

Dynamique de concentration d'une population structurée par âge et phénotype.

Samuel NORDMANN, CAMS (EHESS), Paris

Benoît PERTHAME, LJLL (UPMC), Paris

Cécile TAING, LJLL (UPMC), Paris

Mots-clés : Concentration, Dynamique adaptative, Sélection-mutation

Nous étudions un modèle décrivant la dynamique d'une population structurée par âge et phénotype sujette à une compétition entre ses individus et à de rares mutations non-locales. Notre objectif est de décrire le comportement asymptotique de cette population ; plus précisément, de décrire la dynamique quand un paramètre de rescalling ε tend vers 0.

Sur une échelle de temps courts εt , la densité de population se concentre autour du trait le plus adapté, i.e elle converge vers une masse de Dirac. Sur une échelle de temps longs t , le centre de la masse de Dirac évolue et converge vers un état stable de la dynamique adaptative.

On commencera par présenter un modèle plus simple, en négligeant l'effet des mutations, pour nous permettre de présenter les idées principales. Puis nous considèrerons le modèle complet.

Dans notre approche, nous identifions comme limite formelle un problème aux valeurs propres, qui définit les grandeurs essentielles pour comprendre la dynamique de concentration ; la valeur propre principale est appelée "la fitness effective", et le vecteur propre associée "le profile en âge limite". La dynamique adaptative est alors décrite par une équation d'Hamilton-Jacobi (avec une croissance exponentielle en ∇u) faisant intervenir la fitness effective, et pour laquelle nous construisons une solution globale au sens des viscosités. Enfin, dans le cas sans mutations, la convergence forte est montrée par une methode dite "d'Entropie Généralisée".

Le modèle: on étudie $m_\varepsilon(t, x, y)$, fonction du temps $t \geq 0$, de l'âge $x \geq 0$ et du trait phénotypique $y \in \mathbb{R}^n$, solution de

$$\begin{cases} \varepsilon \partial_t m_\varepsilon(t, x, y) + \partial_x [A(x, y)m_\varepsilon(t, x, y)] + (\rho_\varepsilon(t) + d(x, y)) m_\varepsilon(t, x, y) = 0, \\ A(x = 0, y)m_\varepsilon(t, x = 0, y) = \frac{1}{\varepsilon^n} \int_{\mathbb{R}^n} \int_{\mathbb{R}_+} M\left(\frac{y'-y}{\varepsilon}\right)b(x', y')m_\varepsilon(t, x', y')dx'dy', \\ m_\varepsilon(t = 0, x, y) = m_\varepsilon^0(x, y) > 0. \end{cases}$$

où $\rho_\varepsilon(t) = \iint m_\varepsilon(t, x, y)dx dy$ la densité de population totale, $A(x, y)$ la vitesse de vieillissement, $d(x, y)$ le taux de mortalité, $b(x, y)$ le taux de natalité et $M(z)$ un kernel de mutations.

Références

- [1] S.NORDMANN, B.PERTHAME, & C.TAING, *Dynamics of Concentration in a Population Model Structured by Age and a Phenotypical Trait*, Acta Appl Math (2017). <https://doi.org/10.1007/s10440-017-0151-0>

Samuel NORDMANN, Centre d'Analyse Mathématique et Sociale, École des Hautes Études en Sciences Sociales, 54 Boulevard Raspail, 75006 Paris

samuel.nordmann@ehess.fr

Benoît PERTHAME, Laboratoire Jacques-Louis Lions, Université Pierre et Marie Curie, 4 place Jussieu, 75005 Paris

benoit.perthame@ljl.math.upmc.fr

Cécile TAING, Laboratoire Jacques-Louis Lions, Université Pierre et Marie Curie, 4 place Jussieu, 75005 Paris
taing@ljl.math.upmc.fr