



---

# MODÉLISATION ET SIMULATION NUMÉRIQUE

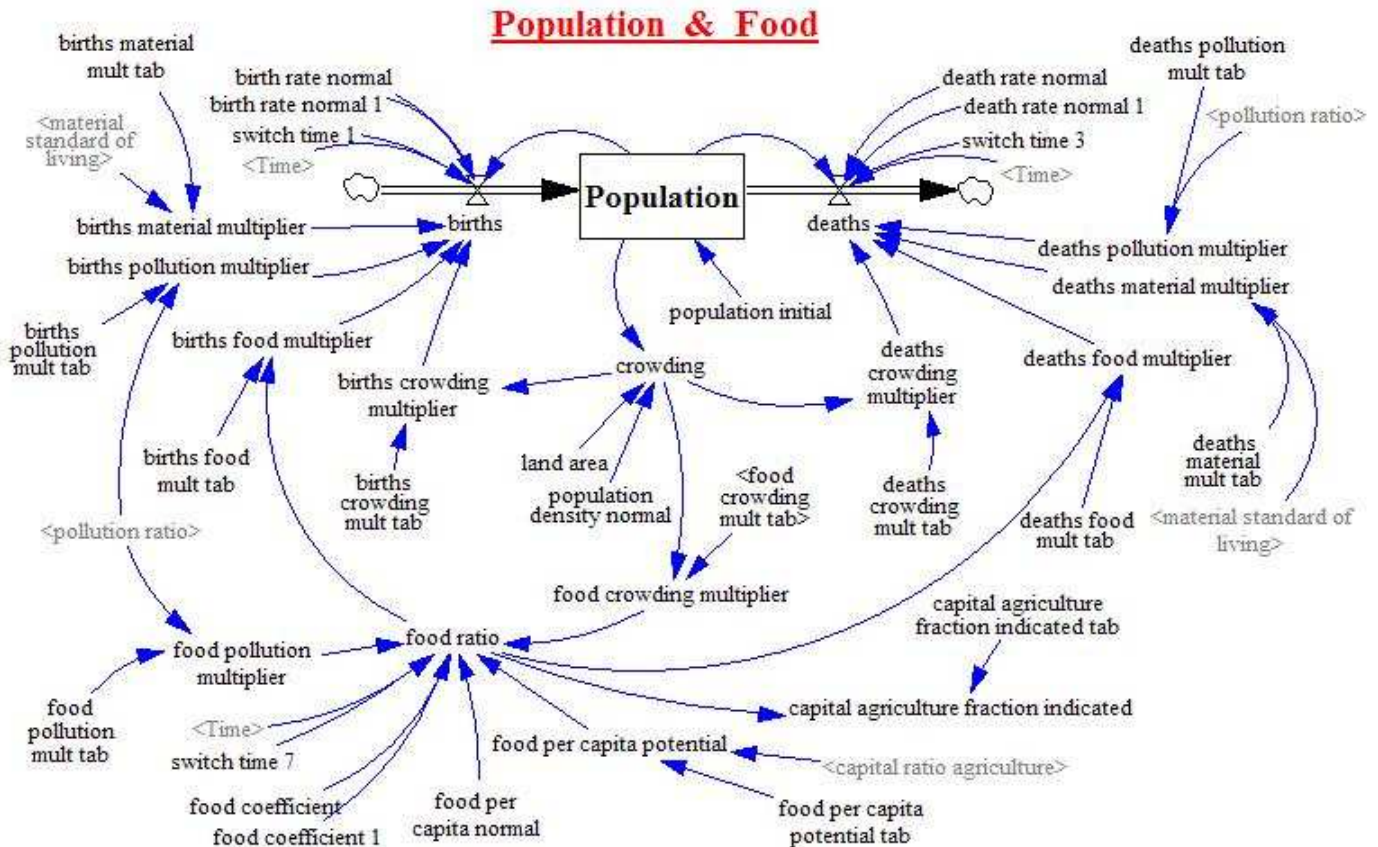
## MODÉLISATION DE PHÉNOMÈNES COUPLÉS

---

SEMESTRE 3

Les phénomènes physiques, biologiques et économiques sont souvent régis par des équations différentielles. Souvent, ces phénomènes interagissent (boucles de rétroaction, couplages) et ne sont donc pas modélisés par **une** équation différentielle, mais par **des** d'équations différentielles, couplées entre elles.

Le modèle World 3, développé au MIT par Meadows & al. à la demande du club de Rome (les résultats ont été publiés dans un rapport intitulé « The limits to growth ») a permis ainsi dès les années 1970 de modéliser les interactions entre la population, la production industrielle par personne, la production agricole par personne, la pollution, le niveau des ressources non renouvelables. Les conclusions de cette étude datant de 1970 ont généré de vifs débats<sup>1</sup> et ont pu être comparées, 30 ans après, aux données réelles<sup>2</sup>, mettant ainsi en valeur l'efficacité de ces modélisations mathématiques des années 70.



La complexité de ces modèles ne permet pas de les mettre en œuvre en TP.

Dans ces deux TP, l'étude de phénomènes couplés, c'est-à-dire qui interagissent entre eux, sera limitée à quelques interactions (mais il n'est bien sûr pas interdit, par la suite, d'améliorer ces modèles en prenant en compte bien d'autres paramètres et interactions!).

L'objectif de ces TP est la construction, pas à pas, de tels modèles. Pour cela, nous allons être amenés à résoudre des systèmes d'équations différentielles. Les méthodes de résolutions d'équations différentielles vues dans les TP précédents ainsi que les outils et fonctionnalités de Scilab seront utilisées pour résoudre ces équations.

1. Il faut être capable d'imaginer, commenter, ou à défaut dans un premier temps de rechercher, les tenants et aboutissants de ce débat! Il faut savoir, en résumé, savoir ce qu'est un modèle ...

2. « comparison of the limits to growth with thirty years of reality », Graham Turner 2008

Cette modélisation a été développée en 1926 par le mathématicien Volterra pour retranscrire l'évolution des populations de sardines et de requins en mer méditerranée. En effet, pendant la guerre, la pêche de sardines avait été interrompue et à la fin de la guerre la population de sardines était étonnamment moins nombreuse, c'était le premier modèle « proies – prédateurs ».

## 1) Les sardines seules

On note  $s(t)$  le nombre de sardines à l'instant  $t$  (en années), et on désigne par  $\alpha$  le taux annuel de naissance de sardines, et par  $\beta$  le taux annuel de mortalité.

On notera de plus  $\sigma = \alpha - \beta$ . On suppose qu'initialement, à l'instant 0, il y a 2000 sardines, c'est-à-dire que  $s(0) = 2000$ , et que  $\alpha = 15\%$  et  $\beta = 5\%$ .

### A. Évolution annuelle

1. Calculer le nombre de sardines au bout de un an et deux ans.
2. Exprimer  $s(t + 1)$  en fonction de  $s(t)$ .

**B. Un modèle plus fin, et continu** L'étude annuelle fournit un modèle assez grossier. Pour l'affiner, on peut supposer que les naissances et morts des sardines sont uniformément distribuées au cours de l'année : le nombre de naissance ou de morts dans un intervalle de temps est proportionnel uniquement à la durée de cet intervalle (par exemple, d'une part il y a deux fois plus de naissances et de morts durant deux mois que durant un seul, et d'autre part, il y a par exemple autant de naissances et de morts durant 3 jours de janvier que 3 jours de mars ou de juin . . .)

3. Calculer le nombre de sardines au bout de 0,1 année puis 0,2 année.
4. Exprimer la variation de la population entre un instant  $t$  quelconque et 0,1 année plus tard.
5. Exprimer de même plus généralement la variation de la population entre un instant  $t$  quelconque et  $h$  année plus tard ( $h$  quelconque inférieur à 1).
6. Comment s'appelle le schéma numérique précédent ?
7. Qu'obtient-on par passage à la limite  $h \rightarrow 0$  ? Résoudre l'équation obtenue.

**C. Une population limitée** La population de sardines dépend aussi d'autres espèces en amont de la chaîne alimentaire qui vont limiter la taille de la population. L'ampleur de l'espace naturel alloué à l'espèce peut aussi contraindre la taille maximum de la population. Il est possible de modéliser cette population amont et son évolution, mais il est aussi dans un premier temps possible de contraindre simplement l'évolution de la population de sardines.

On suppose que la population de sardines ne peut pas excéder une taille maximale, notée  $S$ . On peut montrer qu'un modèle décrivant l'évolution de la population est :

$$\begin{aligned} s'(t) &= \sigma s(t) - \frac{\sigma}{S} (s(t))^2 \\ &= \frac{\sigma}{S} s(t) (S - s(t)) \end{aligned} \quad (1)$$

8. Résoudre numériquement cette équation en utilisant la méthode numérique d'Euler (on prendra  $S = 10000$  et un pas  $h = 0,01$ ).
9. Représenter alors graphiquement l'évolution de la population de sardines en fonction du temps.
10. Au bout de combien de temps la population atteint-elle 95% de son maximum ?

*Cette équation, qui donne le modèle mathématique de la croissance des populations animales, est aussi nommée Modèle de Verhulst, d'après le mathématicien belge Verhulst qui l'a proposée en 1838, et a joué un rôle important en biologie. Cette équation non-linéaire, est aussi appelée modèle logistique. Ce modèle va être repris au début du siècle précédent d'abord par le démographe américain Raymond Pearl qui est convaincu que ce modèle logistique explique les variations de toutes les populations vivantes. Le modèle logistique va ensuite surtout être développé par le mathématicien italien Volterra, plus connu pour son opposition au fascisme que pour ses travaux mathématiques. Dans cette équation, pour des petites valeurs de  $s(t)$  devant  $S$ , on retrouve le modèle précédent :  $s'(t) \simeq \sigma s(t)$ . Par contre, quand  $s(t)$  se rapproche de  $S$ , le facteur  $S - s(t)$  se rapproche de 0 et limite donc la croissance  $s'(t)$  de la population jusqu'à la limite où on aurait  $s(t) = S$  donc  $s'(t) = 0$  et  $s(t)$  deviendrait donc constante égale à  $S$  (mais cette limite n'est bien sûr jamais atteinte ...).*

Pour prendre en compte ces phénomènes de régulation de la population de sardines par la population de requins, nous pouvons encore améliorer notre modèle en complétant l'équation différentielle (2) et en écrivant alors l'équation (3) suivante. La population de requins sera notée  $r_0$  et l'efficacité de la prédation sur la croissance à l'instant  $t$  par le terme  $m s(t) r_0$  où le facteur  $m$  traduit la qualité de la prédation. On obtient :

$$s'(t) = \frac{\sigma}{S} s(t) (S - s(t)) - m s(t) r_0 \quad (2)$$

Résoudre numériquement avec la méthode d'Euler cette équation et tracer l'évolution de la population de sardines sur 200 ans.

Données :  $s(0) = 2000$  ;  $\sigma = 0,1$  ;  $S = 10000$  ;  $m = 0,00025$  et  $r_0 = 500$

11. Comment évolue la population de sardines ? Est-ce cohérent avec la réalité ?
12. Si les requins sont réintroduits en plus petit nombre, par exemple 200, que se passe-t-il ? Trouver la valeur de  $r_0$  maximum pour avoir une coexistence de ces 2 populations sur du long terme d'après ce modèle.

## 2) Les requins

Les requins sont en fin de chaîne alimentaire. Supposons que par lubie de régime ou snobisme alimentaire, ils ne mangent que des sardines. La population de requins croît si les requins peuvent manger et se reproduire.

13. En notant  $p$  l'efficacité de la prédation (il n'y a pas nécessairement égalité entre  $m$  et  $p$ , chez les requins aussi le gaspillage existe), l'équation différentielle régissant la population de requins est

$$r'(t) = p s(t) r(t) \quad (3)$$

14. Discrétiser alors ce modèle constitué par le système d'équations différentielles couplées, équations (2) et (3), avec le schéma d'Euler et les données ci-dessous.  
Tracer l'évolution conjointe de ces 2 populations sur 200 ans.

Tracer aussi le portrait de phase c'est à dire l'évolution d'une population en fonction de l'autre.  
*Données* :  $s(0) = 2000$  ;  $\sigma = 0,1$  ;  $S = 10000$  ;  $r(0) = r_0 = 500$  ;  $m = 0,00009$  et  $p = 0,00009$   
Est-ce cohérent avec la réalité ?

15. Ne mangeant que des sardines, la population de requins ne peut pas rester constante s'il n'y a plus de nourriture. On intègre alors dans le modèle un facteur de mortalité noté  $c$  à l'équation (3) ; le nouveau modèle s'écrit sous la forme :

$$r' = psr - cr \quad (4)$$

16. Résoudre le système d'équations (2)-(4) avec le schéma d'Euler et les données ci-dessous.  
*Données* :  $s(0) = 2000$  ;  $\sigma = 0,1$  ;  $S = 10000$  ;  $r(0) = 500$  ;  $m = p = 0,00009$  et  $c = 0,3$  (30% de mortalité annuelle).
17. Vérifier qu'en l'absence de prédateur, la modélisation correspond à la réalité observée (population de sardine maximale stable).
18. Comment évolue conjointement les 2 populations ? Tracer leur évolution et le portrait de phase sur 200 ans.
19. Quel laps de temps sépare les 2 maximums d'une même population, entre 2 populations ?
20. Que donne l'évolution à très long terme de ces 2 populations ?
21. Calculer formellement la valeur des populations initiales qui permettrait un équilibre des populations stable dès le départ. Tester ces valeurs sur la simulation numérique.

### 3) Et avec un prélèvement dû à la pêche ?

22. Soit  $P$  le pourcentage de poisson prélevé à chaque génération. En supposant que ce pourcentage soit le même pour chacune de ces 2 espèces, intégrer son influence au modèle précédent pour une pêche de 4% de la population chaque année.
23. La pêche a-t-elle une influence sur l'évolution des populations de requins et de sardines ? Une population est-elle favorisée par rapport à l'autre vis-à-vis de la modélisation précédente ?
24. Trouver la valeur de  $P$  maximum pour qu'aucune des 2 populations ne soient décimées. Rappel, les chiffres utilisés pour modéliser la taille des populations sont pour une certaine surface d'habitat ( $1 \text{ km}^2$  par exemple). Il est possible d'avoir 0,9 requins sans pour autant avoir extinction de l'espèce. Il sera considéré arbitrairement qu'il faut pour tout  $t$ ,  $r(t) > 0,2$  pour que l'espèce soit préservée.
25. Calculer formellement la valeur des populations initiales qui donnerait un état d'équilibre des populations stable dès le départ, puis tester ces valeurs sur le modèle précédent.

L'**épidémiologie** est la science qui étudie les facteurs susceptibles d'influer sur une maladie, sa propagation dans une société. L'objectif de modèles épidémiologiques est d'apporter des éléments de réponse à des questions telles que :

- comment la maladie va-t-elle se développer et se propager dans le temps ?
- à quelle proportion de malades peut-on s'attendre dans 3 mois ?
- quelle proportion de la population va être malade, à court, moyen ou long terme ?
- le nombre de personnes infectées atteint-il un maximum ? si oui, quand ?  
Sur quels paramètres peut-on influencer pour diminuer / déplacer ce maximum ?
- enfin, bien sûr, comment empêcher purement et simplement la propagation de la maladie, c'est-à-dire éviter l'épidémie ?

## 1) Modèle SIR de base

Le modèle SIR est un modèle de base en épidémiologie. Il a été présenté il y a environ un siècle<sup>3</sup> pour expliquer a posteriori l'épidémie de peste de Bombay en 1905.

Dans ce modèle, la population d'étude est divisée en trois compartiments d'individus :

**Susceptibles** : les individus sains et qui peuvent contracter la maladie ;

**Infectés** : les malades, et donc aussi, dans ce modèle, les individus contagieux ;

**Rétablis** : (**R**ecovered) ceux qui ont déjà été malades et sont maintenant immunisés (c'est le modèle de base, incluant aussi dans ce groupe les morts suite à la maladie...).

On note, à chaque instant  $t$ , les proportions respectives  $S(t)$ ,  $I(t)$  et  $R(t)$  d'individus sains, infectés et rétablis.

On considère dans un premier temps (modèle SIR de base) :

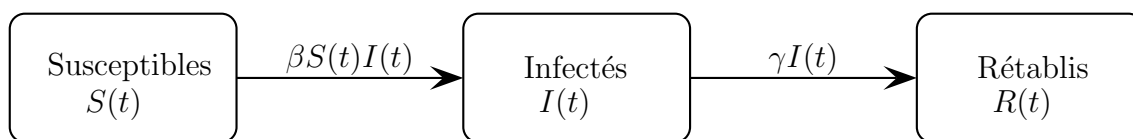
- la population globale ne varie pas pendant la durée étudiée (pas de naissances, d'immigration)
- le nombre de nouveaux cas pendant une durée donnée, c'est-à-dire de nouveaux individus infectés, est proportionnel au nombre de contacts  $S(t) \times I(t)$  entre individus susceptibles et individus infectés sur cette durée.

On note  $\beta$  ce coefficient de proportionnalité, qui s'appelle le **taux de transmission**.

- la population est brassée de manière homogène ;
- chaque personne rétablie (ou décédée) est aussi immunisée et ne peut plus être infectée.
- on considère enfin une **durée moyenne d'infection**  $\lambda$ , ou encore un taux  $\gamma = \frac{1}{\lambda}$  de guérison.

Par exemple si en moyenne il faut  $\lambda = 5$  jours pour guérir, chaque jour  $\gamma = \frac{1}{5}$  de la population se rétablit (ou décède).

On résume les éléments du premier modèle par le schéma :



3. Plus précisément en 1927, par Kermarck et McKendrick, respectivement mathématicien et médecin

et ce modèle s'écrit, algébriquement,

$$\begin{cases} \frac{\Delta S(t)}{\Delta t} = -\beta S(t)I(t) \\ \frac{\Delta I(t)}{\Delta t} = \beta S(t)I(t) - \gamma I(t) \\ \frac{\Delta R(t)}{\Delta t} = \gamma I(t) \end{cases}$$

ce qu'on peut réécrire, en considérant une évolution de jour en jour :

$$\begin{cases} S(t+1) = \dots \\ I(t+1) = \dots \\ R(t+1) = \dots \end{cases}$$

On partira par la suite des données initiales suivantes  $S(0) = 0,95$ ,  $I(0) = 0,05$  et  $R(0) = 0$ .

1. Simuler numériquement l'évolution des proportions  $S$ ,  $I$  et  $R$ , et donner une estimation de ces proportions au bout de 3 mois.

Compléter le tableau suivant, avec les valeurs obtenues au bout de 3 mois :

	$\beta$	$\lambda$	$S$	$I$	$R$
Grippe	0,6	6			
Rougeole	0,8	20			
Peste (Bombay, 1905)	0,0273	56,2			

2. Représenter graphiquement l'évolution conjointe des proportions  $S$ ,  $I$  et  $R$ .

Préciser, pour chacune des maladies précédentes, s'il y a un pic d'infection

3. Écrire, à la limite où  $t \rightarrow 0$ , le système d'équations différentielles obtenu.

a) Préciser le signe de  $S'(t)$  et de  $R'(t)$  puis les variations de  $S$  et  $R$ . Vérifier ces variations sur les résultats simulés obtenus.

b) Préciser à quelle condition on a  $I'(t) = 0$ . Exprimer cette condition en faisant intervenir le nombre  $R_0 = \beta\lambda$ .

Préciser alors la variations de  $I$  en fonction de  $S(t)$ . Vérifier ces variations sur les résultats simulés obtenus.

Ce nombre  $R_0 = \beta\lambda$  s'appelle le **taux de reproduction de base** et fournit donc un seuil : comme  $S(t)$  est une proportion, donc  $S(t) < 1$  : si  $R_0 > 1$  alors il va y avoir une épidémie et un pic de malades, ce qui n'arrivera pas si  $R_0 < 1$ .

Dans le modèle de base SIR, éviter l'épidémie, ou chercher à atténuer son intensité revient à chercher à diminuer ce coefficient  $R_0$ , et donc à diminuer  $\beta$  et/ou  $\lambda$ .

c) En revenant à leur signification, donner des moyens de diminuer ces coefficients  $\beta$  et  $\lambda$  et donc d'enrayer l'épidémie.



## 2) Influence d'une vaccination

L'objectif de la vaccination est évidemment d'enrayer l'épidémie, bien sûr sans que les individus ne soient malades. On peut penser naïvement que pour atteindre cet objectif il est nécessaire de vacciner toute la population, mais ce n'est pas forcément le cas...

On note  $p$  la proportion d'individus susceptibles initialement et on note  $R = pR_0$  le taux de reproduction de base. En l'absence de vaccination, on a  $p = 1$  et donc  $R = R_0$  : tout le monde est susceptible d'être infecté.

Supposons maintenant qu'une proportion  $v > 0$  de la population soit vaccinée et donc que  $p = 1 - v < 1$ . En reprenant le résultat obtenu précédemment, pour éviter l'épidémie, il suffit d'avoir un taux de vaccination :

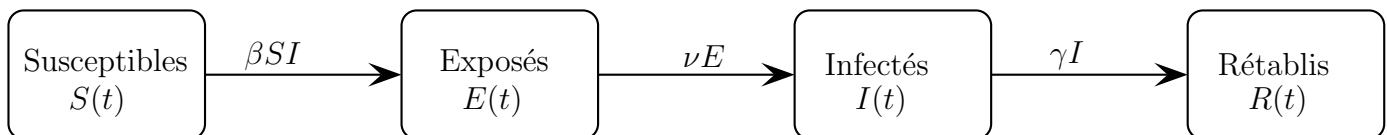
$$R < 1 \iff v > 1 - \frac{1}{R_0}$$

4. Compléter le tableau et commenter :

Maladie	Grippe	Polio	Rougeole	Malaria/Paludisme
$R_0$	$\sim 3$	5	16	100
Taux de vaccination limite				

## 3) Modèle SEIR

On introduit un quatrième état, ou quatrième compartiment :  $E$  pour exposé, ou exposé, contaminé, mais pas encore contagieux (période de latence avant le début de la contagiosité, comparable à la période d'incubation entre le moment d'infection et le début de la maladie). De même que pour le coefficient  $\gamma = 1/\lambda$ , on a  $\nu = 1/\text{période d'incubation}$ .

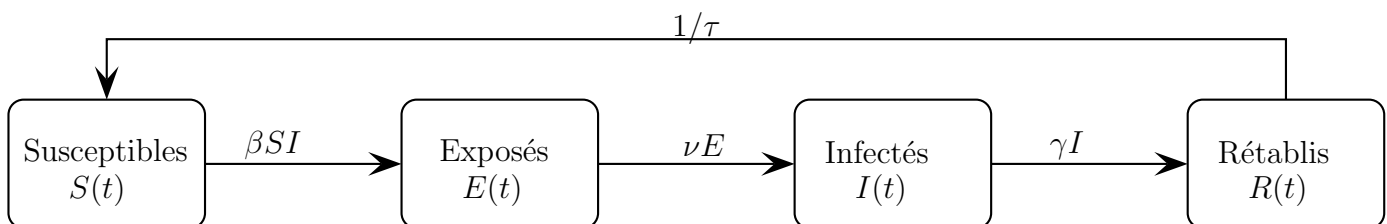


5. Modifier le modèle SIR précédent, et observer les variations entre les deux modèles.

Données : pour la grippe,  $\nu = 1/2$ , et pour la rougeole  $\nu \simeq 1/10$ .

## 4) Modèle SEIRS

SEIRS correspond au modèle SEIR avec perte d'immunité : au bout d'un temps moyen  $\tau$  les individus rétablis redeviennent susceptibles d'être contaminés puis infectés :



En période d'épidémie, cette grandeur est peu prise en compte car l'échelle de temps sur laquelle on étudie le phénomène dépasse cette durée de perte d'immunité.

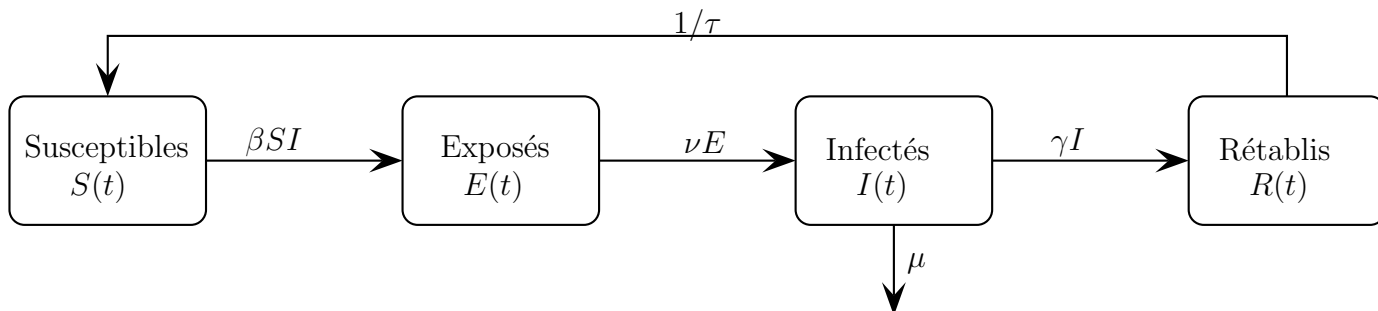
Néanmoins, pour la compréhension a posteriori, sa prise en compte peut être intéressante.



6. Modifier le modèle précédent, et observer les variations entre les deux modèles.  
*Données : on pourra prendre des temps de l'ordre de  $\tau = 3$  mois, 6 mois ou 1 an.*

## 5) Modèle SEIRS avec mortalité

On peut prendre en compte la mortalité chez les individus infectés.



Ce taux de mortalité est difficile à mesurer, compte tenu notamment des cas infectés mais asymptomatiques, c'est-à-dire qui risquent de ne pas être décomptés parmi les infectés.

7. Modifier le modèle précédent, et observer les variations entre les deux modèles.  
*Donnée pour la grippe :  $\mu \simeq 10\,000/2\,000\,000 = 0,005$ .*

## 6) Affinement socio-psychologique

À partir du moment où on a compris que les coefficients qui influent sur le devenir, ou non, de l'épidémie ne dépendent pas que des caractéristiques intrinsèques de la maladie, particulièrement le coefficient  $\beta$  qui prend en compte les interactions humaines, on comprend à quel point on peut affiner le modèle avec, aussi, des considérations sociologiques, psychologiques, économiques, ...

Le sociologue H. Lagrange<sup>4</sup> propose par exemple d'affiner le modèle SIR de base (ou un des autres vus précédemment) en s'attachant aux comportements sociaux face au danger, ici à la mortalité. En effet, une forte mortalité va avoir pour conséquence d'effrayer la population, qui va en retour avoir largement plus tendance à limiter ses interactions sociales et donc limiter la propagation du virus. Il propose ainsi de modifier le paramètre constant  $\beta$  en

$$\beta'(t) = \beta \left(1 - D(t)\right)^k$$

où  $D(t)$  est la mortalité au temps  $t$ , avec les notations précédentes,  $D(t) = \mu I(t)$ , et  $k$  un coefficient d'intensité.

8. Modifier les modèles précédents, et observer les variations entre les deux modèles.  
*Donnée : essayer avec différentes valeurs  $k = 1$ ,  $k = 2$ ,  $k = 10$ .*

4. « Coronavirus et comportement individuel », <http://variances.eu/?p=4837>