



TITRE: MODÉLISATION MATHÉMATIQUE AU SERVICE DE LA DYNAMIQUE D'ESPÈCES BIOLOGIQUES

AUTEUR: DOUMATE TÊLÉ JONAS

PUBLICATION: ACTES DU HUITIÈME COLLOQUE DE L'ESPACE MATHÉMATIQUE FRANCOPHONE – EMF 2022

DIRECTEUR: ADOLPHE COSSI ADIHOUE, UNIVERSITÉ DE SHERBROOKE (CANADA/BÉNIN) AVEC L'APPUI DES MEMBRES DU COMITÉ SCIENTIFIQUE ET DES RESPONSABLES DES GROUPES DE TRAVAIL ET PROJETS SPÉCIAUX

ÉDITEUR: LES ÉDITIONS DE L'UNIVERSITÉ DE SHERBROOKE

ANNÉE: 2023

PAGES: 95 - 103

ISBN: 978-2-7622-0366-0

URI:

DOI:

Modélisation mathématique au service de la dynamique d'espèces biologiques

DOUMATE¹ Têlé Jonas

Résumé – Dans ce manuscrit, nous avons présenté le concept de la modélisation mathématique et montré son utilisation dans l'étude de la dynamique d'espèces biologiques à travers différents modèles mathématiques de la littérature.

Mots-clefs : Modèle, activité cognitive, modèle mathématique, dynamique des populations.

Abstract – In this manuscript, we present mathematical modeling concept and show its use in the dynamics of biology species through different existing mathematical models in literature.

Keywords: Model, cognitive activity, mathematical model, dynamics of population.

1. Faculté des Sciences et Techniques (FAST) / Université d'Abomey-Calavi (UAC), doumatt@yahoo.fr ou jonas.doumate@fast.uac.bj

Introduction

Les interactions entre les sciences mathématiques et biologiques se sont multipliées ces dernières années au point où les sujets traditionnels, tels que la modélisation comme la modélisation des populations, d'espèces biologiques, et des maladies, ont fait des biomathématiques un domaine passionnant et en extension. La modélisation en biomathématique conduit à l'élaboration ou à l'utilisation d'un ou plusieurs équations mathématiques décrivant le système biologique étudié. Selon l'approche de modélisation et les aspects biologiques auxquels se rapporte l'étude, ces équations peuvent être discrètes, différentielles ordinaires ou aux dérivées partielles (Mamadou, 2013). L'image de la biologie comme une science non mathématique, qui persiste chez de nombreux étudiants, rend un mauvais service à ceux qui l'entretiennent (Elizabeth & John, 2004).

Les mathématiques peuvent contribuer à résoudre une variété de problèmes d'intérêt en recherche biologique. La capacité à collecter des données avec l'avènement de l'intelligence artificielle par exemple, dépasse notre capacité à raisonner de manière heuristique sur les mécanismes de cause à effet dans les systèmes complexes. C'est l'analyse des modèles mathématiques qui nous permet de formaliser le processus de cause à effet et de le relier aux observations biologiques (Gerda *et al.*, 2006).

Ce manuscrit tente de présenter le concept de la modélisation mathématique couplé avec ses principes et quelques modèles mathématiques en dynamique des populations incluant l'approche de l'analyse compartimentale utilisée en épidémiologie.

Généralités sur la modélisation mathématique

Selon la définition du dictionnaire du mot *modèle*, c'est une représentation miniature de quelque chose ; modèle de quelque chose à fabriquer ; exemple à imiter ou à émuler ; description ou analogie utilisée pour aider à visualiser quelque chose (par exemple, un atome) qui ne peut pas être observé directement ; système de postulats, de données et de déductions présenté comme une description mathématique d'une entité ou d'un état de choses ; un système de postulats, de données et d'inférences présenté comme une description mathématique d'une entité ou d'un état de fait.

Cette définition suggère que la modélisation est une activité, une activité cognitive au cours de laquelle nous réfléchissons et élaborons des modèles pour décrire la manière dont les dispositifs ou les objets sont utilisés. Selon Clive Dym (2004), il existe de nombreuses façons de décrire les dispositifs et les comportements. Nous pouvons utiliser des mots, des dessins ou des croquis, des modèles physiques, des programmes informatiques ou des formules mathématiques. En d'autres termes, l'activité de modélisation peut se faire dans plusieurs langages, souvent simultanément. Étant donné que nous nous intéressons particulièrement à l'utilisation du langage mathématique pour créer des

modèles, nous allons affiner la définition en disant qu'un *modèle mathématique* est une représentation en termes mathématiques de comportement de dispositifs et d'objets réels.

La modélisation mathématique est une activité fondée sur des principes, qui repose à la fois sur des principes et sur des méthodes qui peuvent être appliquées avec succès. Les principes sont des principes généraux ou des méta principes formulés comme des questions sur les intentions et les objectifs de la modélisation mathématique. Ces méta principes sont presque philosophiques par nature et nous résumons les principes méthodologiques et étapes de l'activité de la modélisation par un diagramme tiré du livre de Clive Dym (2004) fondés sur les réponses aux séries de questions du diagramme :

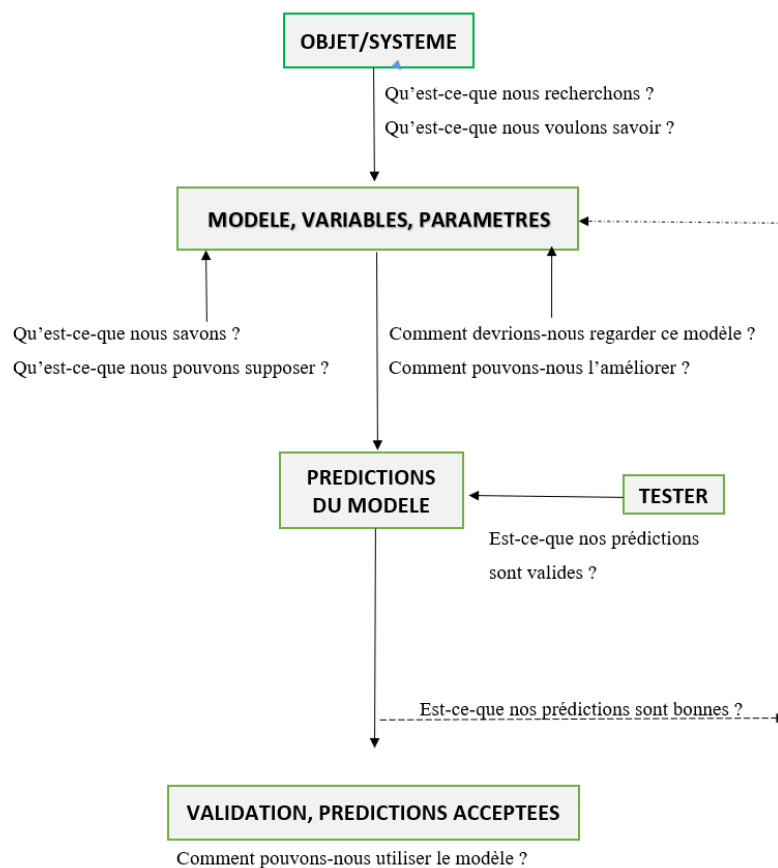


Figure 1 : Principes et étapes de la modélisation mathématique

Modèles mathématiques en dynamique de la population

La conception de modèles mathématiques en général reste un challenge et surtout en sciences agronomiques car elle doit répondre à plusieurs critères au nombre desquels nous pouvons citer :

- L'efficacité de l'outil de simulation et sa robustesse ;

- L'utilisation répétée possible ;
- La transparence ;
- La facilité dans l'application ;
- L'accessibilité aux variables ;
- L'exploitation facile de rendu de sorties ; et
- L'adaptation au changement climatique.

Nous commençons par le modèle mathématique le plus simple d'une population en évolution.

Modèle de Malthus ou modèle exponentiel.

La modélisation en biologie a commencé à être utilisée en dynamique des populations afin de modéliser à la fois la croissance des populations et les différentes interactions qui existent entre elles. Les premiers modèles de croissance de populations datent de la fin du 18^e siècle avec le modèle de Malthus (Christelle, 2005) suivant les hypothèses où la taille de la population N évolue en fonction du temps (t) avec un taux de variation individuel constant et la question principale est de savoir comment se comporte cette population lorsque le temps évolue vers l'infini.

En désignant par β , le taux de variation spécifique de la population, la dynamique est régie par l'équation différentielle ordinaire

$$\frac{dN}{dt} = \beta N(t) (1)$$

La résolution de l'équation (1) nous donne

$$N(t) = N_0 e^{\beta t} (2)$$

avec la taille de la population à l'instant initial. À partir de l'équation (2), la dynamique dépend ainsi du signe de β comme le montre le tableau suivant :

	Etat de la population
$\beta < 0$	La population diminue
$\beta = 0$	La population ne varie pas
$\beta > 0$	La population augmente

L'étude du comportement asymptotique de cette population montre qu'à l'infini, lorsque $\beta = 0$, la population reste constante ; lorsque $\beta < 0$, la population s'éteint ou disparaît tandis que quand, $\beta > 0$ la population croît indéfiniment. Le fait que la population augmente de manière exponentielle dans le dernier cas n'est pas satisfaisant du point de vue biologique car les ressources de l'environnement étant souvent limitées. Nous allons maintenant considérer un autre modèle de croissance qui tient compte de cette préoccupation.

Modèle continu de Verhulst ou modèle logistique.

Le modèle de croissance logistique est beaucoup plus réaliste comparé au modèle de Malthus dans lequel les ressources disponibles ne sont pas prises en compte; donc supposées illimitées, ce qui conduit à une explosion de la population dans le cas d'une croissance exponentielle. Le modèle de Verhulst est l'un des premiers modèles qui décrit l'évolution d'une population (bactéries, animaux, etc.). La version simplifiée de ce modèle consiste à considérer les taux de natalité, b et de mortalité, d , constants. En notant par $N(t)$ la taille de la population considérée, le modèle est représenté par l'équation suivante :

$$\frac{dN}{dt} = \beta N(t) \left(1 - \frac{N(t)}{k} \right) \quad (3)$$

où

- β est le taux de variation spécifique de la population avec ; étant le taux de naissance spécifique (supposé constant) et, le taux de mortalité spécifique (supposé croissant par rapport à la taille de la population) avec $d = d_0 + \gamma N(t)$;

• .

$$k = \frac{\beta}{\gamma}.$$

La résolution mathématique de l'équation (3) avec la donnée initiale $N(0) = N_0$ donne :

$$N(t) = \frac{k N_0}{N_0 + (k - N_0) e^{-\beta t}}.$$

Ce modèle nous fournit deux points d'équilibre $N_1 = 0$ et $N_2 = k$ et les questions de stabilité peuvent être étudiées en analysant les scénarios à la position de par rapport à N_0 .

Modèle continu de Gompertz.

Gompertz (1779 - 1865) a introduit son modèle pour améliorer aussi celui de Malthus en démographie. Le modèle de Gompertz considère le taux de natalité b constant mais suppose que le taux de mortalité est une fonction logarithmique de la taille de la population ; ce qui trouve sa justification dans le fait que la mort peut être une conséquence de deux causes qui coexistent. Ce modèle est maintenant utilisé dans de nombreux domaines.

Modèle d'espèces en compétition (modèle de Lotka-Volterra).

Le modèle de Lotka-Volterra est un modèle type de coexistence de deux populations et où l'une est une proie pour l'autre considérée comme prédateur. Une représentation mathématique de l'interaction entre ces deux espèces est décrite par le système d'équations différentielles

$$(S')$$

où N est la densité de proies, M la densité de prédateurs, a = taux de croissance des proies, b = taux de rencontres des prédateurs avec les proies, c = efficacité de la conversion des proies en nouveaux prédateurs et d représente le taux de mortalité des prédateurs. Les solutions de (S') sont des solutions périodiques autour du point d'équilibre et $N = \frac{d}{c}$ et $M = \frac{a}{b}$.

Modèles compartimentaux en épidémiologie.

En présence d'une épidémie, la dynamique de la population peut être étudiée par des modèles épidémiologiques représentés par des compartiments. On distingue, pour le cas le plus simple, trois catégories d'individus (appelées compartiments) en fonction de leur susceptibilité vis-à-vis de la maladie ; les susceptibles (S) qui sont des individus sains mais qui peuvent être contaminés, les infectés (I) et les remis (R) qui retrouvent le statut des susceptibles ; ce qui correspond au modèle dénommé modèle SIS. Le système d'équations différentielles correspondant à ce modèle est le suivant :

où les coefficients, et sont compris entre 0 et 1. On note aussi ce qui suit :

- le terme quantifie le nombre d'individus susceptibles qui sont infectés par unité de temps ;
- le terme représente le nombre d'individus infectés qui guérissent par unité de temps ;
- le terme représente d'individus immunisés et qui perdent leur immunité par unité de temps.

En annulant les seconds membres dans le système, on trouve deux points d'équilibre à savoir :

$$\text{et : } S(\text{quelconque}); I_1 = 0; R_1 = 0$$

$$S_2 = \frac{\vartheta}{\beta}; I_2 = \frac{\gamma R}{\vartheta}; R_2 = R(\text{quelconque})$$

L'existence d'intégrale première de permet de réduire la dimension du modèle et le reste de l'étude se fait autour de la nature des points d'équilibre et de leur stabilité.

Conclusion

Dans ce manuscrit, nous avons présenté quelques modèles mathématiques qui sont utilisés en biologie et bien d'autres domaines. L'implication des mathématiques dans tous les domaines continue d'exploser et les recherches doivent continuer sur l'adaptation de techniques et théories mathématiques pour répondre aux problèmes de la vie. L'utilisation de l'intelligence artificielle est une perspective pour affiner les modèles de dynamique d'espèces et les rendre le plus efficace possible.

Références

- Allman, Elizabeth S. & Rhodes, Elizabeth S. (2004). *Mathematical Models in Biology: An Introduction*. Cambridge University Press.
- Dym, Clive (2004). *Principles of Mathematical Modeling, 2nd Edition*. eBook ISBN: 9780080470283, Hardcover ISBN: 9780122265518.
- de Vries, Gerda, Hillen, Thomas, Lewis, Mark, Müller, Johannes & Schönfisch, Birgitt, (2006). *A course in Mathematical Biology: Quantitative Modeling with Mathematical and Computational Methods*. Society for Industrial and Applied Mathematics (SIAM).
- Diagne, Mamadou Lamine (2013), *Modélisation et étude mathématique de la dynamique de prolifération du Typha dans le Parc National des Oiseaux de Djoudj (PNOD)*. HAL Id: tel-02180823, <https://theses.hal.science/tel-02180823>.
- Magal, Christelle (2005). *Mathématiques en dynamique des populations*. Bulletin de l'APMEP. N°459. p. 437-448.