# Analyse Qualitative 2D - Applications

C. Wolf

avec les packages deSolve et PhaseR

## Exemple : Modèle de compétition

```
library(deSolve)
library(phaseR)
```

Nous allons maintenant faire l'étude qualtitative du modèle de compétition de lotka-Volterra à l'aide du package **PhaseR** 

$$\left\{egin{array}{lll} rac{dx}{dt} &=& r_1x-b_1xy \ rac{dy}{dt} &=& r_2y+b_2xy \end{array}
ight.$$

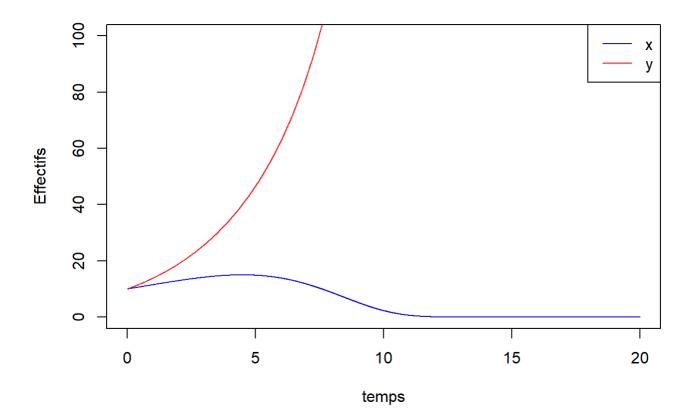
On rappelle que comme pour le package **deSolve** la fonction définissant le système doit respecter la syntaxe suivante :

```
Compet<- function(t, y, parameters) {
    x <- y[1]
    y <- y[2]
    r1 <- parameters[1]
    r2 <- parameters[2]
    c1 <- parameters[3]
    c2 <- parameters[4]
    dy <- numeric(2)
    dy[1] <- r1*x - c1*x*y
    dy[2] <- r2*y - c2*x*y
    list(dy)
}</pre>
```

Il est en particulier important que les 2 premiers arguments de la fonction soient le temps et un objet unique comportant les variables d'état, et qu'ensuite on ait un objet avec le(s) paramètre(s) éventuel(s).

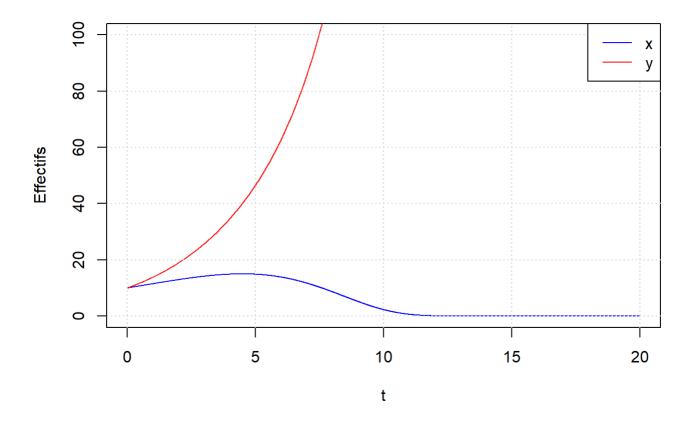
La fonction ode() du package solve s'utilise alors de la façon suivante :

```
parametres=c(r1=0.2,r2=0.4,c1=0.005,c2=0.007)
temps=seq(from = 0, to = 20, by = 0.01)
X0=c(10,10)
sol <- ode(y = X0, times = temps, func = Compet, parms = parametres)
plot(temps,sol[,2],col="blue",type="l",ylim=c(0,100),ylab="Effectifs")
lines(temps,sol[,3],col="red")
legend("topright",c("x","y"),col=c("blue","red"),lty=1)</pre>
```



Le package *PhaseR* permet aussi de simuler numériquement des trajectoires en fonction du temps :

```
numericalSolution(Compet, y0 = c(10,10), tlim =c(0, 20), type = "one", parameters = parametre s, col = c("blue", "red"), ylab = "Effectifs", ylim = c(0, 100))
```



En réalité cette fonction fait elle-même appel à deSolve, mais produit directement la représentation graphique. A quoi sert l'argument type ici ?

Rem : Par défaut elle "produit" également beaucoup de résultats qui prenent de la place dans la console et ne sont pas forcément souhaiter. Il suffit de donner un nom à cet objet pour éviter cet affichage (tout en pouvant accéder aux résultats ultérieurement si souhaité)

- 1. En utilisant le package Phase R (et notamment les fonctions flowField() et nullclines() vues dans le cadre 1D), tracer le portrait de champ du modèle de compétition. On conservera les valeurs de paramètres ci-dessus
- 2. A l'aide de la fonction trajectory(), tracer la trajectoire simulée précédement dans ce plan. Tracer ensuite plusieurs trajectoires (nombreuses) "partant" d'un peu partout
- 3. Revenez à un tracé du portrait de champ sans les trajectoires. Utiliser la fonction stability() pour déterminer (en fait estimer) la stabilité du point fixe (0,0).
- 4. Testez la fonction findEquilibrium() pour tenter de trouver d'autres points fixes du modèle. Quelle est leur stabilité ? On pourra tester également la fonction drawManifolds() sur ce(s) point(s) fixes. A quoi sert-elle ?

### Autres modèles vus en cours

« Vérifiez » les comportements déterminés en cours par l'analyse qualitative pour les modèles suivants. On veillera à traiter les différents cas possibles et on traçera notamment à chaque fois le portrait de champs seul, puis en y traçant plusieurs trajectoires, et on tracera en fonction du temps des trajectoires types.

On considèrera (pour des graphiques représentatifs) des taux de croissance compris entre 0 et 1 et les autres coefficient de l'ordre de 10 à 100 fois plus petits.

#### Modèle Proie-Prédateur de Lotka-Volterra :

$$\left\{egin{array}{lll} rac{dN}{dt} &=& r_1N-b_1NP\ rac{dP}{dt} &=& -r_2P+b_2NP \end{array}
ight.$$

Modèle Proie-Prédateur logistique de Lotka-Volterra :

$$\left\{ egin{array}{ll} rac{dN}{dt} &=& r_1 N \left(1 - rac{N}{K}
ight) - b_1 NP \ rac{dP}{dt} &=& -r_2 P + b_2 NP \end{array} 
ight.$$

Modèle de compétition avec croissance logistique :

$$\left\{egin{array}{lll} rac{dx}{dt} &=& r_1 x \left(1-rac{x}{K_1}
ight) - b_1 xy \ rac{dy}{dt} &=& r_2 y \left(1-rac{y}{K_2}
ight) - b_2 xy \end{array}
ight.$$

# Un modèle épidémiologique

Faire l'analyse qualitative et étudier numériquement le système suivant :

$$\left\{ egin{array}{ll} rac{dS}{dt} &=& rS - eta SI + \gamma I \ rac{dI}{dt} &=& eta SI - \gamma I - \delta I \end{array} 
ight.$$

avec:

r - Taux de croissance de la population  $\beta$  - Taux de transmission du virus  $\gamma$  - Taux de guérison (sans immunité)  $\delta$  - Mortalité dûe au virus

Une base de départ pour vos études (pour une visualisation correcte) sera de considérer que les paramètres sont compris entre 0 et 1, et que la zone d'étude couvre de 0 à quelques centaines d'individus

# Et avec 3 équations ?

Mobiliser vos connaissances et compétences pour étudier le système suivant, correspondant à un système Proie-Prédateur-Superprédateur

$$\left\{egin{array}{lll} rac{dN}{dt} &=& r_1N-b_1NP \ rac{dP}{dt} &=& -r_2P+b_2NP-c_1PS \ rac{dS}{dt} &=& -r_3S+c_2PS \end{array}
ight.$$