillonnage, notamment la prise en compte du participant et de sa progression au cours du temps. Nous utilisons ici certaines méthodes d'interprétabilité pour explorer les dynamiques du généralisme sans réduire la complexité de la modélisation statistique. Nous nous intéressons en particulier à l'importance relative des facteurs environnementaux et à la comparaison du généralisme intrinsèque d'une partie de la flore commune hexagonale.

Mateo Deangeli Modélisation du transfert horizontal de gènes et de la persistance des plasmides : limites d'échelle, stationnarité et lignées ancestrales.

Le transfert horizontal de gènes permet une diversification génomique rapide chez les bactéries en transférant du matériel génétique indépendamment de la reproduction. La conjugaison, à travers la transmission de plasmides, peut conférer des avantages (par exemple, la résistance aux antibiotiques) mais entraîne des coûts en termes de fitness. Ce travail se concentre sur la conjugaison pour aborder deux questions : les bactéries peuvent-elles survivre malgré le coût des plasmides, et quelles sont les origines des bactéries observées dans le présent ? Nous utilisons un processus de Markov à valeurs mesures pour modéliser une population de bactéries caractérisée par un trait (par exemple, le nombre de plasmides) dans \mathbb{R}_+ , et soumise à des dynamiques de naissance, de mort, de compétition, de mutation et de transfert. Pour répondre à la première question, nous étudions analytiquement et numériquement l'équation intégro-différentielle (et l'existence de profils stationnaires) obtenue en prenant la limite lorsque la taille de la population devient grande dans le processus de population. Pour répondre à la deuxième question, nous caractérisons et simulons le processus aléatoire donnant les lignées ancestrales de la population, c'est-à-dire l'inversion temporelle de la décomposition spinale du processus de population.

Diane Douet Breakdown of sporophytic self-incompatibility: Diploids versus Tetraploids

Polyploidy is widespread in angiosperms. Yet newly formed polyploids face strong reproductive constraints, which selfing may help overcome. However, many species possess self-incompatibility (SI) systems, located at the S-locus, that prevent self-fertilization. Here, we investigate the evolution of sporophytic self-incompatibility (SSI) following the introduction of a mutant self-compatible (SC) allele in diploid and tetraploid populations using analytical models and individual-based simulations. To address this question, we consider two main scenarios: (1) all SI alleles are codominant, and (2) SI alleles are structured into dominance classes. In the codominant case, complete maintenance of SSI occurs only when the SC allele is dominant over all SI alleles, whereas coexistence between SI

and SC alleles predominates when the SC allele is codominant or recessive. SSI is also maintained under a broader range of parameters in diploids than in tetraploids. When SI alleles are organized into dominance classes, diploids show weak sensitivity to dominance, with SSI maintained across all dominance scenarios for the SC allele. By contrast, in tetraploids, higher dominance of the SC allele generally favors SSI breakdown, except when the SC allele is dominant over all SI alleles. Overall, our results indicate that SSI is more difficult to maintain in tetraploids than in diploids, with dominance relationships playing a key role in the invasion of an SC allele.

Eugène Ferragu Dynamique de populations sous compétition et perturbations globales

Nous étudions un modèle stochastique de dynamique des populations intégrant à la fois des interactions compétitives entre individus et des perturbations globales. Le modèle est formulé comme un processus de naissance et de mort compétitif à deux types, dans lequel les individus sont exposés régulièrement à des catastrophes aléatoires. Nous montrons que l'interaction entre compétition et perturbations impacte parfois de manière contre-intuitive le comportement asymptotique du système. Nous donnons des critères analytiques portant sur les "fitnesses (ou taux) d'invasion moyennées", qui permettent de décrire qualitativement le système de manière cohérente dans les différents régimes de petites populations (branchement en environnement aléatoire) et grandes populations (processus de Markov déterministe par morceaux). Nos résultats en termes de fitnesses d'invasion sont semblables à ceux de M. Benaïm et C. Lobry sur des systèmes dynamiques alternés aléatoirement, et ces liens suggèrent l'existence d'une classe plus large de perturbations aléatoires de modèles de dynamiques des populations dont les effets globaux peuvent être caractérisés par les fitnesses d'invasion.

Alice Fohr A multitype birth-death model for X-Chromosome Inactivation and founder cell number estimation.

X chromosome inactivation (XCI) is the transcriptional silencing of one of the two X chromosomes in female mammals. This process ensures dosage compensation of X-linked genes between sexes and results in cellular mosaicism, with either the maternal or paternal X remaining active in each cell. At the time XCI is established, cells carry two active X chromosomes (XaXa), and the choice of which X chromosome to inactivate is made randomly and then clonally inherited during subsequent cell divisions. As a consequence, the proportion of cells retaining the maternal versus paternal X chromosome active (the XCI ratio) varies across individuals. Studying this ratio, and in particular its variability across individuals, can provide insight into the number of founder cells present at the time XCI is established. Several existing models attempt to infer this founder pool size from the observed variance in XCI ratios, but they rely on strong simplifying assumptions, such as (i) simultaneous inactivation of all XaXa cells, and (ii) deterministic clonal expansion preserving the initial binomial ratio. These assumptions overlook key sources of variability, including stochastic clonal growth and asynchronous inactivation events. To address this, we introduce a continuous-time Markov chain where the cell populations follow a birth-death process, and each XaXa cell undergoes random XCI at a given rate. We analyze how this more realistic framework impacts the estimation of the number of founder cells and reinterprets the variance observed in XCI ratios.

Viviana Gavilanes Guerrero Modélisation mathématique et inférence de paramètres pour la régulation de la longueur des télomères chez *Saccharomyces cerevisiae*

Cet exposé portera sur un modèle stochastique de la régulation de la longueur des télomères chez *Saccharomyces cerevisiae*. La dynamique considérée est décrite par une chaîne de Markov en temps discret, dont la distribution stationnaire permet de relier les paramètres du modèle aux profils de longueur observés expérimentalement. L'inférence sera menée à partir de données de séquençage Nanopore, en comparant distributions théoriques et empiriques, puis en optimisant les paramètres par CMA-ES. Cette approche offre un cadre pour confronter le modèle aux données et analyser les mécanismes impliqués dans la régulation télomérique.

Greta Lamonaca Uniqueness & Non-Uniqueness for the Mean Field Control of Fisheries

We study a Mean Field Control system arising in the management of fisheries with a special emphasis on non-uniqueness issues. Namely, we focus on a situation where a group of players coordinate in order to harvest a fishery in the most efficient way possible. A major challenge in such modelling is the coupling between the dynamics of fish population, which we model through a reaction-diffusion equation, and that of the players, which is seen through the lens of Mean Field Control. The resulting evolution system consists of four coupled equations. A central issue, both in the analysis and from the modelling perspective, is the uniqueness of solutions of this system. By focusing on the ergodic (or static) counterpart of the evolution equation, we show that one should in general expect the emergence of multiple solutions. Our approach relies on the theory of bifurcation, and the bifurcation parameter we take is the (biologically relevant) total amount of food available to the population. This work was carried out in collaboration with Idriss Mazari-Fouquer and Grégoire Nadin.

Leo Micollet Modélisation stochastique et déterministes de dynamique de populations de moustiques soumises à des lâchers de mâles stériles

Les moustiques du genre *Aedes* constituent d'importants vecteurs de maladies, et leur contrôle est rendu de plus en plus difficile par leur adaptation à de nouveaux environnements. Parmi les stratégies alternatives, la technique de l'insecte stérile (TIS) et la technique de l'insecte incompatible (TII) reposent sur le lâcher de mâles stériles ou incompatibles afin de réduire le nombre de descendants viables par femelle, tout en ciblant une seule espèce et en limitant les effets secondaires sur l'environnement. Cependant, l'efficacité de la TIS dépend de la dynamique des populations et de la variabilité environnementale.

À partir de données de terrain sur *Aedes polynesiensis* collectées sur l'Atoll de Tetiaroa (Polynésie française), nous développons un modèle stochastique de population comportant des stades partiellement observés et des stades latents. Les différents stades du cycle de vie sont représentés par des compartiments, tandis que les événements démographiques (naissances, décès et transitions entre stades) sont modélisés à l'aide de processus ponctuels de Poisson.

Nous relierons ce modèle stochastique à des modèles déterministes et de diffusion obtenus avec des limites en grande population, et nous dérivons un modèle réduit ne faisant intervenir que les compartiments adultes observés.