

Modélisation des systèmes biologiques

Utilisation d'un logiciel de modélisation biologique

Jennifer Becq

13 mars 2010

1 Installation

1. Créez un répertoire TMP-Modelisation sur le bureau.
2. Téléchargez le logiciel *Populus* (version 5.4, *Windows without a JMV*, version anglaise) dans la section *Download* du site <http://www.cbs.umn.edu/populus/index.html>. Placez le fichier dans le répertoire que vous venez de créer.
3. Double-cliquez sur le fichier pour lancer l'installation. Choisissez le répertoire que vous venez de créer plutôt que C :/Program Files/ (sinon vous n'aurez pas les droits).
4. Lancez l'application. Pour la suite du TD, vous répondrez aux questions dans un document Word (ou OpenOffice) que vous sauvegarderez dans ce même répertoire (sous la forme NOM.doc ou NOM.odt).

2 Une population, modèle de Malthus

1. Rappelez l'équation différentielle qui décrit une croissance de population indépendante de la densité, selon le modèle de Malthus.
2. Quels sont les paramètres de ce modèle ? Que représentent-ils ?
3. Décrivez (à l'aide des TDs précédents) l'allure du champ de vecteurs de ce modèle (points d'équilibres, stabilité, comportement de la population).
4. Dans le logiciel *Populus*, sélectionnez le modèle Density-Independent Growth (Model → Single-Species Dynamics → Density-Independent Growth). Fixez $r = 0.9$ et $N(0) = 500$ et tracez la courbe d'évolution de la population jusqu'à $t = 100$ (View). Sauvegardez le graphique obtenu (File → Save output graph to file) et insérez-le dans votre compte-rendu. Légendez et commentez ce graphique.
5. Faites varier r ($r \in [0.4, 5, -0.9]$) et commentez par rapport à la première courbe.
6. Faites varier $N(0)$, qu'est-ce qui change ?

Pour la suite du TD, $r = 0.4$, $N(0) = 100$ et $t(\text{final}) = 100$.

3 Une population, modèle de Verhulst

1. Rappelez l'équation différentielle qui décrit une croissance de population dépendante de la densité.
2. Quel est le nouveau paramètre ? Que représente-t-il ?
3. Retrouvez les champs de vecteurs associés à ce modèle selon les valeurs des paramètres.
4. Dans le logiciel *Populus*, sélectionnez le modèle *Density-Dependent Growth*. Fixez le nouveau paramètre à 1000. Affichez la courbe de croissance de la population. Que se passe-t-il par rapport au modèle précédent ?
5. Que se passe-t-il si le nouveau paramètre est $< N(0)$? $= N(0)$? (Illustrez vos commentaires).

4 Une population, modèle de Verhulst avec de la pêche

1. Rappelez l'équation différentielle qui décrit une croissance de population selon le modèle de Verhulst, incluant un taux de pêche proportionnel à la population.
2. Rappelez les champs de vecteurs associés à ce modèle selon les valeurs de ce nouveau paramètre.
3. Ce modèle n'est pas implémenté par défaut dans *Populus*, il faut donc le faire soi-même. Ouvrez la section *Model* $\rightarrow$ *Interaction Engine*. Choisissez le nombre d'équations de votre modèle (*Number of Equations*), fixez t et $N(0)$. On choisira $r1 = r$, $r2 = \alpha$ et $a11 = K$. Écrivez l'équation différentielle avec ces 3 variables. Fixez $r1 = 0.4$ et $K = 500$.
4. Quel modèle obtient-on si $r2 = 0$?
5. Que se passe-t-il quand $r2 = 0.1$? $r2 = 0.35$? $r2 = 0.4$? et $r2 = 0.8$? Pouvait-on le prévoir ? (Illustrez vos commentaires).

5 Deux populations, modèle de Lotka-Volterra

1. Rappelez le système d'équations différentielles qui décrit un modèle Proies-Prédateurs.
2. Rappelez le comportement au cours du temps des populations de proies et de prédateurs.
3. Dessinez ces graphiques grâce au logiciel *Populus* (*Model* $\rightarrow$ *Multi-species Dynamics* $\rightarrow$ *Continuous Predator-Prey Models*), on fixera les populations initiales à 10 individus de chaque ($P_0 = N_0 = 10$), le taux de croissance des proies à 0.9 (r_1), de décroissance des prédateurs à 0.6 (d_2). Que se passe-t-il quand il n'y a pas d'interaction entre les deux populations (décroissance des proies C et croissance des prédateurs g suite à la prédation) ?
4. Fixez $C = 0.1$ et $g = 0.5$, que se passe-t-il ? Dessinez la courbe *Proies versus Prédateurs*.
5. Que se passe-t-il quand il y a plus de prédateurs que de proies au temps initial ($P_0 = 20$) ?
6. À l'inverse, quand il y a plus de proies que de prédateurs ($N_0 = 50, N_0 = 100$) ?

7. Remettez les valeurs initiales. Que se passe-t-il pour les populations quand le taux de décroissance par prédation des proies augmente (0.2, 0.4 et 0.8) ?
8. Remettez les valeurs initiales. Que se passe-t-il quand le taux de croissance par prédation des prédateurs augmente (0.8, 2.0) ?
9. Remettez les valeurs initiales. Que se passe-t-il à mesure que l'on diminue le taux de décroissance des prédateurs ? Est-ce à leur avantage ?
10. Remettez les valeurs initiales. Que se passe-t-il à mesure que l'on diminue le taux de croissance des proies ? Que l'on augmente le taux de croissance ? Dans quel cas est-ce à leur avantage ?
11. Quelle conclusion tirez-vous ? Pouvez-vous critiquer ce modèle ?

6 Infection virale

Dans cette partie, nous allons étudier des modèles d'infection virale d'une population. Il y a deux populations : le virus et l'hôte (l'humain par exemple), lui-même divisé en deux catégories, d'une part la population susceptible (et saine) (S) et d'autre part la population infectée (I). Les paramètres de ce modèle sont les suivants :

taux	nom	effet sur S	effet sur I
b	naissances	+	0
d	mort naturelle	−	0
β	infection par le virus	−	+
α	mort induite par le virus	0	−
ν	guérison	+	−

1. Écrivez le système d'équations différentielles associé à ce modèle.
2. Utilisez le logiciel *Populus* (Model → Multi-Species Dynamics → Host-Parasite Models → Infectious Microparasitic Diseases) pour prédire l'évolution de la population humaine en cas :
 - d'infection par un virus très contagieux et bénin
 - d'infection par un virus peu contagieux mais très dangereux
 - d'infection par un virus très contagieux et très dangereux

7 Conclusion

1. Sauvegardez votre compte-rendu sur une clé USB ou sur votre boîte mail.
2. Supprimez le répertoire TMP-Modelisation.