# Projet Numérique Master Physique Recherche Fondamentale : Modèle proie-prédateur

# COLOMBIER Marc-Antoine et FERRY Morgan 5 mai 2024

## Table des matières

1	Introduction			1
<b>2</b>	Une première approche : Les équations de Lotka-Volterra			
	2.1	Modèl	le théorique	2
	2.2	Analy	rse Numérique	3
		2.2.1		
		2.2.2	Modèle classique	4
		2.2.3	Modèle avec influence extérieur	
		2.2.4	ouverture sur un 3ème modèle : Modèle avec éffort	9
3	Une seconde approche : Modèle 2D			
	3.1	Modél	lisation physique	10
	3.2	Simula	ation numérique	11
		3.2.1	Structure du programme	11
		3.2.2		
1	Cor	nclusio	ภา	14

## 1 Introduction

Un modèle proie-prédateur est un modèle simulant la dynamique de deux espèces, une étant la proie et l'autre le prédateur. Le modèle de prédation de Lotka-Volterra, proposé dans les années 1920, est le premier modèle mettant en jeu un couple d'équations différentielles utilisé pour décrire la démographie du lynx et du lièvre des neiges. L'objectif de ce projet est de résoudre numériquement les équations de Lotka-Volterra puis de comparer ces résultats à un modèle 2D simulant l'évolution des deux espèces. Les programmes seront exclusivement écrits en Python. Marc-Antoine s'est occupé de la résolution numérique des équations de Lokta-Volterra et Morgan s'est occupé de la conception et de la résolution numérique du modèle 2D.

## 2 Une première approche : Les équations de Lotka-Volterra

## 2.1 Modèle théorique

Le modèle de Lokta-Voltera est un jeu de deux équations décrivant l'évolution des populations l'une influant sur l'autre. Le modèle le plus simple que l'on puisse imaginer est celui-ci :

$$\begin{cases} \frac{\partial x}{\partial t}(t) = x(t)(\alpha - \beta y(t)) \\ \frac{\partial y}{\partial t}(t) = y(t)(\delta x(t) - \gamma) \end{cases}$$

où:

 $\alpha$  est le taux de reproduction intrinsèque de la proie

 $\beta$  le taux de mortalité des proies dû aux prédateurs

 $\delta$  le taux de reproduction des prédateurs lié aux proies mangées

 $\gamma$  le taux de mortalité intrinsèque aux prédateurs

Ces paramètres étant des taux, ils sont tous compris entre 0 et 1. Ce jeu d'équation décrit l'évolution des proies x(t) et des prédateurs y(t) au cours du temps. Ce modèle peut être traité analytiquement grâce à une étude de stabilité. Pour cela, on peut écrire la Jacobienne de ce jeu d'équation.

$$J(x(t), y(t)) = \begin{pmatrix} \alpha - \beta y(t) & -\beta x(t) \\ \delta y(t) & \delta x(t) - \gamma \end{pmatrix}$$

Le système admet deux points fixes : (x(t), y(t)) = (0, 0) et  $(x(t), y(t)) = (\frac{\alpha}{\beta}, \frac{\gamma}{\delta})$ .

• Dans le cas du premier point fixe (0,0) on obtient la matrice Jacobienne suivante :

$$J(0,0) = \begin{pmatrix} \alpha & 0 \\ 0 & -\gamma \end{pmatrix}$$

La matrice est déjà diagonale de valeurs propres  $\{\alpha, -\gamma\}$ .  $\alpha$  et  $\gamma$  étant des réels compris entre 0 et 1, les deux valeurs propres de la Jacobienne sont toujours de signes opposés et le point (0,0) n'est donc pas stable. Il est donc presque impossible que les deux espèces s'éteignent.

• Dans le cas du second point fixe  $(\frac{\alpha}{\beta}, \frac{\gamma}{\delta})$ , la Jacobienne s'écrit :

$$J(\frac{\gamma}{\delta}, \frac{\alpha}{\beta}) = \begin{pmatrix} 0 & -\beta \frac{\gamma}{\delta} \\ \delta \frac{\alpha}{\beta} & 0 \end{pmatrix}$$

On cherche alors à la diagonaliser afin d'obtenir les valeurs propres dont le signe nous donnera la stabilité du point. On trouve :

$$J(\frac{\gamma}{\delta}, \frac{\alpha}{\beta}) = \begin{pmatrix} i\sqrt{\alpha\gamma} & 0\\ 0 & -i\sqrt{\alpha\gamma} \end{pmatrix}$$

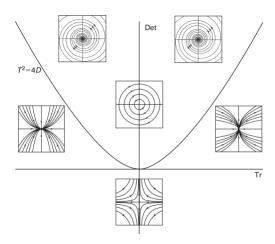


FIGURE 1 – Classification des points fixes d'un système dynamique bi-dimensionnel selon la trace et le déterminant de la Jacobienne.

On peut déduire plusieurs choses de cette matrice.

Tout d'abord, on voit que les valeurs propres sont imaginaires pures. De plus, la trace est nulle et le déterminant  $Det(J(\frac{\gamma}{\delta},\frac{\alpha}{\gamma}))) = \alpha \gamma$  positif. On peut donc dire d'après la figure 1 que l'on a un cycle limite autour de ce point et que l'évolution des populations doit osciller autour de ce point fixe elliptique.

De plus, on peut observer que la trace est toujours nulle  $(\forall \alpha, \forall \beta, \forall \delta, \forall \gamma)$ , mais que le déterminant dépend du produit  $\alpha\delta$ . Ainsi, la taille du cercle limite dépend exclusivement du taux de reproduction (intrinsèque) des proies et du taux de reproduction des prédateurs.

## 2.2 Analyse Numérique

#### 2.2.1 Méthode d'intégration

Comme nous l'avons présenté, pour résoudre le système d'équations, nous devons passer par des intégrales. Au tout début, nous avons pensez à la méthode la plus simple, nous avions utilisé la méthode d'Euler. Malheureusement, si nous utilisions cette méthode d'intégration, nous obtenions des cycles divergents alors nous étions censés tomber sur des cycles stables. Nous devions donc refléchir à un autre moyen pour résoudre notre système d'équations. Ainsi, nous nous sommes tourner vers la méthode de Runch-Kutta.

```
def RunchKutta(x,y): #Runch-Kutta Method
x1,y1 = f(x,y)
x2,y2 = f(x + x1 * dt * 0.5, y + y1 * dt * 0.5)
x3,y3 = f(x + x2 * dt * 0.5, y + y2 * dt * 0.5)
x4,y4 = f(x + x3 * dt,y + y3*dt)
X = x + dt * (x1/6 + x2/3 + x3/3 +x4/6)
Y = y + dt * (y1/6 + y2/3 + y3/3 +y4/6)
return X,Y
```

Figure 2 – Caption

Cette méthode d'intégration est plus longue que la méthode d'Euler en terme de calcul numérique mais est beaucoup plus précise. Ainsi, tous les codes que nous avons écrits utilise cette méthode.

#### 2.2.2 Modèle classique

Nous avons cherché à résoudre les équations de Lotka-Volterra sur Python. Pour cela, nous avons utilisé une méthode d'intégration, la méthode de Runge-Kutta, et avons joué sur les différents paramètres de notre système.

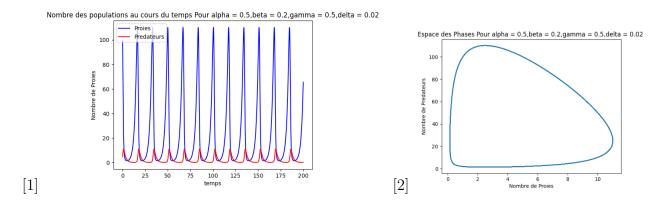


FIGURE 3 – Evolution des populations pour  $\alpha = 0.5, \beta = 0.2, \gamma = 0.5, \delta = 0.02$ 

La figure 3 nous permet de déterminer une période caractéristique de l'évolution des espèces. Pour ces paramètres, on obtient la même période pour les deux espèces qui est de 16.838 (en unité de temps arbitraire). Nous pouvons modifier les paramètres et obtenir une évolution différente.

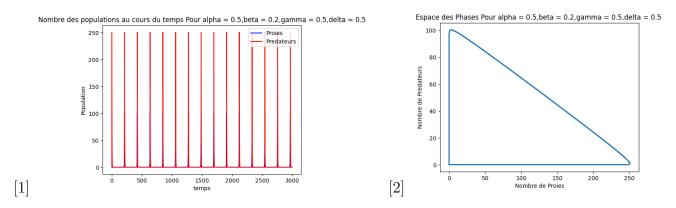


FIGURE 4 – Evolution des populations pour  $\alpha = 0.5, \beta = 0.2, \gamma = 0.5, \delta = 0.5$ 

On peut remarquer que la période d'oscillation dépend de nos paramètres.

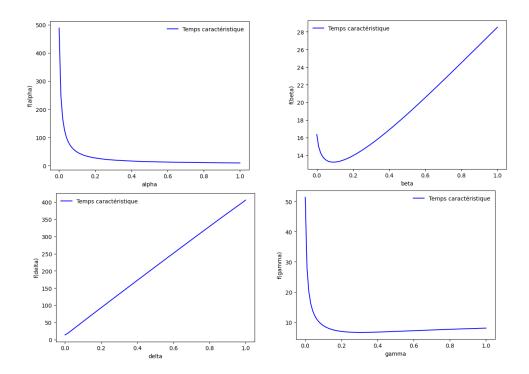


FIGURE 5 – Evolution du temps caractéristique en fonction des différents paramètres qui varient un a un

Comme on peut le voir, la dépendance de la période d'oscillation est différente pour chacun des paramètres, mais si on se place dans le cas où les paramètres sont dans l'intervalle [0,3;1], alors on peut approximer nos dépendances par des droites.

$$d\tau = -59.516 \times d\alpha + 166.787 \times d\beta - 67.071 \times d\gamma + 952.68 \times d\delta \tag{1}$$

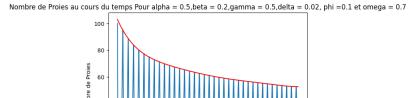
#### 2.2.3 Modèle avec influence extérieur

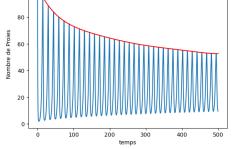
Le modèle précédent décrivait l'évolution d'une population "fermée", c'est à dire comme un système fermé ou isolé. Nous avons voulu savoir s'il était possible de décrire l'évolution d'une population subissant une influence extérieure, ici l'Homme. Pour ce modèle, on a choisi de s'inspirer d'un écologue qui décide de rajouter des proies si leurs nombre est faible et de chasser des prédateurs si le nombre de proies diminue. Il s'agit donc de rajouter une régulation des populations par le biais de l'Homme. Ainsi, on obtient le système d'équation suivant.

$$\begin{cases} \frac{\partial x}{\partial t}(t) = x(t)(\alpha - \beta y(t)) + \omega \times (1/x) \\ \frac{\partial y}{\partial t}(t) = y(t)(\delta x(t) - \gamma) - \phi \times (1/x) \end{cases}$$

La signification physique de  $\alpha$ ,  $\beta$ ,  $\gamma$  et  $\delta$  reste identique a celui du modèle précédent mais nous avons introduit deux nouvelles constantes de "régulation" :  $\omega$  et  $\phi$ .

Alors que  $\omega$  se traduit par la repopulation des proies induites pas l'Homme,  $\phi$  traduit l'efficacité de la chasse. Ainsi, pour des valeurs  $\alpha=0.5, \beta=0.2, \gamma=0.5, \delta=0.02, \phi=0.1$  et  $\omega=0.7$ , on obtient :





Nombre de Prédateur au cours du temps Pour alpha = 0.5,beta = 0.2,gamma = 0.5,delta = 0.02, phi = 0.1 et omega = 0.7

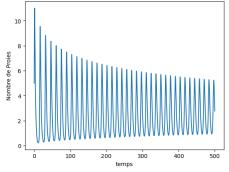
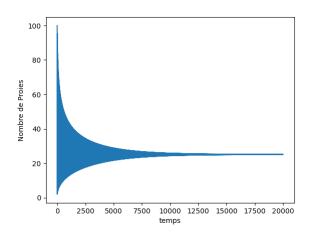


FIGURE 6 – Evolution des populations pour  $\alpha = 0.5, \beta = 0.2, \gamma = 0.5, \delta = 0.5, \omega = 0.7, \phi = 0.1$ 

Comme on peut le voir, le cycle semble converger vers une valeur finie. Pour voir la valeur final, on peut augmenter le temps d'acquisition (nombre d'itérations).



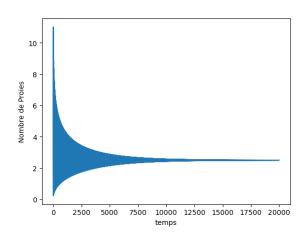
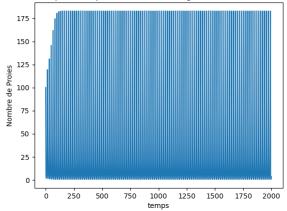


FIGURE 7 – Evolution des populations pour  $\alpha = 0.5, \beta = 0.2, \gamma = 0.5, \delta = 0.5, \omega = 0.7, \phi = 0.1$ 

Comme on peut le voir, le nombre de Proies tend vers 25 alors que le nombre de Prédateur temps vers 2. Pour autant, il est possible de trouver des paramètres pour lesquels on tombe sur d'autres situations. Si on choisit  $\omega=0.2$  et  $\phi=0.2$ , on retombe sur le modèle de Lokta-Voltera sur des temps longs.



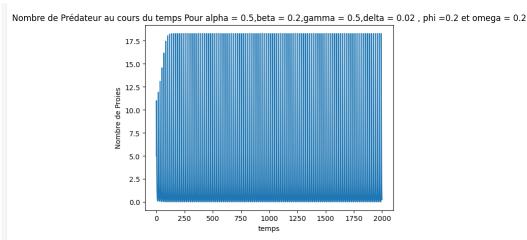


FIGURE 8 – Evolution des populations pour  $\alpha = 0.5, \beta = 0.2, \gamma = 0.5, \delta = 0.5, \omega = 0.2, \phi = 0.2$ 

Comme on peut le voir, à partir d'un certain temps, on atteint un régime décrit par le modèle précédent. Ainsi, si les valeurs de  $\omega$  et de  $\phi$  sont comprises entre 0 et 1, on a deux situations possibles :

- Soit on revient sur le modèle initial
- Soit on obtient une nouvelle évolution qui converge vers une valeur finie

Or ici,  $\omega$  peut être supérieur a 1. En effet, il représente un taux de proies amené par les Hommes. Prenons alors, comme dans les cas précédent, les mêmes paramètres mais en modifiant la valeur de  $\omega$ .

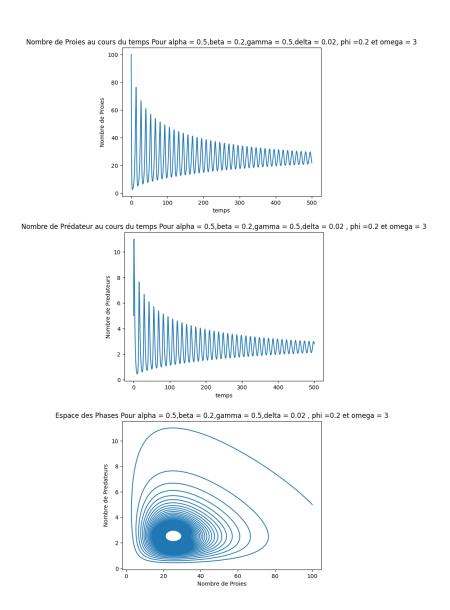


Figure 9 – Evolution des populations pour  $\alpha = 0.5, \beta = 0.2, \gamma = 0.5, \delta = 0.5, \omega = 3, \phi = 0.2$ 

Comme on peut le voir pour des valeurs de  $\omega$  positives, on obtient un cycle qui converge. On retombe sur la situation pour des valeurs de  $\omega=0.7$  et  $\phi=0.1$  On peut, comme pour le modèle de Lokta-Volterra, déterminer la contribution d'une légère modification de  $\omega$  sur le temps d'une oscillation. Ainsi, on obtient :

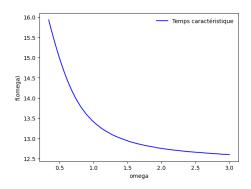


FIGURE 10 – Temps d'une période en fonction de  $\omega$ 

On remarque que l'on ne peut plus faire d'approximation linéaire de notre caractéristique mais pour autant, le temps caractéristique semble suivre une loi exponentielle en fonction de  $\omega$ . On peut faire la même chose mais maintenant en variant  $\phi$ .

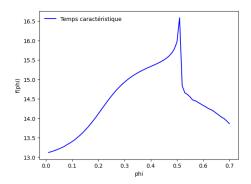


FIGURE 11 – Temps d'une période en fonction de  $\phi$ 

Au final, on trouve que:

$$d\tau = -59.516 \times d\alpha + 166.787 \times d\beta - 67.071 \times d\gamma + 952.68 \times d\delta + Ce^{-\frac{\omega}{\Omega}} \times d\omega + f(\phi) \times d\phi \quad (2)$$

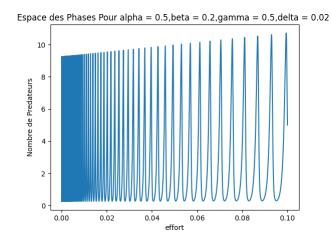
#### 2.2.4 ouverture sur un 3ème modèle : Modèle avec éffort

Le principe de ce modèle est simple. Tandis que dans la sous-partie précédente les humains étaient un effet externe au système, ici leurs efforts sont eux aussi assujettis a la variation des populations.

$$\begin{cases} \dot{x}(t) = x(t) \left(\alpha - \beta y(t) + \omega w\right) \\ \dot{y}(t) = y(t) \left(\delta x(t) - \gamma - \omega w\right) \\ \dot{w}(t) = \sigma w(a - c) \end{cases}$$

Dans ce jeu d'équations, à la différence du modèle précédent, la variation de x(t) dépend du produit  $x(t)\omega w$  (de même pour y(t)).

Ce nouveau modèle permet de mettre en avant un "effort" des Hommes qui est lié a la variation de population. Alors que dans le second modèle l'effort était constant (lié aux valeurs de  $\omega$  et  $\phi$ ), ici il va varier au cours du temps. Ce modèle est une "amélioration" du modèle précédent mais il semble toutefois avoir des défauts comme par exemple la quantification de  $\omega$ .



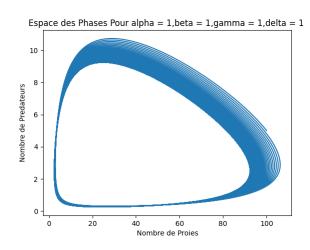


FIGURE 12 – Espace des phases pour  $\alpha = 0.5, \beta = 0.2, \gamma = 0.5, \delta = 0.02, \omega = 0.8, (a - c) = 0.01$ 

On remarque que l'évolution de l'effort dépend grandement de la valeur de (a-c).

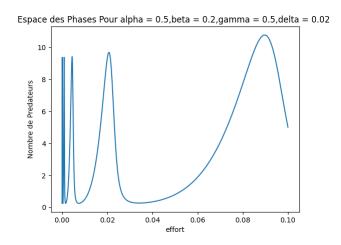


FIGURE 13 – espace des phases de l'évolution des prédateurs et de l'effort pour (a-c)=0.2

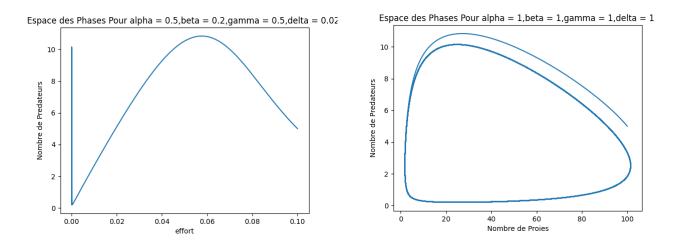


FIGURE 14 – Espace des phases pour  $\alpha=0.5, \beta=0.2, \gamma=0.5, \delta=0.02, \omega=0.8, (a-c)=1$ 

Comme on peut le constater, l'évolution du nombre de Prédateurs et de Proies converge vers un cycle stable que l'on peut décrire avec le premier modèle. Pour autant, l'évolution de l'effort semble être un peu plus compliqué à décrire.

## 3 Une seconde approche : Modèle 2D

L'objectif de cette partie est de proposer un modèle proie-prédateur en 2 dimensions et de le transposer en simulation numérique. On comparera les résultats avec ceux obtenus dans la partie précédente.

## 3.1 Modélisation physique

Dans ce modèle, les proies et les prédateurs sont disposés sur une grille 2D sur laquelle ils peuvent se déplacer. Ce modèle est discretisé spatialement et temporellement : entre deux instants successifs,

chaque individu se déplace sur une case voisine. Proies et prédateurs peuvent se reproduire et mourir et les prédateurs peuvent chasser les proies. A chaque action est attribuée une probabilité de succès.

Cette méthode présente des différences avec le modèle de Lokta-Volterra. D'abord cette simulation n'est pas déterministe : les actions effectuées (ou non) par les individus (déplacement, reproduction, chasse, décès) sont régies par des probabilités. Cela signifie qu'une situation initiale peut conduire à des évolutions différentes, contrairement au modèle de Lokta-Volterra. De plus, ce modèle simule le déplacement des individus sur une grille et prend donc en compte une dépendance spatiale, ce qui n'est pas le cas dans les équations de Lokta-Volterra. Les conditions initiales spatiales, la taille et la forme de la grille peuvent donc avoir un impact sur l'évolution des populations. Enfin, le modèle de Lokta-Volterra est continu (couple d'équations différentielles) tandis que le modèle de grille 2D est discretisé temporellement et spatialement par les cases de la grille.

#### Les hypothèses du modèle sont les suivantes :

- On se place dans le cas d'une grille carrée avec  $N^2$  cases (N étant le nombre de cases par ligne/colonne) et on utilise les conditions aux limites périodiques. Une grille carrée permet de ne pas avoir de direction spatiale privilégiée et les conditions aux limites périodiques permettent de simuler une infinité de grilles collées les unes aux autres ayant les mêmes propriétés moyennes, sans se soucier des effets de bord. Ainsi si un individu sort de la grille, il est ramené dans la grille de l'autre côté. Par exemple, s'il sort de la grille par le haut il est ramené en bas sur la même colonne. On rappelle que le déplacement des individus est restreint à ses 8 cases voisines (en tenant compte des conditions aux limites périodiques).
- Le comportement des proies et des prédateurs est régi par un jeu de quatre nombres réels  $\alpha$ ,  $\beta$ ,  $\gamma$ et  $\delta$  compris entre 0 et 1. Le choix des noms n'est pas anodin et fait référence à ceux choisis dans la partie précédente, les taux étant remplacées ici par des probabilités à chaque itération. Ainsi  $\alpha$ représente la probabilité de reproduction intrinsèque de la proie et  $\gamma$  la probabilité qu'un prédateur meure. Comme dans le modèle de Lokta-Volterra, ces deux paramètres sont intrinsèques, c'est à dire constants. Les paramètres  $\beta$  et  $\delta$  traitent quant à eux des interactions entre proies et prédateurs. En particulier,  $\beta$  représente la probabilité pour une proie d'être tuée par un prédateur. Elle est elle aussi constante mais le taux de "chasse" doit être plus élevé lorsque le nombre de prédateurs et de proies est élevé (terme en  $-x(t)\beta y(t)$  dans Lokta-Volterra). Ce point est bien reproduit avec le modèle 2D. De plus,  $\delta$  représente la probabilité pour un prédateur de se reproduire. Le taux de reproduction des prédateurs doit augmenter avec le nombre de proies rencontrées et chassées. Cela se justifie par le fait qu'un prédateur doit d'abord survenir à ses besoins (dont la nourriture) avant de se reproduire. Dans le modèle précédent, cette dépendance était régie par le terme  $y(t)\delta x(t)$ . Or, le modèle 2D tel quel ne permet pas de satisfaire cette observation. Pour ce faire, on augmente la probabilité  $\delta$  de reproduction d'un prédateur qui vient de manger et on la diminue sinon. Les valeurs de  $\delta$  étant comprises entre 0 et 1, nous avons opté pour la fonction  $x \mapsto x^{\frac{1}{3}}$  pour l'augmentation et  $x \mapsto x^3$  pour la diminution de  $\delta$ . Ainsi, si le prédateur i a une probabilité de reproduction  $\delta_i(t)$  à l'instant t, alors la probabilité de reproduction  $\delta_i(t+1)$  à l'instant t+1 est  $\delta_i(t)^{\frac{1}{3}}$  s'il s'est nourri et  $\delta_i(t)^3$  sinon. Ainsi, chaque individu naît avec les mêmes caractéristiques  $(\alpha, \beta, \gamma, \delta)$  fixés. Cependant, le paramètre  $\delta_i$  du prédateur i varie d'une itération à l'autre.

## 3.2 Simulation numérique

#### 3.2.1 Structure du programme

Nous avons utilisé Python pour la simulation numérique de notre modèle 2D. Nous avons programmé deux classes *Proie* et *Predateur*. La classe *Proie* permet de créer un individu de type

proie. Ses attributs sont coord (couple (x,y) de coordonnées de la proie) et reproduction (probabilité de reproduction  $\alpha$  de la proie, constante pour toutes les proies). La classe Predateur permet de créer un individu de type prédateur. Ses attributs sont coord (couple (x,y) de coordonnées du prédateur), reproduction (probabilité de reproduction du prédateur  $\delta$ , varie en fonction de sa faim), mortalite (probabilité de mortalité  $\gamma$  du prédateur) et chasse (probabilité  $\beta$  de tuer une proie située sur une case voisine). Chaque simulation est initialisée en choisissant le nombre de lignes  $nb\_lig$  (=  $nb\_col$ ), le nombre de prédateurs  $nb\_pred$ , le nombre de proies  $nb\_proie$  et la valeur des différents attributs énoncés précédemment. Les individus sont créés et stockés dans deux listes  $liste\_pred$  et  $liste\_proie$ . Les individus d'une même classe sont initialisés avec les mêmes attributs, sauf les coordonnées qui sont choisies aléatoirement dans la grille. Le choix des coordonnées ainsi que tous les tests de probabilité dans la suite sont assurés par la fonction randint du module random.

L'interface graphique est créée sur une fenêtre à part (voir Figure 15). Nous avons utilisé le module tkinter (et tkinter.font) et en particulier le widget Canvas pour créer la fenêtre, la grille et le plot de la démographie des individus des deux espèces en fonction du temps. Le bouton Evolution situé en bas à droite de l'interface permet de passer à la frame suivante en faisant évoluer les individus sur la grille comme décrit dans la partie 3.1. L'évolution est régie par la fonction evolution.

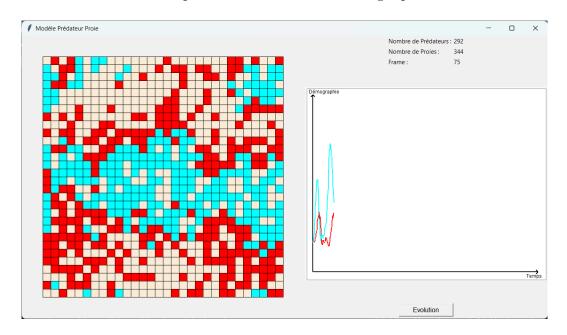


FIGURE 15 – Interface graphique. A gauche, la grille de simulation 2D où sont représentés en bleu les proies et en rouge les prédateurs. A droite, l'interface de tracé de la démographie de proies (en bleu) et de prédateurs (en rouge) en fonction du temps (numéro de frame). En haut à droite, le nombre de prédateurs et de proies à la frame actuelle ainsi que le numéro de cette frame. En bas à droite, le bouton *Evolution* qui permet de passer à la frame suivante.

L'avantage de cette interface graphique est que l'on peut voir en temps réel l'évolution des individus et ainsi apprécier les contraintes spatiales imposées par la taille de la grille et la répartition des individus sur la grille. Cepdendant, chaque simulation étant différente du fait des probabilités, on ne peut rien conclure d'une simulation unique. Il est donc appréciable de faire tourner plusieurs simulations à la suite pour s'affranchir des fluctuations statistiques et ainsi s'intéresser aux courbes d'évolution moyennes.

#### 3.2.2 Résultats

Dans un premier temps, nous fixons  $nb\_lig = nb\_col = 30$ ,  $nb\_pred = nb\_proie = 150$ ,  $\alpha = 0.5$ ,  $\beta = 0.9$ ,  $\delta = 0.24$  et  $\gamma = 0.2$ . Vérifions d'abord que le moyennage sur plusieurs simulations est consistant pour ces paramètres :

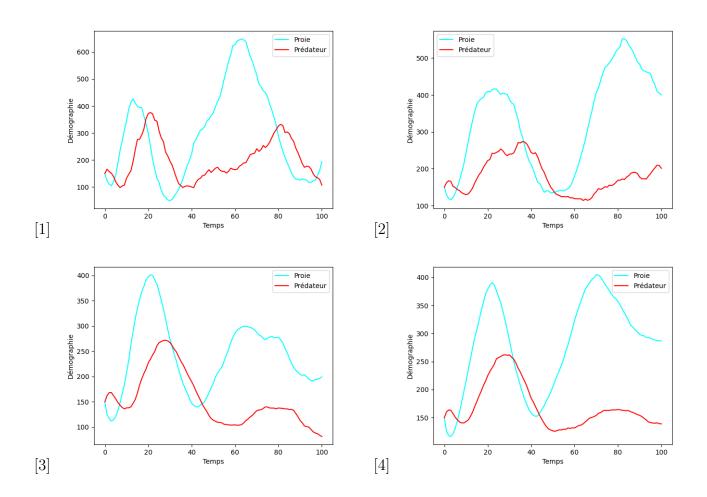


FIGURE 16 – Démographie des populations moyennée sur 1 simulations [1], 5 simulations [2], 20 simulations [3] et 50 simulations [4]. On a fixé le nombre de frame à 100.

On remarque sur la figure 16 que les courbes se lissent lorsqu'on augmente le nombre de simulations pour le moyennage. Cependant, la figure 17 montre que deux moyennages sur le même nombre de simulations peuvent donner des résultats différents si le nombre de simulations est trop faible. Or, les temps de calculs augmentent considérablement avec le nombre de simulations moyennées. On tâchera de choisir dans la suite un nombre de simulations assez important pour ne pas risquer d'étudier un cas particulier mais tout de même raisonnable compte tenu du nombre de frames demandées.

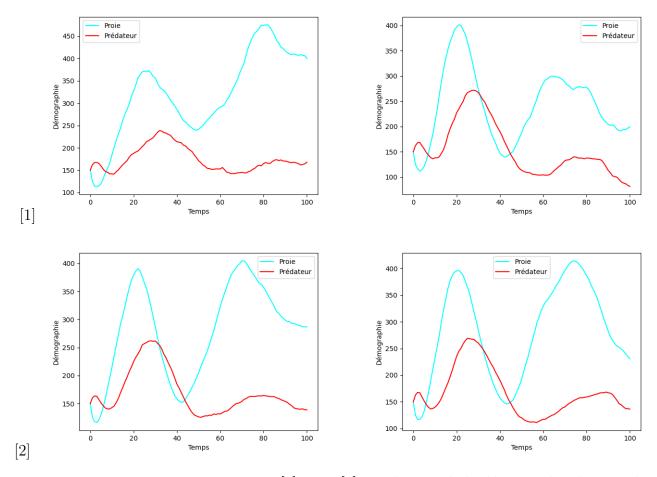


FIGURE 17 – Deux moyennages sur 20 [1] et 50 [2] simulations de la démographie des populations sur 100 frames. On remarque que la robustesse du moyennage se gagne en augmentant le nombre de simulations.

Voyons maintenant l'évolution des populations pour des temps plus longs.

## 4 Conclusion