

# Les modèles de Lotka Volterra Généralisés: intérêts et limites en écologie microbienne

Jérome Harmand

#### ▶ To cite this version:

Jérôme Harmand. Les modèles de Lotka Volterra Généralisés: intérêts et limites en écologie microbienne. Webinaire "Comprendre et valoriser les communautés microbiennes", Sep 2020, Web, France. hal-02954427

HAL Id: hal-02954427 https://hal.inrae.fr/hal-02954427

Submitted on 1 Oct 2020

**HAL** is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers. L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

### INRAO

Les modèles de Lotka Volterra Généralisés intérêts et limites en écologie microbienne

J. Harmand, SAMI, LBE, Narbonne https://sites.google.com/site/pagewebharmandjerome/

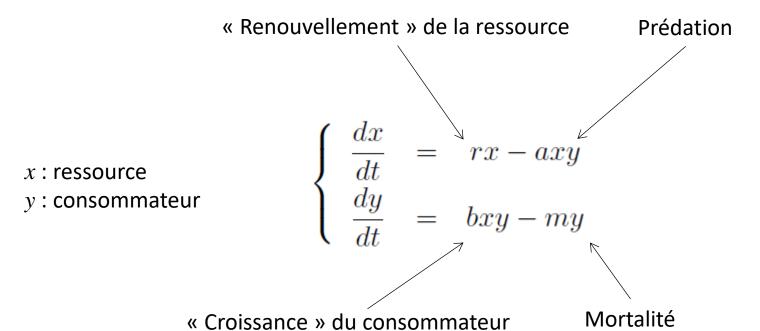
## Les modèles de relation « ressourceconsommateur »

- Modèles récents ;
- Utilisés par plusieurs communautés (écologie mathématique, écologie générale, biotechnologues, microbiologistes, physiciens...) et développés en parallèle (peu d'interactions entre ces communautés);
- Présence ou pas de la dynamique des ressources.

- Le modèle logistique (1840)
- Le modèle de Lotka-Volterra (1925)
- Le modèle de Gause (1936)
- Le modèle de Rosenzweig-MacArthur (1963)
- Le modèle de Arditi-Ginzburg (1989)



# Le modèle de Lotka-Volterra

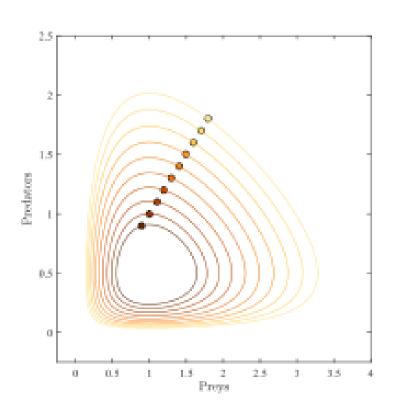


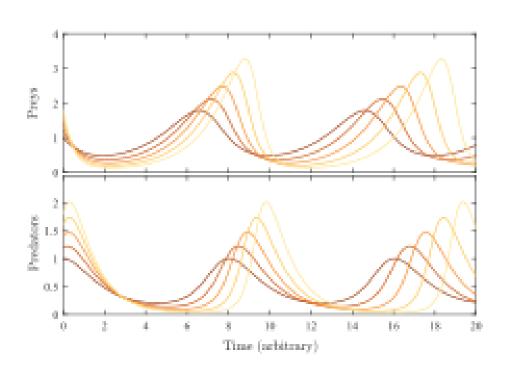
- Milieu « ouvert »;
- Pas d'influence de l'environnement sur la dynamique du système.

Lotka, A. J. (1920) Analytical Note on Certain Rhythmic Relations in Organic Systems, P. N.A.S., vol. 6, n°7, p. 410-415.



# Le modèle de Lotka-Volterra

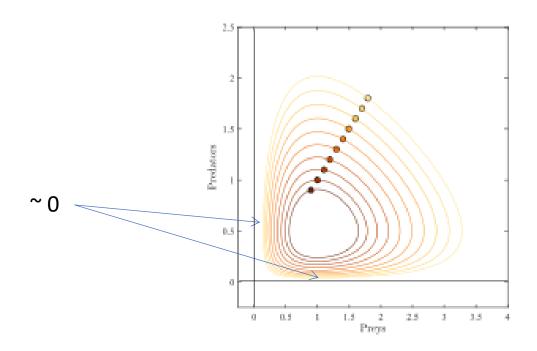






# Le modèle de Lotka-Volterra : critiques

- Présente un comportement « complexe »...mais critiquable à plus d'un titre :
  - 1. En l'absence de prédateurs, la ressource croit exponentiellement!
  - 2. Plus il y a de proies et de prédateurs initialement, plus les populations risquent de s'éteindre à un instant du cycle...





p. 5

# Le modèle de Lotka-Volterra : extensions (Gause)

$$\frac{dx}{dt} = rx - \frac{1}{Y}\mu(x)y$$

$$\frac{dy}{dt} = (\mu(x) - m)y$$

$$x > \alpha : \mu(x) = \frac{\mu_{\max} x}{e + x}$$

$$x \le \alpha : \mu(x) = 0$$

- Permet de limiter les risques d'extinction (effet « refuge ») mais...
- ...ne résout pas le pb de la croissance à l'infini des ressources en l'absence de prédateurs....

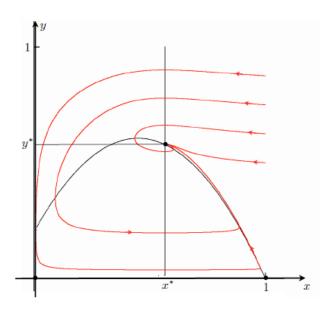
Gause G., The struggle for existence, Courier Corporation, 1934, translated from Russian in 1971.

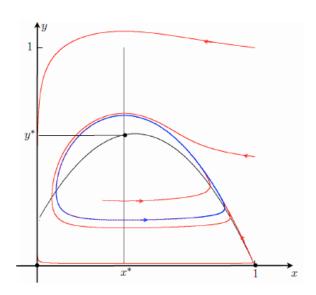


# Le modèle de Lotka-Volterra : extensions (Rozenweig Mc Arthur)

$$\frac{dx}{dt} = rx - \alpha x^2 - \frac{\mu_{\text{max}} x}{e + x} y$$

$$\frac{dy}{dt} = \left( c \frac{\mu_{\text{max}} x}{e + x} - m \right) y$$





- En fonction des valeurs des paramètres, soit on a un équilibre positif stable...
- ...soit un cycle.



# Le modèle de Lotka-Volterra : la logistique...

Le modèle logistique, qui jour un rôle important dans ce qui précède :

$$\frac{dx}{dt} = rx - \alpha x^2$$

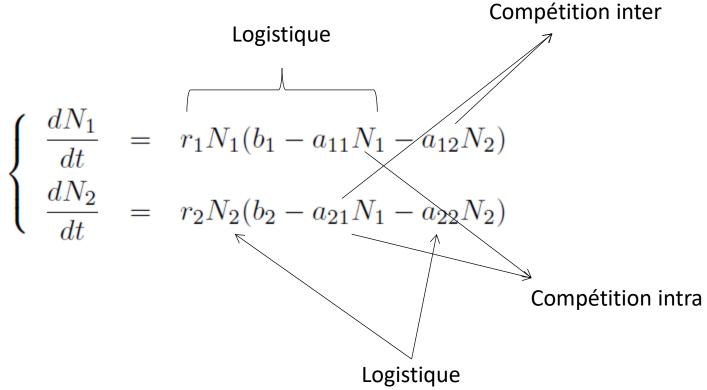
est « équivalent » à un modèle de réacteur « fermé (batch) » où interagirait un microorganisme avec une ressource :

$$\begin{cases} \frac{ds}{dt} = -\rho s x \\ \frac{dx}{dt} = +\rho s x \end{cases} \frac{d(s+x)}{dt} = 0 \quad s(t) + x(t) = S_o + x_o = M$$

$$s = M - x \qquad \frac{dx}{dt} = rx(1 - \frac{x}{K})$$



# Le modèle de Lotka-Volterra : extensions (compétition : « i » décroit si « j » croit)



- Pas de dynamique de la/des ressources
- Modèle (simple!) bien théorisé : plusieurs comportements sont possibles, y compris condition-initial dépendant
- Coexistence ssi intra > inter!



$$\dot{X}_i = \left(\mu_i \left(1 + \sum_{j=1}^n \alpha_{ij} X_j\right) - m_i\right) X_i$$

- SAUT QUALITATIF dans les années 50/60 avec l'arrivée des outils de simulation numérique
- Pas de dynamique de la/des ressources ;
- Si on autorise les paramètres à avoir des signes quelconques, « tous » les comportements sont possibles (y compris des explosions), et les comportements de coexistence peu « robustes » ;
- Modèle peu théorisé mais très utilisé pour des simulations numériques ;
- Peu « identifiable »

Michalski, J. and R. Arditi (1999). The complexity-stability problem in food web theory. What can we learn from exploratory models?, Advances in Environmental and Ecological Modelling, Elsevier.



$$\dot{X}_i = \left(\mu_i \left(1 + \sum_{j=1}^n \alpha_{ij} X_j\right) - m_i\right) X_i$$

- SAUT QUALITATIF dans les années 50/60 avec l'arrivée des outils de simulation numérique
- Pas de dynamique de la/des ressources;
- Si on autorise les paramètres à avoir des signes quelconques, « tous » les comportements sont possibles (y compris des explosions), et les comportements de coexistence peu « robustes »;
- Modèle peu théorisé mais très utilisé pour des simulations numériques ;
- « Peu identifiable ».

Michalski, J. and R. Arditi (1999). The complexity-stability problem in food web theory. What can we learn from exploratory models?, Advances in Environmental and Ecological Modelling, Elsevier.



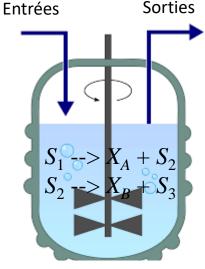
$$y=(a+b)x$$

Le modèle est non identifiable car quel que soit le nombre d'expériences  $(x_i,y_i)$  que l'on fasse, on ne pourra jamais qu'identifier c=a+b!



## >

#### Le modèle de Lotka-Volterra Généralisé



$$\dot{X}_{A} = (\mu_{A}(S_{1}) - D)X_{A}$$

$$\dot{X}_{B} = (\mu_{B}(S_{2}) - D)X_{B}$$

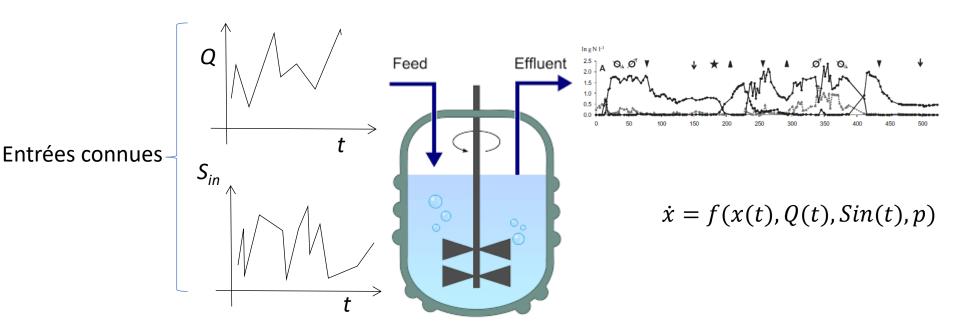
$$\dot{S}_{1} = (S_{in} - S_{1})D - \frac{1}{Y_{A}}\mu_{A}(S_{1})X_{A}$$

$$\dot{S}_{2} = -S_{2}D + \frac{1}{Y_{A}}\mu_{A}(S_{1})X_{A} - \frac{1}{Y_{B}}\mu_{B}(S_{2})X_{B}$$

$$\dot{S}_{3} = -S_{3}D + \frac{1}{Y_{B}}\mu_{B}(S_{2})X_{B}$$

$$\begin{split} \dot{X}_i \Big|_{i=1..n_A + n_B} &= \left[ \mu_i(.) \left( 1 + \sum_{j=1}^{j=n_A + n_B} a_{ij} X_j \right) - D \right] X_i \\ \dot{S}_1 &= (S_{in} - S_1) D - \frac{1}{Y_A} \sum_{i=1}^{i=n_A} \left[ \mu_i(S_1) \left( 1 + \sum_{j=1}^{j=n_A + n_B} a_{ij} X_j \right) X_i \right] \\ \dot{S}_2 &= -S_2 D + \frac{1}{Y_A} \sum_{i=1}^{i=n_A} \left[ \mu_i(S_1) \left( 1 + \sum_{j=1}^{j=n_A + n_B} a_{ij} X_j \right) X_i \right] - \frac{1}{Y_B} \sum_{i=n_A + 1}^{i=n_A + n_B} \left[ \mu_i(S_2) \left( 1 + \sum_{j=1}^{j=n_A + n_B} a_{ij} X_j \right) X_i \right] \\ \dot{S}_3 &= -S_3 D + \frac{1}{Y_B} \sum_{i=n_A + 1}^{i=n_A + n_B} \left[ \mu_i(S_2) \left( 1 + \sum_{j=1}^{j=n_A + n_B} a_{ij} X_j \right) X_i \right] \end{split}$$







Identification paramétrique (avec éventuellement des problèmes « d'identifiabilité »)

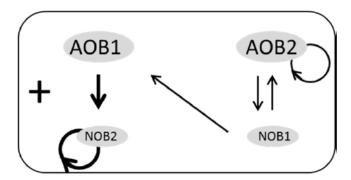


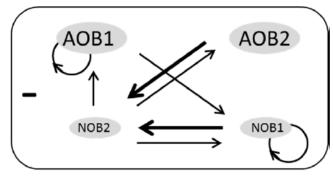
$$y=(a+b)x$$

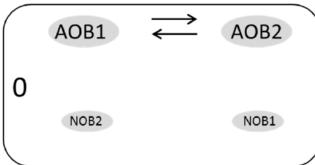
A partir des expériences, on trouve plusieurs jeux de valeurs pour a et b, par exemple (1,3), (2,2), (4,0) mais jamais (-1,5) ou (-2,6).

Pour revenir au travail précédent, on a montré que les signes des interactions trouvées étaient robustes.









#### Etant donnés:

- 1. Un modèle
- 2. Des données
- On a identifié un réseau d'interactions...
- ...mais le modèle étant non identifiable, on a en fait proposé des jeux de valeurs des paramètres...
- ...dont a montré que les signes étaient constants quels que soient les jeux de paramètres identifiés!

Dumont, M., J. Harmand, A. Rapaport and J. J. Godon (2009): "Towards functional molecular fingerprints", Environmental Microbiology, Vol. 11, No. 7, pp. 1717-1727.

Dumont, M., J. J. Godon and J. Harmand (2016) Species coexistence in nitrifying chemostats: a model of microbial interactions, Processes, Vol. 4, No. 4, pp. 51; doi:10.3390/pr4040051.



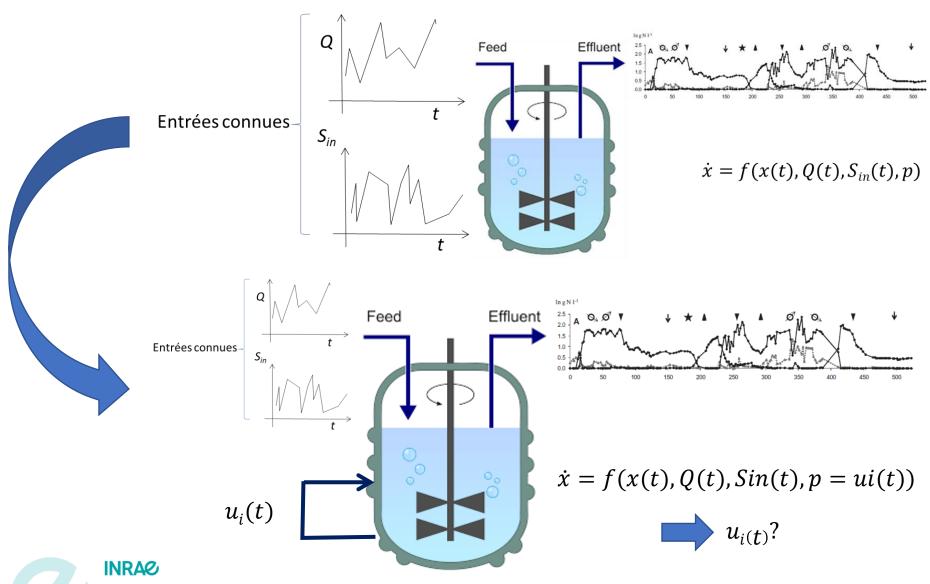
Le modèle de LVG précédent souffre d'importantes limites : interactions 2 à 2 seulement, paramètres non identifiables...

#### On change donc totalement de point de vue :

Et si les interactions « pilotaient » le système?

$$\dot{x}_{i} = (f_{i}(s)u_{i}(t) - D) x_{i} \quad \forall i \in G_{1} 
\dot{x}_{i} = (f_{i}(s)u_{i}(t) - D) x_{i} \quad \forall i \in G_{2} 
\dot{s}_{1} = (s_{in} - s_{1})D - \sum_{i \in G_{1}} \frac{1}{y_{i}} f_{i}(s)u_{i}(t) x_{i} 
\dot{s}_{2} = -s_{2}D + \sum_{i \in G_{1}} \frac{1}{y_{i}} f_{i}(s)u_{i}(t) - \sum_{i \in G_{2}} \frac{1}{y_{i}} f_{i}(s)u_{i}(t) x_{i} 
\dot{s}_{3} = -s_{3}D + \sum_{i \in G_{2}} \frac{1}{y_{i}} f_{i}(s)u_{i}(t) x_{i}$$

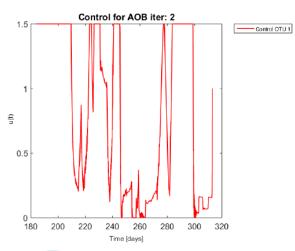


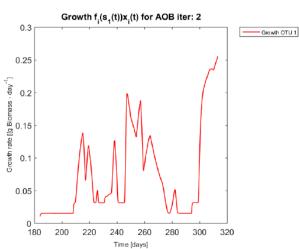


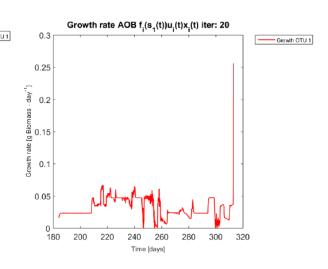
min 
$$\int_{0}^{T} ||y - z||_{Q} + ||(u - \vec{1})||_{R} dt$$
s.t.  $(x, s_{1}, s_{2}, s_{3})$  solution of (34)
$$u_{i}(t) \in [0, \bar{u}]$$

On ne calcule pas d'interactions entre espèces MAIS la somme des interactions qui pondèrent les croissances de chaque espèce :

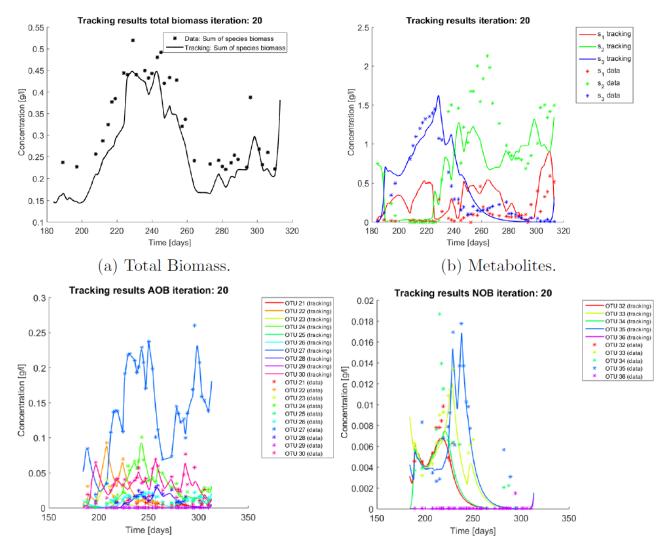
$$\left(1 + \sum_{j \in [n]} a_{ij} x_j\right)$$













- Le modèle de LVG est assez utilisé en écologie microbienne ;
- Les limites sont une modélisation limitée à des interactions 2 par 2...
- ...et un ensemble de paramètres qui ne sont pas identifiables ;
- Des alternatives existent mais qui ne permettent pas de remonter aux interactions entre deux espèces, interactions qui manifestement sont variables au cours du temps ;
- Quand bien même, ces approches ne permettent pas, à ce jour, de faire le lien avec des mécanismes d'interactions...
- Le couplage avec des modèles métaboliques pourrait venir améliorer les prédictions et permettre de découvrir/mettre en évidence des mécanismes d'interactions...



