

Modéliser l'évolution de la taille d'une population

Document élèves

Le but de cet atelier est d'explorer différentes manières de mettre en équation et d'étudier la dynamique de la taille d'une population (humaine, d'animaux, de plantes, de virus, ...) au cours du temps. L'application qui sera le fil conducteur ici est l'évolution d'une épidémie.

1 Croissance malthusienne

Le premier modèle a été proposé par Robert Malthus en 1798 pour comprendre l'évolution de la taille d'une population humaine, d'où l'appellation « modèle de Malthus ».

Commençons par regarder plusieurs exemples. A chaque fois, on notera a_n la taille de la population à la génération n .

1. On suppose que chaque individu a 2 enfants à la génération d'après (on ne compte pas l'individu lui-même dans la nouvelle génération).
2. On suppose qu'un tiers des individus a 3 enfants, un autre tiers a 2 enfants et le dernier tiers n'a qu'un enfant.
3. On suppose qu'un tiers des individus a 2 enfants, un autre tiers a 1 enfant et le dernier tiers a 0 enfant.
4. On suppose qu'un quart des individus a 2 enfants, un autre quart a 1 enfant et la moitié restant a 0 enfant.

Quelle est l'équation qui relie a_n à a_{n-1} ? Peut-on la résoudre ? Comment peut-on simuler une telle évolution ? Quel sera le devenir de la taille de la population sur le long terme ?

Une fois tous ces points compris, on pourra réfléchir à comment sortir de ces cas particuliers un résultat plus général.

Application : comprendre la dynamique d'une épidémie

On suppose que la population qu'on regarde est aussi grande qu'on veut (pour qu'on ne manque jamais de nouvelles personnes à contaminer). Un seul individu est infecté par une maladie contagieuse au premier jour considéré. Puis chaque jour, chaque individu infecté contamine en moyenne 1,5 personnes saines et a une chance sur 10 de guérir à la fin de la journée (il ne sera donc plus infectieux à partir du lendemain).

Question : L'épidémie va-t-elle décoller ou pas ? Et si on remplace 1,5 par $b \geq 0$ et $1/10$ par $d \in [0, 1]$?

2 Croissance « malthusienne aléatoire »

En réalité on ne peut pas vraiment contaminer 1,5 individus, mais plutôt un nombre aléatoire d'individus de moyenne 1,5. Lorsque l'épidémie est déjà bien établie et touche un grand nombre de gens, on peut se contenter de regarder le comportement moyen de la population car les comportements individuels se compensent pour donner une évolution globale moyenne. Mais lorsque l'épidémie démarre avec un seul individu et que la probabilité que celui-ci ne contamine personne est de $1/3$, il est important de savoir si cet événement se réalise et la maladie disparaît complètement, ou s'il contamine quelqu'un d'autre et l'épidémie a une chance de décoller. On part donc des mêmes hypothèses qu'avant en ce qui concerne la population, mais à présent on suppose que chaque jour, chaque individu infecté a une probabilité $2/3$ de contaminer quelqu'un d'autre et une probabilité $1/3$ de guérir sans contaminer personne ce jour-là (ni les jours suivants par conséquent). Ces infections ou guérisons se font indépendamment les unes des autres.

Pour comprendre cette évolution, on commencera par la simuler. On pourra remplacer $2/3$ par un paramètre $p \in [0, 1]$ pour voir l'effet de cette probabilité sur l'évolution à long terme de la population d'infectés. On essaiera en particulier $p = 1$, $p = 0,75$, $p = 0,5$, $p = 0,25$ et $p = 0$.

Étudions maintenant le comportement de ce système. Pour commencer, si on l'analysait comme dans la section précédente, quelle suite $(a_n)_{n \geq 0}$ obtiendrait-on ? Ensuite, appelons x la probabilité que la population/l'épidémie s'éteigne lorsqu'elle part d'un seul individu. On commencera par justifier que cette probabilité satisfait l'équation suivante :

$$x = (2/3)x^2 + (1/3) \times 1. \quad (1)$$

On pourra ensuite la résoudre et en déduire des propriétés du modèle, puis généraliser cette étude au cas où $2/3$ est remplacé par $p \in [0, 1]$. Pour finir, quelle est la vitesse de croissance de la population quand elle croît ? Le temps qu'elle met à s'éteindre lorsque c'est le cas ?

3 Des modèles aléatoires plus généraux

Pour explorer des modèles plus généraux sans trop compliquer le propos, on suppose que chaque jour, chaque individu infecté contamine 2 individus sains avec probabilité $1/4$, 1 individu sain avec probabilité $1/4$, 0 individus mais ne guérit pas non plus avec probabilité $1/4$ ou enfin guérit sans contaminer personne avec probabilité $1/4$. Analyser cette dynamique.

En ouverture, on pourra réfléchir à nouveau aux différentes politiques de contrôle de l'épidémie et leur modélisation dans ce cadre aléatoire.

4 Le modèle logistique

Les modèles précédents sont un peu simplistes car si les ressources (le nombre de malades potentiels par exemples) sont limitées, alors les individus finiront par se gêner les uns les autres et à entrer en compétition pour les ressources. Comment peut-on prendre ceci en compte ?

On peut par exemple considérer que la compétition est proportionnelle à la taille actuelle de la population, mais qu'elle est d'autant moins grande qu'il y a beaucoup de ressources. Dans un modèle sans aléa, ceci donne le modèle logistique :

$$a_n = r a_{n-1} \left(1 - \frac{1}{K} a_{n-1} \right).$$

A quoi correspondent biologiquement les différents termes de cette équation ? Simuler cette dynamique en fonction de $r > 0$, $K > 0$ et de la valeur initiale $a_0 > 0$.

Comment peut-on analyser ce système ? Quels sont les « équilibres » possibles pour la taille de la population ? S'en rapproche-t-on au cours du temps ? Y a-t-il d'autres comportements possibles sur le long terme ?

5 Le modèle de Lotka-Volterra

En réalité les populations évoluent rarement seules, elles font partie d'un écosystème qui induit des interactions entre elles. Pour comprendre les effets de ces interactions, on peut commencer par s'intéresser à deux populations, une de proies et l'autre de prédateurs.

Le modèle le plus connu est le modèle de Lotka-Volterra, qui a été proposé indépendamment par Alfred Lotka et Vito Volterra en 1925-1926 pour expliquer une dynamique telle que celle de la figure 1. Celle-ci décrit la quantité de lièvres et de lynx dans une province du Canada

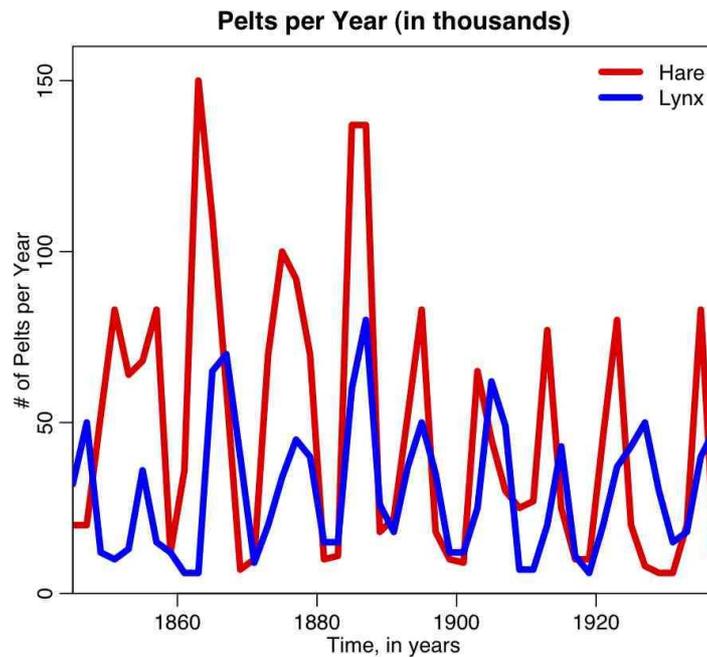


FIG. 1: Estimation des tailles de populations de lièvres et de lynx dans une province du Canada, sur un siècle.

entre 1840 et 1940 (ces chiffres ont en fait été estimés à partir du nombre de peaux de lièvres et de lynx vendues chaque année sur les marchés). Le modèle de Lotka-Volterra se décrit de la manière suivante : si on note a_n le nombre de proies et b_n le nombre de prédateurs à la génération n , alors

$$\begin{aligned}a_n &= ra_{n-1} - \gamma a_{n-1} b_{n-1}, \\b_n &= \delta a_{n-1} b_{n-1} - db_{n-1}.\end{aligned}$$

On commencera par interpréter biologiquement les différents termes de ces équations, puis on étudiera ce système en utilisant et adaptant les techniques vues précédemment.