

Un cadre de modélisation agile pour la dynamique des populations

Laurent ATTIAS, Laboratoire Jacques-Louis LIONS - Paris

Vincent SIESS, DASSAULT SYSTÈMES - Vélizy-Villacoublay

Stéphane LABBÉ, Laboratoire Jacques-Louis LIONS - Paris

Que ce soit pour modéliser des écosystèmes, des systèmes socio-économiques, ou des phénomènes épidémiques, on peut être amené à considérer une population hétérogène, divisée selon plusieurs critères, ce qui confère une certaine richesse à la description. Chaque critère pouvant lui-même posséder plusieurs niveaux, on peut rapidement arriver à plusieurs milliers d'équations. Une écriture à la main du modèle devient alors irréaliste. Le développement d'un code dédié n'est pas toujours une bonne idée non plus, car chaque enrichissement du modèle nécessitera un nouveau développement du code.

Il est donc nécessaire de mettre au point une stratégie agile de modélisation qui permettra ensuite la génération du modèle. Cela nécessite de réfléchir d'une part sur le formalisme mathématique, et d'autre part sur la façon de représenter un modèle complexe et de générer ses équations, ainsi que sur les outils adaptés à ces tâches. Par ailleurs, un tel processus doit pouvoir prendre en charge de futures complexifications du système, tout en restant le plus générique possible.

Le formalisme proposé pour unifier les équations de la dynamique de la population est une généralisation de l'équation de MacKendrick [1], extrêmement utilisée en modélisation démographique [2]. La généralisation proposée permet de prendre en compte les multiples stratifications de la population ainsi que les transferts d'individus entre strates via un opérateur d'échange K :

$$\partial_t \phi(t, a) + \partial_a \phi(t, a) + K(t, \phi(t), a) + \mu(t, \phi(t), a) \phi(t, a) = 0 \quad (1)$$

K est typiquement un opérateur intégral à noyau, visant à modéliser ces flux internes de populations. Sous certaines hypothèses raisonnables, on montre un résultat d'existence et d'unicité en utilisant une formulation intégrale de (1) et une généralisation du théorème de Cauchy-Lipschitz.

Un générateur de modèles basé sur le formalisme de l'équation de MacKendrick généralisée est implémenté en Python. Celui-ci permet de générer un code simulable en langage Modelica, à partir d'un ensemble de diagrammes encodant les hypothèses de stratification et les phénomènes d'échanges entre les différents compartiments de la population.

La démarche consistera, à terme, à se baser sur un langage de modélisation graphique de type SysML pour représenter tous les phénomènes d'échanges. Chaque enrichissement de la topologie du modèle passera alors par l'ajout ou la modification de diagrammes qui seront ensuite transcrits par le générateur de code. Une telle démarche est particulièrement adaptée à la modélisation de systèmes complexes de grande taille et de systèmes de systèmes.

En guise d'exemple d'application, nous avons mis en œuvre la méthode de modélisation sur un modèle proie-prédateur de type Lotka-Volterra dans lequel les populations sont structurées en âge, en sexe, et en territoire, et dans lequel la population de proies est sujette à la propagation d'une maladie. Pour modéliser la propagation de maladies contagieuses dans ces populations animales, un modèle épidémiologique de type SIR a donc été superposé à la dynamique démographique. Ce type de modèles permet d'étudier finement l'influence de plusieurs critères lors de phénomènes épidémiques, tout en engendrant des systèmes de très grande taille, ce qui permet de tester l'intérêt de notre approche.

[1] A. G. McKendrick. *Applications of Mathematics to Medical Problems*. Proceedings of the Edinburgh Mathematical Society, **44**, 98–130, 1926.

[2] J. D. Murray. *Mathematical Biology : I. An Introduction, Third Edition*, 2002.