



HAL
open science

Dynumpop un logiciel pour la dynamique des populations

Fabrice Mahé, Adib Rahmouni, Aziz Belmiloudi

► **To cite this version:**

Fabrice Mahé, Adib Rahmouni, Aziz Belmiloudi. Dynumpop un logiciel pour la dynamique des populations. SMAI 2017, Jun 2017, Ronce-les-Bains, France. hal-01835469

HAL Id: hal-01835469

<https://hal.science/hal-01835469>

Submitted on 11 Jul 2018

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Dynumpop un logiciel pour la dynamique des populations

Fabrice MAHÉ, IRMAR - Université Rennes 1

Aziz BELMILOUDI, IRMAR - INSA de Rennes

Adib RAHMOUNI, IRMAR - Université Rennes 1

Il existe de nombreux modèles de dynamique de population dans différents domaines comme l'épidémiologie, la biologie, l'environnement. Par exemple en épidémiologie [1], le modèle compartimental SIR (pour Susceptibles - Infectieux - Rétablis) décrit la manière dont une maladie se propage dans une population en distinguant les individus susceptibles d'être infectés, les individus infectieux et ceux qui sont rétablis après guérison. Il est possible d'utiliser le système d'équations différentielles ordinaires suivant pour décrire ce modèle sans démographie :

$$\begin{cases} S'(t) = -\beta S(t)I(t), \\ I'(t) = \beta S(t)I(t) - \gamma I(t), \\ R'(t) = \gamma I(t), \end{cases} \quad (1)$$

où $S(t)$, $I(t)$ et $R(t)$ sont les effectifs des 3 compartiments, β est le coefficient de transmission et γ est le taux de guérison de la maladie considérée. A partir des données initiales et des valeurs des coefficients β et γ on obtient la dynamique des 3 effectifs en résolvant numériquement le système (1). Si l'on dispose de mesures suffisantes d'une population (par exemple les infectieux) on peut déterminer les coefficients β et γ par problème inverse. D'autres types de modèle sont aussi utilisés pour les mêmes compartiments SIR : des modèles aléatoires de type chaînes de Markov à temps discret (DTMC) ou de type individus centrés, des modèles spatiaux continus utilisant des équations aux dérivées partielles ou des modèles spatiaux discrets utilisant des réseaux. Ces modèles peuvent être enrichis avec plusieurs classes de compartiments SIR pour distinguer des populations ayant des caractéristiques différentes comme l'infectiosité ou la répartition géographique. Ils peuvent aussi être complétés pour tester des stratégies de contrôle telles que la vaccination, les soins, la quarantaine ou l'abattage. Dans certaines situations, il est nécessaire d'introduire de nouveaux compartiments comme celui des individus infectés mais non encore infectieux noté E ou celui des individus traités noté T pour obtenir de nouveaux types de modèles (SEIR, SITR, ...). Les modèles sont donc nombreux en épidémiologie comme dans d'autres domaines. En écologie, on peut citer les modèles d'interaction proies-prédateurs, de compétition ou de collaboration [2].

L'objectif du **logiciel Dynumpop** que nous développons est de donner accès de manière conviviale à de nombreux modèles pour effectuer des simulations numériques, comparer leurs résultats, estimer leur paramètres à partir de mesures, tester des stratégies de contrôle. Il est conçu de manière évolutive pour que l'utilisateur puisse y inclure ses propres modèles pour lui-même ou pour les mettre à disposition de tous. Il sera disponible gratuitement pour des travaux académiques.

Lors de la communication, nous présenterons les différentes fonctionnalités du logiciel.

Ce travail a été soutenu par l'Agence Nationale de la Recherche, programme investissements d'avenir, projet ANR-10-BINF-07 (MIHMES).

Nous remercions les étudiants qui ont contribué à la réalisation de ce projet : Nathalie Azevedo, Adrien Delpierre, David Kiessling, Moussa Ndoye, Lilian Pigat, Damien Thomas.

Références

- [1] KEELING, M. J., ROHANI, P., *Modeling infectious diseases in humans and animals*, Princeton University Press, 2008.
- [2] BRAUER, F., CASTILLO-CHAVEZ, C., *Mathematical models in population biology and epidemiology - second edition*, Springer, 2012.