

Modélisation de la multiplication du virus HIV

Hervé Le Meur

CNRS et Université Paris-Sud Bât. 425
91405 Orsay Cedex e-mail : Herve.LeMeur@math.u-psud.fr

François Dubois

CNAM spécialité mathématiques 292 rue Saint-Martin F-75141 Paris Cedex 03
Laboratoire de Mathématiques Université Paris-Sud Bât. 425, 91405 Orsay Cedex courriel :
Francois.Dubois@math.u-psud.fr

Claude Reiss

Vigilent Technologies, les Grands Pains, 38160 Chevrières courriel : cjreiss@yahoo.com

Mots clefs : prédateurs-proie, modélisation, biologie Actes de congrès, L^AT_EX

Les systèmes de prédateurs-proies sont très populaires, même au-delà du cercle des candidats à l'agrégation. Dans le but de modéliser la dynamique des lymphocytes du système immunitaire et des virus, plusieurs difficultés apparaissent :

- importance de l'antigénicité (une forme de signature de chaque lymphocyte et de chaque virus) ;
- phénomène de mutation qui entraîne une forme de diffusion (dans l'espace des antigénicités notamment) ;
- les prédateurs sont aussi des proies et réciproquement. Mais il y a une nette dissymétrie dans le type d'attaque des uns et des autres.

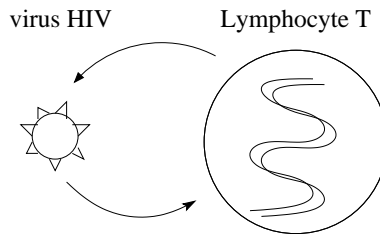


FIG. 1 – Le prédateur est aussi une proie ...

Nous justifierons la modélisation de ce phénomène par des équations d'évolution. Dans le cas d'une hypothèse simple, on peut en déduire un système d'EDP diffusives, mais cette hypothèse est non réaliste. Nous donnerons certaines propriétés de ce système dans des cas simples.

Références

- [1] A.S. PERELSON, *Modelling viral and immune system dynamics*, Nature Rev. Immunol. 2, 28-36 (2002). October 16, 2002
- [2] S. SNEDECOR, *Comparison of three kinetics models of HIV-1 infection : implications for optimization of treatment*, J. Theor. Biol. (2003) **221**, 519-541