

20 Mai 2022

# Séminaire MEE : Modélisation en Ecologie et Evolution



## Localisation

Université Paul Valéry-Montpellier 3  
Av. Saint-Charles,  
34090 Montpellier

## Organisateurs

Anjelica LECONTE – [anjelica.leconte@cefe.cnrs.fr](mailto:anjelica.leconte@cefe.cnrs.fr)  
Angélique PORCIANI – [angelique.porciani@ird.fr](mailto:angelique.porciani@ird.fr)  
Paul TACONET – [paul.taconet@ird.fr](mailto:paul.taconet@ird.fr)

## A propos du MEE

Le séminaire MEE (Models in Ecology and Evolution) est organisé par des doctorants et post-docs et s'adresse aux jeunes chercheurs (M.Sc, doctorants, post-docs...) intéressés par les approches théoriques en écologie et évolution, avec trois objectifs majeurs :

- Donner un aperçu des techniques actuelles de modélisation utilisées dans la recherche en écologie et évolution : quels outils pour quelles questions ?
- Créer un espace d'échange entre les différentes approches méthodologiques pour identifier les similitudes et les complémentarités.
- Discuter de l'intérêt des produits de modélisation pour les chercheurs en écologie évolutive comme pour le grand public.

Le comité d'organisation remercie tous les participants ainsi que le CeMEB pour le financement.

## Programme de la journée

9h-9h30	Accueil Café viennoiserie
9h30-9h45	Ouverture
9h45-10h30	Dynamiques évolutives des interactions antagonistes et mutualistes: implications pour la structure, stabilité et fonctionnement des réseaux écologiques. Nicolas Loeuille
10h30-11h	Utilisation des modèles mathématiques pour l'étude des dynamiques spatiales et temporelles des mosaïques de végétations en savanes humides. Valaire Yatat
11h-11h30	Pause-café
11h30-12h	Prédire le potentiel invasif d'une espèce à partir de données génomiques : une étude de cas chez le ravageur des cultures <i>Drosophila suzukii</i> . Louise Camus
12h-12h30	Etude conjointe de la variation démographique et de la structure génétique temporelle lors d'un événement de sélection directionnelle. Meline Saubin
12h30-14h	Pause déjeuner
14h-14h45	Les modèles comportementaux comme outils d'aide à la gestion durable des espèces exploités: le cas des thons tropicaux. Manuela Capello
14h45-15h15	Modèles de distribution d'espèces par réseaux de neurones convolutifs et interprétation. Benjamin Deneu
15h15-15h45	Quand les méta-écosystèmes rencontrent la stoichiométrie : complémentarité spatiale et rétroactions à l'échelle du paysage. Benoit Pichon
15h45-16h15	Pause-café
16h15-16h45	Prédiction de la dynamique épidémiologique d'E.Coli au cours de l'infection par le bactériophage T7. Yoann Anciaux
16h45-17h15	Trajectoires d'exploitations agricoles en savane sud-soudanienne : d'une agriculture vivrière à un agroélevage durable. Maximilien Cosme
17h15-17h45	Clôture de la journée

## Dynamiques évolutives des interactions antagonistes et mutualistes : implications pour la structure, stabilité et fonctionnement des réseaux écologiques

Nicolas Loeuille

Sorbonne Université – IESS Paris

email : [nicolas.loeuille@sorbonne-universite.fr](mailto:nicolas.loeuille@sorbonne-universite.fr)

Alors que la plupart des travaux en écologie et évolution se concentrent sur un seul type d'interaction, de nombreux traits couplent les interactions antagonistes et mutualistes. La phénologie d'une espèce donnée, par exemple, sert de base sélective à ses ennemis et à ses alliés. La production de signaux honnêtes peut également être utilisée comme signal pour les deux types d'interacteurs. Se défendre contre les ennemis (par exemple, les défenses anti-herbivores) pourrait polluer ou réduire les récompenses pour les alliés (eg, nectar toxique). La dynamique éco-évolutive de tels traits couple donc directement les interactions positives et négatives dans les réseaux écologiques. A l'aide d'un modèle simple basé, je montrerai d'abord que l'évolution des deux types d'interaction conduit à des niveaux de diversité contrastés et à des architectures de réseaux très différentes. L'évolution des interactions mutualistes conduit à une faible diversité et à des réseaux imbriqués tandis que l'évolution dans un contexte antagoniste conduit à une plus grande diversité et à des réseaux plus modulaires. Ensuite, prenant en compte les deux types d'interaction, je discuterai de la manière dont leur interaction pourrait affecter la coexistence et la diversification des espèces. Un équilibre entre les deux interactions est requis pour la coexistence des espèces d'un point de vue écologique, mais un tel équilibre favorise également la diversification lorsque l'évolution est prise en compte. Je discuterai enfin de la manière dont ces résultats pourraient être liés à des observations empiriques.

## Utilisation des modèles mathématiques pour l'étude des dynamiques spatiales et temporelles des mosaïques de végétations en savanes humides.

**Valaire Yatat**

National Advanced School of Engineering of Yaoundé (POLYTECHNIC)

email : [yatat.valaire@gmail.com](mailto:yatat.valaire@gmail.com)

Le biome de la savane englobe des variations de physionomies végétales qui traduisent des réponses dynamiques complexes des plantes aux gradients de précipitations allant des forêts tropicales aux déserts chauds. Ces réponses sont façonnées par les interactions entre les plantes ligneuses et les plantes herbacées qui peuvent être directs, régulées par des perturbations (par exemple, un incendie) ou les deux. Il est observé sur le terrain que plusieurs physionomies végétales (très contrastées) peuvent coexister durablement dans les savanes humides suggérant une multi-stabilité (c'est-à-dire une mosaïque de végétation). Dès lors, une question majeure consiste à comprendre/caractériser comment les incendies peuvent impacter les dynamiques spatiales et temporelles de ces mosaïques. Dans cet exposé, je vais présenter certains modèles récents conçus pour étudier la dynamique des savanes humides en préconisant des modèles minimalistes qui capturent les processus essentiels. Notamment, sur la base de la fréquence des incendies et du paramètre des précipitations annuelles moyennes, plusieurs dynamiques de mosaïques végétales sont présentées.

## Prédire le potentiel invasif d'une espèce à partir de données génomiques : une étude de cas chez le ravageur des cultures *Drosophila suzukii*

Louise Camus

CBGP (Centre de Biologie pour la Gestion des Populations), Montpellier

email : [louise.camus@inrae.fr](mailto:louise.camus@inrae.fr)

Changement climatique et mondialisation des échanges sont autant de facteurs qui favorisent les invasions biologiques avec des conséquences négatives possiblement importantes sur la biodiversité, l'agriculture ou la santé publique. Dans le cas des espèces de bio-agresseurs, la prédiction du risque d'établissement et de diffusion de populations en dehors de leur aire native représente donc un défi majeur. Pour répondre à cette problématique, les méthodes issues de la génomique des populations semblent particulièrement appropriées. Elles permettent en effet de mieux comprendre les facteurs favorisant l'adaptation locale des populations en valorisant l'information génétique, mais nécessitent d'être capable d'analyser des données de très grandes dimensions. A titre d'illustration, nous nous sommes ici intéressés à l'espèce d'insecte ravageur *Drosophila suzukii*, originaire d'Asie, qui a rapidement envahi les continents américain et européen à partir du début des années 2010. En combinant divers jeux de données publics, nous avons estimé les fréquences alléliques de 3,224,737 marqueurs génétiques de type SNP sur des échantillons représentatifs de 43 populations provenant des aires natives et envahies. Nous avons ensuite utilisé la méthode de machine learning dite de « Gradient Forest » basée sur des forêts aléatoires pour modéliser l'association entre ces fréquences alléliques et 19 variables bioclimatiques. Le triple objectif de cette analyse était i) de tenter d'identifier les variables les plus liées à l'adaptation locale, et pouvant donc influencer la dynamique d'invasion ; ii) d'évaluer le degré de maladaptation des différentes populations à un environnement différent de celui de leur lieu d'origine à partir de l'information génétique en utilisant un indice dit de « genomic offset » ; iii) d'évaluer dans quelle mesure cet indice est un bon indicateur du potentiel invasif de certaines populations et des zones géographiques à risque, en comparant les mesures obtenues à la dynamique d'invasion précédemment estimée de *D. suzukii*.

## Etude conjointe de la variation démographique et de la structure génétique temporelle lors d'un événement de sélection directionnelle

Méline Saubin

Université de Lorraine

email : [meline.saubin@inrae.fr](mailto:meline.saubin@inrae.fr)

Dans les agroécosystèmes, l'utilisation d'hôtes résistants est cruciale pour faire face aux épidémies de phytopathogènes. Le déploiement massif d'une résistance peut toutefois exercer une forte pression sélective sur les agents pathogènes, notamment lorsqu'elle est basée sur l'interaction gène pour gène. Une telle pression de sélection, intense et unidirectionnelle, peut également entraîner des variations démographiques importantes et rapides chez la population d'agents pathogènes (Persoons et al. 2017, Saubin et al. 2021). Néanmoins, l'état actuel des connaissances décrit peu l'influence de ce type d'événements sur l'évolution génétique des agents pathogènes. Dans cette étude, nous modélisons la dynamique démographique de populations d'agents pathogènes pendant un contournement de résistance. Nous suivons l'évolution génétique de ces populations à la fois au locus de virulence et au niveau de marqueurs neutres. Nous cherchons à comprendre l'interaction entre démographie et évolution génétique, afin d'évaluer l'impact des événements sélectifs sur la structure génétique d'une population d'agents pathogènes. A partir d'une analyse de classification sur l'évolution temporelle d'indices de génétique des populations, nous avons déterminé différents groupes de trajectoires évolutives fortement conditionnés par la démographie. En particulier, la variabilité des trajectoires démographiques nous permet d'identifier certains cas extrêmes de différenciation de populations suite à des événements de sauvetage évolutif. Nous pouvons ainsi déterminer les paramètres démographiques qui influencent le plus les variations temporelles des indices de génétique des populations. En plus de cette compréhension théorique, le couplage de ce modèle démogénétique avec des données temporelles peut permettre d'inférer les paramètres démographiques d'une population d'agents pathogènes, conjointement à la pression de sélection.

## Les modèles comportementaux comme outils d'aide à la gestion durable des espèces exploités : le cas des thons tropicaux

Manuela Capello

MARBEC, Univ Montpellier, CNRS, Ifremer, IRD, Sète

email : manuela.capello@ird.fr

De nombreuses espèces marines et terrestres vivent en groupe, dont la taille, la structure et la dynamique dépendent des types d'interactions sociales en jeu. Les bancs de poissons ou les volées d'oiseaux sont des exemples typiques de tels groupes chez les vertébrés. Les propriétés de l'environnement dans lequel ces animaux se déplacent peuvent également façonner la structure et la taille de ces groupes. En particulier, la présence d'hétérogénéités spatiales dans les milieux naturels peut engendrer des phénomènes d'agrégation, où des groupes d'animaux se localisent sur certains sites, qui, par leurs caractéristiques, sont plus attractifs que d'autres. Pour rendre compte du comportement des animaux sociaux en milieu naturel, il faut relier ces échelles éthologiques (comportement en groupe) et écologiques (hétérogénéités environnementales). Dans ce séminaire, des approches de modélisation qui étudient les groupes d'animaux sociaux dans des environnements hétérogènes constitués d'un ensemble de sites attractifs sont présentées. Les propriétés de ces modèles sont étudiées en considérant le cas d'étude des bancs de thons tropicaux et leur comportement associatif avec des objets flottants, une question d'intérêt mondial, étant donné les milliers d'objets flottants introduits par la pêche industrielle aux thons tropicaux dans le monde entier. Les effets d'un nombre croissant de sites d'agrégation (objets flottants) sur les bancs de thons sont étudiés, en tenant compte de la dynamique d'association des bancs de thon, ainsi que la dynamique de fission et de fusion des bancs. Ces études visent à fournir des avis scientifiques pour aider à la gestion des pêcheries thonières tropicales. Ils offrent un cadre général de modélisation pour étudier les espèces sociales dans des environnements hétérogènes qui permet d'évaluer les impacts des changements d'habitats sur les groupes d'animaux sociaux.



## Modèles de distribution d'espèces par réseaux de neurones convolutifs et interprétation

Benjamin Deneu

LIRMM et AMAP, Montpellier

email : benjamin.deneu@inria.fr

Les modèles de répartition des espèces (SDM) sont des outils en écologie pour prédire la répartition géographique des espèces à partir de données environnementales. Nous étudions ici l'utilisation de réseaux de neurones convolutifs (CNN) dans le contexte des SDMs. Nous proposons de comparer ces modèles à d'autres modèles de l'état de l'art ainsi que d'étudier et d'expliquer les performances via différentes analyses numériques et visuelles. Nous montrons que les CNNs peuvent capturer de l'information liée à la structure locale de l'environnement via l'utilisation de tenseurs et que l'apprentissage sur un grand nombre d'espèces simultanément permet de gagner en performance sur les espèces ayant peu de données. Les CNNs permettent également l'utilisation de données de télédétection haute résolution (images satellitaires, vue aériennes, ...) pour des prédictions à grande échelle et à fine résolution spatiale, nous montrons que le modèle capture des informations directement liées à l'environnement et à l'écologie des espèces par la seule utilisation de ces données de télédétection.

## Quand les méta-écosystèmes rencontrent la stœchiométrie : complémentarité spatiale et rétroactions à l'échelle du paysage

**Benoît Pichon**

IESS Paris

email : [benoit.pichon@agroparistech.fr](mailto:benoit.pichon@agroparistech.fr)

Les écosystèmes sont ouverts et connectés à l'échelle du paysage par de la dispersion d'espèces, des flux de ressources et d'énergie. Ces flux spatiaux impactent le fonctionnement et la stabilité locale des écosystèmes. La majorité des études théoriques sur le sujet se sont intéressées au rôle quantitatif de la diffusion de ressources et la dispersion d'espèces. Or, les flux spatiaux de ressources sont aussi caractérisés par leur qualité. Par exemple, la litière de plantes alimente les rivières en carbone tandis que les poissons ou l'émergence d'insectes aquatiques fournissent jusqu'à 25% de l'azote utilisé en forêt. De plus, localement, les organismes en milieu aquatique et terrestre ont des stœchiométries différentes. Cela suggère que l'impact des flux de ressources à l'échelle du méta-écosystème dépend des besoins locaux des communautés et de la qualité des flux spatiaux. Ainsi, nous joignons l'écologie stœchiométrique et les méta-écosystèmes pour comprendre comment la qualité des ressources exportées influence la réponse des écosystèmes. Nous avons exploré comment ces flux de ressources interagissent avec les dynamiques des communautés locales et le fonctionnement des écosystèmes sous différents niveaux de limitation des organismes. Enfin, nous avons regardé et quantifié les rétroactions induites par ce couplage spatial.

## Prédiction de la dynamique épidémiologique d'E.Coli au cours de l'infection par le bactériophage T7

Yoann Anciaux

ISEM Université de Montpellier

email : [anciaux.yoann@gmail.com](mailto:anciaux.yoann@gmail.com)

Mesurer, décrire et prédire la co-évolution des bactéries et de leurs phages est essentiel pour le développement des bactériophages en tant que traitements antibactériens cliniques. Lors de l'étude de la dynamique épidémiologique des systèmes bactéries/phages, l'un des principaux problèmes est de trouver une mesure précise, haut débit et peu laborieuse, comme indicateur de la taille de la population bactérienne au fil du temps pendant l'infection par les phages. Dans notre étude, la production de cellules vivantes et la biomasse d'*Escherichia Coli* en présence du bactériophage T7 ont été mesurées en parallèle en temps réel, à l'aide de plusieurs mesures fluoro-luminométriques (Fluorescence avec CFP et bioluminescence), combinées à la densité optique (plus approximative). Nous avons évalué la capacité des principaux modèles épidémiologiques de type Sensible/Infecté/Phage (SIP) de la littérature à ajuster conjointement ces cinétiques bactériennes et leur cohérence mutuelle comme test de validité du modèle. L'utilisation de ces trois mesures fluoro-luminométriques combinées à leur modélisation théorique permet de décrire avec précision la dynamique des infections. Une telle paramétrisation de la dynamique épidémiologique ouvre des perspectives sur la prédiction de la cinétique de co-évolution dans les systèmes bactérie/phage.

## Trajectoires d'exploitations agricoles en savane sud-soudanienne : d'une agriculture vivrière à un agroélevage durable

Maxilien Cosme

Université de Lorraine

email : maxilien.cosme@protonmail.com

Les exploitations agricoles d'Afrique sub-saharienne luttent pour maintenir et améliorer leurs conditions de vie à travers des événements tels que des investissements et l'adoption de nouvelles pratiques. L'efficacité de ces investissements et pratiques est contrainte par le contexte socio écologique (i.e. le capital et les activités déjà présents), lequel est lui-même dynamique. Par conséquent, il est nécessaire de tenir compte de ce contexte et de la chronologie de ces événements pour comprendre l'amélioration ou la détérioration des conditions de vie (i.e. la trajectoire) d'une exploitation agricole. Dans cette présentation, nous présentons un modèle décrivant les trajectoires d'une exploitation agricole générique du sud-ouest du Burkina Faso sous 64 scénarios différents (mêlant conditions environnementales et pratiques de gestion). Notre objectif est de comprendre dans quelles conditions et à travers quels événements une petite exploitation peut développer un agroélevage durable. Pour ce faire, nous utilisons un formalisme à événements discrets reposant sur des règles "si-alors" modifiant la valeur des variables et décrivant des événements économiques et écologiques. Ces règles sont issues d'une revue de la littérature, d'entretiens avec des experts et des observations directes. Le modèle calcule ainsi l'ensemble des trajectoires qu'une exploitation peut prendre. En nous appuyant sur les types et trajectoires d'exploitation observés empiriquement dans un village, nous vérifions les prédictions du modèle par une méthodologie appelée model-checking. Le modèle prédit l'ensemble des types et trajectoires d'exploitations observées empiriquement. De plus, il met en avant le rôle central du bétail et des équipements agricoles dans le développement d'un agroélevage durable par les exploitations les plus pauvres. Malgré leur nature qualitative, les prédictions de notre modèle sont en adéquation avec la connaissance disponible pour ce système et fournissent des explications économiques et écologiques sur les trajectoires des exploitations.

Montpellier | 2022

## Notes

Montpellier | 2022

## Notes

Montpellier | 2022

## Notes

## Montpellier | 2022

[illegible]



## Montpellier | 2022

[illegible]

