

Sous-modèle 1

Ce document présente le sous-modèle 1 du système manguier-cécidomyies et son implémentation en R correspondant au fichier `modele1.R`.

Présentation du modèle

Ce modèle a pour objectif d'estimer les populations de larves et de cécidomyies femelles à partir des inflorescences observées. Le modèle repose sur un système d'équations permettant entre autre d'avoir :

- $N_{t,i}$: le nombre de femelles dans le sous-bloc i au temps t ;
- $N_{t,i}^{\text{endo}}$: le nombre de femelles endogène dans le sous-bloc i au temps t . Est appelée femelle endogène une femelle qui émerge du sol du sous-bloc considéré ;
- $L_{t,i}$: le nombre de larves s'éjectant des inflorescences dans le sous-bloc i au temps t .

Équations

Ainsi, le nombre de femelles endogènes est donné par l'équation suivante

$$N_{t,i}^{\text{endo}} = L_{t-\tau_p,i} p_p \mu_p \mu_{\text{MS}} \frac{1}{1 + SR},$$

où :

- $L_{t-\tau_p,i}$ est le nombre de larves s'éjectant des manguiers à la date $t - \tau_p$, τ_p représentant la durée de pupaison ;
- p_p est la probabilité pour une larve d'entrer en pupaison ;
- μ_p est la probabilité de survivre à la phase de pupaison ;
- μ_{MS} est la probabilité de survie d'une larve à la modalité de couverture du sol ;
- SR est le *sex-ratio*.

Autrement dit, le nombre de femelles endogènes est donné par le nombre de larves entrées en pupaison à la date $t - \tau_p$ qui ont survécues à la phase de pupaison et à la modalité de couverture du sol, pondéré par la proportion de femelles chez les cécidomyies.

Le nombre de larves est quant à lui donné par

$$L_{t,i} = N_{t-\tau_\ell,i} R_{t-\tau_\ell,i} E \mu_\ell,$$

où :

- $N_{t-\tau_\ell,i}$ est le nombre de femelles dans le sous-bloc i à la date $t - \tau_\ell$, τ_ℓ étant la durée entre la ponte des œufs et le troisième stade larvaire (qui correspond à l'éjection des larves vers le sol) ;
- $R_{t-\tau_\ell,i}$ est un indicateur de ressource d'inflorescences pour les cécidomyies femelles ;
- E est le nombre d'œufs moyens pondus par une cécidomyie femelle ;
- μ_ℓ est la probabilité pour un œuf d'atteindre le troisième stade larvaire.

Le nombre de larves peut être simplement vu comme le nombre d'œufs pondus à la date $t - \tau_\ell$ qui sont parvenus jusqu'au troisième stade larvaire.

L'indicateur de ressource R mentionné ci-dessus est défini par

$$R_{t,i} = \begin{cases} 1 & \text{si } N_{t,i} < k I_{t,i}, \\ \frac{k I_{t,i}}{N_{t,i}} & \text{sinon.} \end{cases}$$

Le coefficient k représente le nombre maximal de femelles qu'une inflorescence peut accueillir chaque jour. De manière intuitive, cela signifie juste que si le nombre de femelles est significativement supérieur au nombre d'inflorescences, les femelles ne pourront pas toutes pondre ; les ressources sont limitées.

Enfin, le nombre total de femelles est donné par

$$N_{t,i} = \lambda_{t,i} + \sum_{j \in \{ER, EH\}} \alpha_{t,j,i} N_{t,j}^{\text{endo}},$$

où :

- $\lambda_{t,i}$ représente le nombre femelles exogènes au bloc venant dans le sous-bloc i à la date t ;
- $\alpha_{t,j,i}$ est la proportion des femelles endogènes du sous-bloc j venant dans le sous-bloc i .

Le nombre de femelles pour un sous-bloc i est simplement donné par la somme du nombre de femelles exogène au bloc venant dans le sous-bloc i , du nombre de femelles des autres sous-blocs venant dans le sous-bloc i et du nombre de femelles endogènes du sous-bloc i qui y restent.

Par ailleurs, on définit $\lambda_{t,i}$ et $\alpha_{t,j,i}$ par

$$\lambda_{t,i} = \gamma I_{t,i} \quad \text{et} \quad \alpha_{t,j,i} = \begin{cases} 0 & \text{si } j = B, \\ 1 - p_m & \text{si } j = i \text{ et } j \neq B, \\ p_m I_{t,i} / \sum_{k \in \{ER, B, EH\}, k \neq j} I_{t,k} & \text{sinon,} \end{cases}$$

où p_m est la probabilité pour une cécidomyie de quitter le sous-bloc dans lequel elle a émergé.

Dans les deux cas, les arrivées de femelles dans le sous-bloc i dépendent du nombre d'inflorescences en vie au temps t .

Hypothèses

Il faut noter que ce modèle repose sur plusieurs hypothèses — parfois implicites. Pêle-mêle, on peut citer :

- les arrivées des femelles exogènes au bloc sont proportionnelles au nombres d'inflorescences ;
- aucune des femelles qui émergent dans le bloc ne le quittent ;
- la durée de vie des femelles est d'un jour ;
- aucune cécidomyie n'émerge du bloc B ;
- les cécidomyies qui sortent de leur phase de diapause ne sont pas pris en compte ;
- le stade des inflorescences n'est pas pris en compte, alors qu'il influe probablement sur le coefficient k .

Implémentation

L'implémentation du modèle est décomposée en fonction élémentaires. Sauf indication contraire, les fonctions renvoient les résultats pour les trois sous-blocs.

On commence par initialiser tous les paramètres du modèles, ceux qui seront fixes (littérature ou hypothèses) et ceux qui seront à calibrer :

```
## Paramètres fixes
sex.ratio <- 0.5
mu.B <- 0
proba.pupaison <- 0.77 ## p_p * mu_p
duree.larvation <- 7
duree.pupaison <- 5
eggs <- 150
mu.larvation <- 0.04
nb.jours <- 80

## Paramètres à calibrer
gamma <- 1.5
mu.ER <- 0.8
mu.EH <- 0.4
```

```
proba.migration <- 0.5
capacite.inflo <- 4.5
```

On importe ensuite les données, on attribue aux parcelles ER, B et EH un indice pour plus de lisibilité :

```
## Datas
inflos.ER <- read.csv("r1.csv")$inflos_vivantes
inflos.B <- read.csv("b1.csv")$inflos_vivantes
inflos.EH <- read.csv("h1.csv")$inflos_vivantes
larves.ER <- read.csv("r1.csv")$larves
larves.B <- read.csv("b1.csv")$larves
larves.EH <- read.csv("h1.csv")$larves
inflos <- cbind(inflos.ER, inflos.B, inflos.EH)
larves.obs <- cbind(larves.ER, larves.B, larves.EH)

## Indices
ER <- 1
B <- 2
EH <- 3
```

Ainsi, on en vient aux fonctions qui composent le modèle. La première **exogene** renvoie le nombre d'individus exogènes arrivant dans chaque parcelle. Elle prend donc en entrée le coefficient γ et le nombres d'inflorescences à chaque date t pour chaque sous-bloc i et renvoie une matrice Λ de taille `nb.jours` \times 3 où $\Lambda[t, i]$ est égal au nombre d'individus exogènes au bloc arrivant dans le sous-bloc i à la date t .

```
exogene <- function(gamma, inflos){
  return(gamma * inflos)
}
```

La fonction **echange.dans.bloc** renvoie — pour un p_m donné — les $\alpha_{t,j,i}$. Plus précisément, la fonction renvoie trois matrices α_{ER} , α_B et α_{EH} correspondant aux coefficient des individus venant respectivement dans les sous-blocs ER, B et EH.

```
echange.dans.bloc <- function(proba.migration, inflos){
  alphaER <- alphaB <- alphaEH <- matrix(0, nrow = nb.jours, ncol = 3)
  alphaER[,ER] <- alphaEH[,EH] <- 1 - proba.migration
  alphaER[,EH] <- proba.migration * inflos[,ER] / (inflos[,B]+inflos[,ER])
  alphaEH[,ER] <- proba.migration * inflos[,EH] / (inflos[,B]+inflos[,EH])
  alphaB[,ER] <- proba.migration * inflos[,B] / (inflos[,B]+inflos[,EH])
  alphaB[,EH] <- proba.migration * inflos[,B] / (inflos[,B]+inflos[,ER])

  return(list(alphaER, alphaB, alphaEH))
}
```

Pour calculer l'indicateur de ressources R , on utilise la fonction **dispo.ressources**. Cette fonction a besoin comme arguments du jour t , du coefficient k , du nombre d'inflorescences et du nombre de femelles.

```
dispo.ressources <- function(jour, capacite.inflo, inflos, femelles){
  ans <- rep(NA, 3)
  ans[femelles[jour,] <= capacite.inflo * inflos[jour,]] <- 1
  ans[femelles[jour,] > capacite.inflo * inflos[jour,]] <- capacite.inflo *
    inflos[jour,which(femelles[jour,] > capacite.inflo * inflos[jour,])] /
    femelles[jour, which(femelles[jour,] > capacite.inflo * inflos[jour,])]
  return(ans)
}
```

Le nombre de larves pour un jour t est donné par la fonction **larves**. Il lui faut donc comme argument le

jour t , le nombre d'inflorescences et le nombre de femelles ; faisant aussi appel à la `dispo.ressources` le coefficient k est également nécessaire. Le nombre de larves $L_{t,i}$ dépendant du nombre de femelles au moment $t - \tau_\ell$, le nombre de larves avant la date $\tau_\ell + 1$ sera fixé à 0.

```
larves <- function(jour, capacite.inflo, inflos, femelles){
  if (jour - duree.larvation <= 0)
    return(c(0,0,0))
  else{
    R <- dispo.ressources(jour-duree.larvation, capacite.inflo, inflos, femelles)
    return(femelles[jour-duree.larvation,] * R * eggs * mu.larvation)
  }
}
```

Le nombre de femelles émergeant du sol à la date t est donné par la fonction `femelles.endogene`. La fonction prend pour arguments le jour t , le nombre de larves et la probabilité de survie d'une larve à la modalité de couverture du sol. Le nombre de femelles endogène $N_{t,i}^{\text{endo}}$ dépendant du nombre de larves à la date $t - \tau_p$, le nombre de femelles endogènes avant la date $\tau_p + 1$ sera fixé à 0.

```
femelles.endogene <- function(jour, larves, mu.sol){
  if (jour - duree.pupaison <= 0)
    return(c(0,0,0))
  else
    return(larves[jour - duree.pupaison,] * mu.sol * proba.pupaison * sex.ratio)
}
```

Le nombre total de femelles est donné par `femelles.total`. Cette fonction ne fonctionne que pour un sous-bloc à la fois. La fonction a besoin du jour t , des coefficients α , du nombre de femelles endogènes et exogènes.

```
femelles.total <- function(jour, alpha, femelles.exo, femelles.endo){
  return(femelles.exo[jour] + alpha[jour,] %*% femelles.endo[jour,])
}
```

Enfin, la fonction `dynamiques` prend pour arguments γ , p_m , μ_{ER} , μ_{EH} , k et les inflorescences observées et renvoie le nombre de larves estimées.

```
dynamiques <- function(gamma, proba.migration, mu.ER, mu.EH, capacite.inflo, inflos){
  alpha <- echange.dans.bloc(proba.migration, inflos)

  femelles.exo <- exogene(gamma, inflos)
  larves <- matrix(0, nrow = nb.jours, ncol = 3)
  femelles.endo <- matrix(0, nrow = nb.jours, ncol = 3)
  femelles <- matrix(0, nrow = nb.jours, ncol = 3)
  mu.sol <- c(mu.ER, mu.B, mu.EH)
  for (jour in 1:nb.jours){
    # browser()
    femelles[jour,] <- femelles.exo[jour,]
    larves[jour,] <- larves(jour, capacite.inflo, inflos, femelles)

    femelles.endo[jour,] <- femelles.endogene(jour, larves, mu.sol)

    femelles[jour, ER] <- femelles.total(jour, alpha[[ER]], femelles.exo[,ER], femelles.endo)
    femelles[jour, B] <- femelles.total(jour, alpha[[B]], femelles.exo[,B], femelles.endo)
    femelles[jour, EH] <- femelles.total(jour, alpha[[EH]], femelles.exo[,EH], femelles.endo)
  }

  return(larves)
}
```

}