

Les journées de l'agence Lebesgue

Mathématiques et agronomie

Saint-Gilles, INRA, Grande salle Yves Henry

Jeudi 15 novembre 2018

Suite à la première journée mathématiques et agronomie du jeudi 8 décembre 2016 des collaborations se sont mises en place. Le jeudi 15/11/2018, nous ferons une présentation de ces différents projets en cours ainsi que de nouvelles thématiques pouvant susciter d'autres collaborations.

Cette journée sera organisée autour d'exposés ayant pour but de présenter les travaux menés en collaboration ou des sujets d'étude qui pourraient conduire à des collaborations. Ils seront suivis d'un temps de discussion afin de favoriser les échanges scientifiques autour du thème abordé.

Organisation de la Journée

- 9 h 30 [Accueil des participants et café](#)
- 10 h 00 Marie-Hélène Perruchot (INRA-PEGASE) et Fabrice Mahé (CHL-IRMAR) :
Comportement des populations de cellules souches adultes dans les tissus musculaires et adipeux chez l'animal en croissance et modèle mathématique
- 10 h 35 Mohsen Davoudkhani (INRA-PEGASE) : *Economic and environmental optimization of pig fattening units*
- 11 h 10 Melen Leclerc (INRA-IGEPP) : *Assessing how biological controls affect the spatiotemporal dynamics of cryptic plant diseases from time-series data*
- 11 h 45 Frédéric Hamelin (INRA-IGEPP) : *Taking advantage of pathogen diversity and plant immunity to minimize disease prevalence and slow down epidemic spread*
- 12 h 20 Repas
- 14 h 00 Jérôme Bugeon (INRA-LPGP) et Fabrice Mahé (CHL-IRMAR) : *Modélisation de la croissance de la truite arc-en-ciel (*Oncorhynchus mykiss*) en élevage*
- 14 h 35 Violette Thermes (INRA-LPGP) et Fabrice Mahé (CHL-IRMAR) : *Dynamique et régulation de la fécondité chez le poisson*
- 15 h 10 Pause café
- 15 h 40 Nicolas Parisey (INRA-IGEPP) : *Some considerations on optimal experimental design for population dynamics*
- 16 h 20 Alain Carpentier (INRA-SMART) : *Using farm accountancy data to estimate crop rotation effects*
- 17 h [Fin de la journée](#)

L'inscription est gratuite, mais obligatoire (avant le 1^{er} novembre) pour participer au déjeuner. Les frais de déplacement pourront être pris en charge.

Contacts : Florence Garcia-Launay, florence.garcia-launay@inra.fr

Fabrice Mahé, fabrice.mahe@univ-rennes1.fr

Xhensila Lachambre, xhensila.lachambre@univ-rennes1.fr

Résumé des exposés

Comportement des populations de cellules souches adultes dans les tissus musculaires et adipeux chez l'animal en croissance et modèle mathématique

Marie-Hélène Perruchot (INRA-PEGASE), Isabelle Louveau, Fabrice Mahé, Éric Darrigrand, Orlane Duport

Depuis peu, la manipulation des cellules souches adultes est considérée comme une nouvelle solution pour contrôler le nombre et les types de cellules différenciées dans un tissu. L'implication de ces cellules chez l'animal en croissance reste largement à caractériser. L'objectif de notre étude est d'analyser le comportement de cellules souches adultes, lors de la prolifération et la différenciation de ces dernières, dans différents tissus du porc en croissance ; les tissus étudiés étant le tissu musculaire et adipeux. Ce projet est porté à la fois par l'INRA (Institut National de la Recherche Agronomique) situé à Saint-Gilles, et par l'IRMAR (Institut de Recherche Mathématiques de Rennes). Les enjeux de cette étude étaient d'obtenir des informations supplémentaires sur le comportement des cellules souches pour pouvoir avoir une meilleure compréhension de la variabilité de la composition corporelle chez les porcs en croissance. Cette étude a permis de modéliser le comportement des populations de cellules souches adultes lors de la prolifération et la différenciation. Une analyse du modèle complet a également permis d'avoir un aperçu du comportement des populations de cellules lorsque la prolifération et la différenciation se font au même moment. En effet, une telle analyse était impossible *in vitro* car on ne peut observer les deux phénomènes en même temps. Cette étude a également permis d'obtenir des données supplémentaires à partir d'articles déjà parus ou d'expérimentations faites sur ces modèles cellulaires. On connaît par exemple le temps de division cellulaire global des cellules souches adultes dans le muscle et le tissu adipeux. L'étude menée ici a permis aux chercheurs d'appréhender différemment les méthodes d'analyse et de regarder une dynamique pour observer l'état des cellules au cours de leur prolifération puis de leur différenciation.

Economic and environmental optimization of pig fattening units

Moshen Davoudkhani (INRA-PEGASE)

Feeding strategies in pig fattening units are key factors of the economic result and environmental impacts of pig production. The choice of the feeding strategy is made under uncertainty of the economic context and additionally under uncertainty of feed nutritive value, associated to a growing use of coproducts. The study will answer to the following issue: How optimising the feeding strategy of a batch of fattening pigs on economic and environmental criteria under uncertainty of the context ? The project will aim at i) producing a model able to optimise the feeding strategy for a batch of fattening pigs under uncertainty of the context, ii) using the produced model to establish the effect of uncertainty of market prices and of feed nutritive value on optimal feeding strategies. For this purpose; the model will associate a individual based growth model of pigs (issued from InraPorc®), an evaluation of environmental impacts of pig production by Life Cycle Assessment, a feed formulator and a procedure of optimization of the feeding strategy.

Assessing how biological controls affect the spatiotemporal dynamics of cryptic plant diseases from time-series data

Melen Leclerc (INRA-IGEPP)

Résumé à venir

Taking advantage of pathogen diversity and plant immunity to minimize disease prevalence and slow down epidemic spread

Frédéric Hamelin (INRA-IGEPP), Pauline Clin, Florence Val, Frédéric Grognard.

The effects of pesticides on public health and the decline of biodiversity are alarming. Alternative methods to control plant diseases are urgently needed. Taking up this scientific challenge requires strong theoretical bases. Host mixtures are a promising component of future agro-ecological solutions but their design remains to be optimized. In plant disease epidemiology, whether and how host mixtures may reduce disease prevalence has long been studied, both theoretically and empirically. In particular, it is well known that pathogen diversity and plant immunity are key to the possible success of host mixtures against plant diseases. This is because pathogen genotypes that produce little or no symptoms on some plant genotypes trigger a long-lasting immune response protecting against subsequent infections from other pathogen genotypes; this is a form of cross immunity. However, this phenomenon was thus far absent from mathematical models aiming at designing host mixtures. In this study, we explored under which circumstances two pathogen genotypes can coexist in a mixture composed of two host genotypes, and how this affects the total prevalence of the disease. In addition, we assessed the ecological and epidemiological implications of cross immunity triggered by one pathogen genotype on one host genotype. We showed that there is an optimal fraction of each host genotype to be achieved to minimize disease prevalence. The existence of such an optimal fraction is a direct consequence of cross immunity. The stronger the host immune response, the stronger the reduction in disease prevalence brought by host mixtures. Our results highlight the importance of considering both pathogen diversity and plant immunity in designing optimal host mixtures. Future research in behavioral epidemiology may help achieving optimal mixtures in the field.

Modélisation de la croissance de la truite arc-en-ciel (*Oncorhynchus mykiss*) en élevage

Jérôme Bugeon (INRA-LPGP), Fabrice Mahé (CHL-IRMAR), Thibaud TOURNADRE

La maîtrise de la croissance des poissons est essentielle pour la performance d'un élevage trutticole. L'utilisation d'un modèle de croissance permet de piloter précisément son élevage. Le modèle établi par Muller-Feuga présente des limites sur des poissons de grandes tailles et au moment des périodes de reproduction. Notre objectif était d'obtenir un modèle plus performant sur l'ensemble du cycle d'élevage de la truite. Plusieurs modèles ont été testés et évalués en fonction de leur capacité à s'ajuster à des jeux de données réels. La modification du modèle de Muller-Feuga avec l'ajout d'une fonction prenant en compte la phase de reproduction a permis d'obtenir une bonne modélisation du poids moyen. Des données de croissance sur plusieurs cycles seraient nécessaires afin de pouvoir généraliser et valider ce nouveau modèle.

Dynamique et régulation de la fécondité chez le poisson

Violette Thermes (INRA-LPGP), Julien Bobe, Fabrice Mahé

La maîtrise de la quantité d'œufs produits à chaque cycle reproducteur (fécondité) est un enjeu important que ce soit pour la gestion des populations sauvages de poissons ou en tant que levier

d'amélioration de la compétitivité des élevages aquacoles. La dynamique globale de l'ovogenèse (taux et fréquence de recrutement, puis de croissance des ovocytes au sein de l'ovaire) peut être extrêmement variable que ce soit entre les différentes espèces de poissons, qui présentent des fécondités très variables, mais également au sein d'une même espèce en fonction des conditions environnementales. Les mécanismes qui gouvernent la dynamique de recrutement/croissance des ovocytes durant l'ovogenèse restent toutefois à ce jour peu connus, essentiellement en raison de difficultés méthodologiques inhérentes à l'histologie classique (2D sur coupes) qui ne permet pas d'accéder facilement à la totalité des ovocytes à l'échelle de l'ovaire entier.

Chez le médaka, un petit poisson d'aquarium à cycle de reproduction court utilisé pour étudier l'ovogenèse, nous avons récemment mis en évidence une vingtaine de miARNs exprimés de façon prédominante dans l'ovaire, dont un miARN (miR-202) jouant un rôle crucial pour le succès reproducteur femelle et notamment la fécondité. Les miARNs sont des régulateurs fins de l'expression des gènes qui sont impliqués dans le contrôle de nombreux processus biologiques et les données préliminaires dont nous disposons indiquent qu'il jouent un rôle important dans la régulation de la fécondité chez le médaka. L'objectif du projet DynaMo est de comprendre la dynamique globale de l'ovogenèse et le rôle des miARNs dans ce processus.

Some considerations on optimal experimental design for population dynamics

Nicolas Parisey (INRA-IGEPP)

Population dynamics in heterogeneous landscapes can be investigated using parsimonious reaction-diffusion models whose parameters can be inferred from geolocalised population measurements and remote sensing data. Such methodology is now well established for the study of beneficial insects and pest populations in agricultural landscapes. But the cost of landscape-scale experiments remains the main bottleneck against a rich interaction between empirical and modelling approaches.

We advocate that practitioners would greatly benefit from using optimal experimental design. To this extent, we aim at adapting and developing relevant methods, most notably by considering optimal sensors placement as an optimal design problem.

Using farm accountancy data to estimate crop rotation effects

Alain Carpentier (INRA-SMART), Alexandre Gohin, Fabienne Femenia, Romaric Sodjahin

Crop rotations effects are key features of environmentally friendly crop production practices but they are poorly documented. The aim of this article is to present an estimation approach of these effects based on farm accountancy data. Estimating crop rotation effects on yield and variable input use levels from farm accountancy data is a challenging issue since farmers crop sequence choices are not observed. We propose to devise this estimation problem as a Bi-level Programming (BLP) problem designed to estimate the crop rotation effects while simultaneously reconstructing farmers unobserved crop sequences from farmers observed (current and previous) crop acreages. Our estimation approach is based on a well-defined statistical background. It relies on simple crop sequence yield and input use models as well as on an assumption stating that farmers are economically rational when deciding their crop sequence acreages. Our estimation approach also makes use of expert knowledge information on crop rotation effects for guiding the construction of the crop rotation effect estimators. An illustrative application based on French farm accountancy data demonstrate that the proposed estimation approach yields meaningful crop rotation estimates when suitably implemented. Acknowledgement : This research has benefitted from financial support from the European Commission.

