

MODÉLISATION MATHÉMATIQUE ET INFORMATIQUE

Durée : 3 heures ou 4 heures

L'usage d'une calculatrice est autorisé pour cette épreuve.

Chaque candidat est responsable de la vérification de son sujet d'épreuve : pagination et impression de chaque page. Ce contrôle doit être fait en début d'épreuve. En cas de doute, le candidat doit alerter au plus tôt le surveillant qui vérifiera et, éventuellement, remplacera le sujet.

Ce sujet comporte 8 pages numérotées de 1 à 8 .

Si, au cours de l'épreuve, un candidat repère ce qui lui semble être une erreur d'énoncé, il le signale sur sa copie et poursuit sa composition en expliquant les raisons des initiatives qu'il a été amené à prendre.

Ce sujet est constitué de deux problèmes totalement indépendants.

Une annexe dans laquelle certaines commandes Python sont rappelées est jointe à la fin du sujet. **Pour les questions d'informatique, on considérera que les importations de modules nécessaires ont été préalablement faites.**

Problème 1. Distance de Jukes-Cantor

L'ADN est la molécule support de l'information génétique de tout être vivant. En comparant les séquences d'ADN de plusieurs espèces, on espère pouvoir suivre les différentes mutations qui ont amené à ces espèces.

On rappelle que l'ADN est une suite de nucléotides, ces nucléotides étant identifiés par les lettres A, C, G, T.

Repérer uniquement les différences observées dans les séquences d'ADN ne permet pas d'estimer le nombre de mutations subies par l'ADN, car cela ne permet pas d'identifier des mutations en chaîne.

On suppose que la probabilité de mutation d'un nucléotide vers un nucléotide différent fixé, dans la petite période de temps de durée $h \in \left]0, \frac{1}{3\alpha}\right[$, est égale à αh , avec $\alpha \in \left]0, \frac{1}{3}\right[$ fixé. Par exemple, si un nucléotide est un A, dans la période de temps de durée h , il mutera vers un C avec probabilité αh , vers un G avec probabilité αh et vers un T avec probabilité αh .

Partie A. Un modèle discrétisé

Dans toute cette partie n est un entier naturel et on considère un temps dont la mesure est discrétisée, c'est-à-dire que la mesure du temps s'écoule par à-coups, et non de façon continue; on prendra arbitrairement $h = 1$.

On définit alors pour tout $n \in \mathbb{N}$ le vecteur $X_n = \begin{pmatrix} \mathbb{P}(A_n) \\ \mathbb{P}(C_n) \\ \mathbb{P}(G_n) \\ \mathbb{P}(T_n) \end{pmatrix}$, où A_n (resp. C_n, G_n, T_n) est l'événement «le nucléotide observé est un A (resp. C, G, T) au bout de n unités de temps».

- 1) Justifier que si le nucléotide est un A au temps n , alors il restera A au temps $n + 1$ avec une probabilité $1 - 3\alpha$.
- 2) Montrer que pour tout n , on a $X_{n+1} = MX_n$, où M désigne la matrice

$$M = \begin{pmatrix} 1 - 3\alpha & \alpha & \alpha & \alpha \\ \alpha & 1 - 3\alpha & \alpha & \alpha \\ \alpha & \alpha & 1 - 3\alpha & \alpha \\ \alpha & \alpha & \alpha & 1 - 3\alpha \end{pmatrix}$$

- 3) a) Résoudre sur $\mathcal{M}_{4,1}(\mathbb{R})$ le système $MX = (1 - 4\alpha)X$.

(on donnera l'ensemble des solutions sous la forme d'un espace engendré)

- b) Donner sans justification une matrice colonne non nulle X_1 telle que $MX_1 = X_1$.

4) On note :
$$P = \begin{pmatrix} 1 & 1 & 1 & 1 \\ 1 & -1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & -1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & -1 \end{pmatrix}$$

a) Démontrer que si une matrice est symétrique et inversible alors son inverse est elle aussi symétrique.

Ici on ne redémontrera pas le théorème sur l'inverse d'une transposée.

b) Montrer que P est inversible et déterminer P^{-1} .

c) Vérifier que $P^{-1}MP$ est une matrice diagonale que l'on notera D .

d) En déduire M^n en fonction de P^{-1} , D , P et n .

5) Déterminer l'expression de X_n en fonction de n , M et X_0 .

6) On suppose qu'au temps 0, le nucléotide observé est un A. Quelle est la probabilité que le nucléotide observé au bout de n unités de temps soit un A?

Partie B. Un modèle continu

Dans cette partie, on considérera un temps dont la mesure est continue et pour lequel l'instant initial se situe au temps $t = 0$. On rappelle alors que dans la période de temps de durée h , avec $h \in \left] 0, \frac{1}{3\alpha} \right[$, la probabilité qu'un nucléotide X mute vers un nucléotide fixé Y différent de X est égale à αh .

Préliminaires

7) a) Soit λ un réel strictement positif. Donner l'ensemble des solutions de l'équation différentielle homogène

$$\forall t \in \mathbb{R}, y'(t) = -4\lambda y(t)$$

b) Rechercher une solution particulière à l'équation

$$\forall t \in \mathbb{R}, y'(t) = \lambda - 4\lambda y(t)$$

et en déduire l'ensemble de ses solutions.

Cette question servira dans la partie B-I.

8) Soit f une fonction strictement positive sur un intervalle.

Montrer que f et $\ln \circ f$ ont les mêmes variations sur cet intervalle. (*on montrera que : f est croissante si et seulement si, $\ln \circ f$ est croissante et f est décroissante si et seulement si, $\ln \circ f$ est décroissante*)

9) Soit $m \in \mathbb{N}$ et $n \in \mathbb{N}^*$ tels que $m < \frac{3}{4}n$, déterminer l'ensemble des solutions de l'inéquation d'inconnue $d \in \mathbb{R}_+$

$$4m - 3n \left(1 - e^{-\frac{4d}{3}} \right) \geq 0$$

Les questions 8) et 9) serviront dans la partie B-II.

B-I.

On s'intéresse pour l'instant à une unique position dans la séquence d'ADN, qui évolue au cours du temps. On considère alors un nucléotide donné, et on notera pour tout $t \in \mathbb{R}_+$, $p_{zx}(t)$ la probabilité que le nucléotide soit passé de z au temps 0 à x au temps t . Par exemple, $p_{AG}(2,7)$ est la probabilité que le nucléotide observé passe de A à G en 2,7 unités de temps.

On définit alors le vecteur $X(t) = \begin{pmatrix} \mathbb{P}(A(t)) \\ \mathbb{P}(C(t)) \\ \mathbb{P}(G(t)) \\ \mathbb{P}(T(t)) \end{pmatrix}$, où $A(t)$ (resp. $C(t), G(t), T(t)$) est l'événement «le nucléotide observé est un A (resp. C, G, T) au temps t ».

On admet que pour tout $t \in \mathbb{R}_+$ et $h \in \left] 0, \frac{1}{3\alpha} \right[$, on a : $X(t+h) = R(h)X(t)$

où $R(h)$ désigne la matrice de $\mathcal{M}_4(\mathbb{R})$:
$$R(h) = \begin{pmatrix} 1 - 3\alpha h & \alpha h & \alpha h & \alpha h \\ \alpha h & 1 - 3\alpha h & \alpha h & \alpha h \\ \alpha h & \alpha h & 1 - 3\alpha h & \alpha h \\ \alpha h & \alpha h & \alpha h & 1 - 3\alpha h \end{pmatrix}.$$

10) Montrer que pour tous temps $t \in \mathbb{R}_+$ et $h \in \left]0, \frac{1}{3\alpha}\right[$:

$$\mathbb{P}(A(t+h)) = (1 - 3\alpha h)\mathbb{P}(A(t)) + \alpha h(1 - \mathbb{P}(A(t)))$$

11) On définit la fonction $\varphi_A : t \mapsto \mathbb{P}(A(t))$, et on admet qu'elle est deux fois dérivable sur \mathbb{R}_+ .

a) Calculer le taux d'accroissement $\frac{\varphi_A(t+h) - \varphi_A(t)}{h}$ en fonction de α et $\varphi_A(t)$.

b) En déduire que φ_A est dérivable sur \mathbb{R}_+ et déterminer l'expression de sa dérivée en fonction de α et de φ_A .

12) En déduire, pour tout réel positif t , la probabilité $\mathbb{P}(A(t))$ en fonction de α , t et $\mathbb{P}(A(0))$.

13) En déduire que pour tout $x \in \{A, T, G, C\}$ et pour tout réel positif t , on a

$$p_{xA}(t) = \begin{cases} \frac{1}{4}(1 + 3e^{-4\alpha t}) & \text{si } x = A \\ \frac{1}{4}(1 - e^{-4\alpha t}) & \text{si } x \neq A \end{cases}.$$

Étant donnée la symétrie du modèle, on admet que ce résultat reste vrai si on remplace A par C, G ou T .

B-II.

On considère maintenant une séquence $Z = z_1 z_2 \dots z_n$ d'ADN de longueur n (c'est-à-dire composée de n nucléotides, chacun identifié par sa position $i, 1 \leq i \leq n$, dans la chaîne). On admet que chaque nucléotide dans la séquence mute indépendamment des autres.

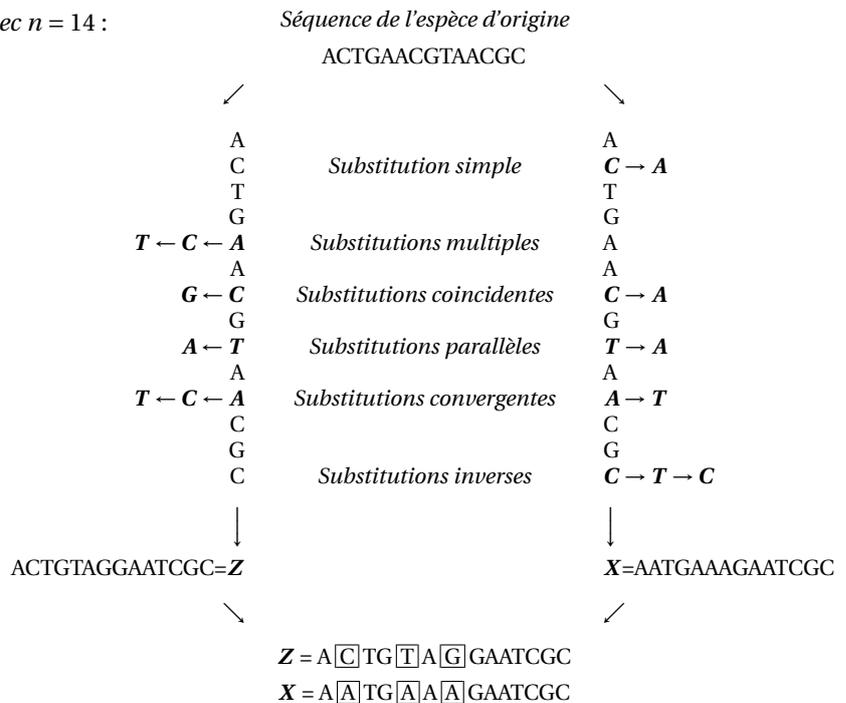
On suppose que de l'espèce dont provient cette séquence d'ADN Z est issue une autre espèce, dont la séquence d'ADN correspondante est $X = x_1 x_2 \dots x_n$. On cherche alors à estimer ce qu'on appellera la distance entre ces deux espèces.

On appelle m le nombre de nucléotides différents entre les deux séquences observées Z et X .

La valeur de $\frac{m}{n}$ appelée p -distance, c'est l'estimation la plus simple de la distance entre deux séquences.

La distance évolutive réelle d séparant les deux séquences est le quotient entre le nombre de mutations séparant les deux séquences et n la longueur de la séquence.

Commençons par présenter un exemple avec $n = 14$:



Sur cet exemple : m vaut 3, $p = \frac{3}{14}$ et $d = \frac{12}{14}$.

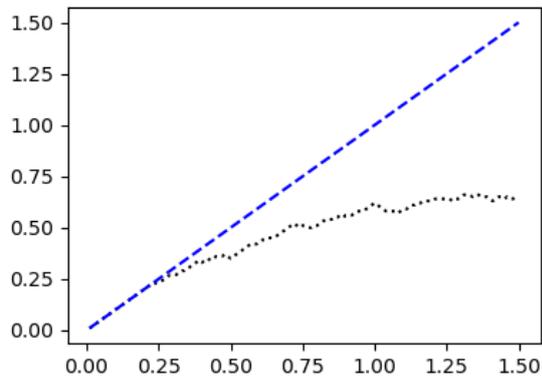
14) On représente les séquences par des listes de n éléments de $\{0, 1, 2, 3\}$

(Les nombres 0, 1, 2, 3 représentent respectivement les nucléotides A, C, G, T).

- Ecrire une fonction Python `p_distance(Z, X)` qui prend comme argument deux séquences Z et X de même longueur et qui renvoie la valeur de la p -distance entre Z et X .
- Ecrire une fonction `mutation(X)` qui modifie au hasard un des nucléotides de la séquence passée en argument. (Un nucléotide est remplacé de manière uniforme par un nucléotide différent).
- On simule le modèle avec le programme suivant pour obtenir la courbe ci-contre

```
n = 100
N = 150
espece = [ rd.randrange(4) for k in range(n) ]
```

```
X = espece[:]
x = []
y = []
for i in range(N):
    mutation(X)
    p = p_distance(X, espece)
    x.append((i+1)/n)
    y.append(p)
plt.plot(x, y, 'k:')
plt.plot(x, x, 'b--')
plt.show()
```



- Que contient la variable `espece` au début de ce programme? Est-elle modifiée au cours du programme?
- Que trace l'instruction : `plt.plot(x, x, 'b--')` ?
- Que représente la courbe en noire vis à vis du problème étudié?

(Les options de `plt.plot` vous permettent d'identifier la courbe tracée en noire)

On suppose que $m < \frac{3}{4}n$; dans le cas contraire, les deux séquences ont trop de différences pour pouvoir être étudiées. On pose alors $d = 3\alpha t$ où t est la variable temps. On appellera distance de Jukes-Cantor la valeur de d maximisant la probabilité qu'au bout du temps $t = \frac{d}{3\alpha}$, une mutation aléatoire donne effectivement un nombre m de différences entre les deux chaînes.

Plus précisément, on note $L(d)$ la probabilité que, au temps $t = \frac{d}{3\alpha}$, dans le cas d'une mutation aléatoire, le nombre de différences observé soit effectivement égal à m . On appellera donc distance de Jukes-Cantor la valeur \hat{d} de d qui maximise la fonction L .

15) Justifier que, pour tout réel positif d , $L(d) = \binom{n}{m} q(d)^m (1 - q(d))^{n-m}$, où $q(d) = \frac{3}{4} \left(1 - e^{-\frac{4d}{3}}\right)$.

16) On cherche alors dans cette question à trouver le d maximisant L .

- Calculer sur \mathbb{R}_+ la dérivée de $\ln \circ L$ et justifier qu'elle est de même signe que $4m - 3n \left(1 - e^{-\frac{4d}{3}}\right)$.
- En déduire alors le tableau de variations de L sur \mathbb{R}_+ .
- En déduire que la distance de Jukes-Cantor est donnée sur \mathbb{R}_+ par

$$\hat{d} = -\frac{3}{4} \ln \left(1 - \frac{4m}{3n}\right).$$

- Comparer la p -distance $\frac{m}{n}$ et \hat{d} et interpréter cette différence.
- Vérifier que dans l'exemple donné en introduction \hat{d} et d ne sont pas du même ordre. Donner une explication.

17) Pour tester l'intérêt de cette distance on trace sur la figure précédente la courbe donnant la p -distance observé en fonction du nombre de mutations estimé par la distance de Jukes-Cantor (courbe en rouge).

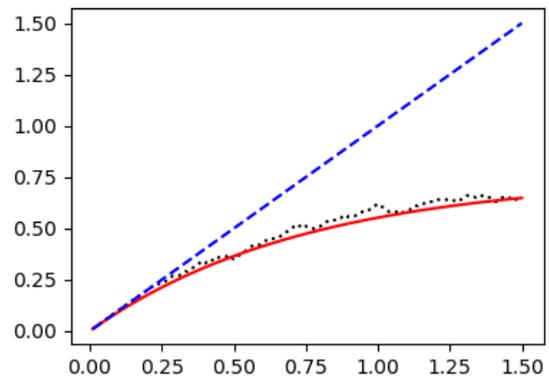
(Les options de `plt.plot` vous permettent d'identifier la courbe tracée en rouge)

```

n = 100
N = 150
espece = [ rd.randrange(4) for k in range(n) ]
X = espece[:]
x = []
y = []
z = []
for i in range(N):
    mutation(X)
    p = p_distance(X, espece)
    x.append((i+1)/n)
    y.append(p)
    (à compléter)

plt.plot(x, y, 'k:')
plt.plot(x, z, 'r')
plt.plot(x, x, 'b--')
plt.show()

```



- Exprimer la p -distance observé en fonction de la distance de Jukes-Cantor.
- En déduire la ligne (à compléter) permettant de tracer la courbe en rouge?
- Commenter cette représentation graphique.

18) Quelles sont les limites du modèle décrit en **B.II** pour étudier les mutations des séquences d'ADN?

Problème 2. Modèle de Galton-Watson

Dans ce problème, on s'intéresse à une population d'individus, pouvant se reproduire par autofécondation selon une loi de probabilité donnée. Un individu unique de cette population peut donc donner naissance à un ou plusieurs descendants de façon autonome.

On suppose que, pour cette espèce, la reproduction d'un individu est indépendante de celles des autres individus. On cherche à étudier la probabilité d'extinction de cette espèce.

Partie A. Préliminaires :

Suites récurrentes de la forme $u_{n+1} = f(u_n)$

Soit f une fonction continue sur un intervalle I vérifiant $f(I) \subset I$. (Autrement dit : I est stable par f)

Soit $a \in I$, on note (u_n) la suite vérifiant :

$$\begin{cases} u_0 = a \\ \forall n \in \mathbb{N}, u_{n+1} = f(u_n) \end{cases}$$

On admet qu'une telle suite existe et qu'elle est unique.

- Montrer que $\forall n \in \mathbb{N}, u_n \in I$.
- Montrer que si (u_n) converge vers un réel ℓ appartenant à I alors $f(\ell) = \ell$.
- Montrer que si la fonction f est croissante alors la suite (u_n) est monotone.
(On pourra raisonner par récurrence en distinguant deux cas : $u_0 \leq u_1$ et $u_1 \leq u_0$)
- Ecrire une fonction Python `suite(u0, n, f)` qui prend en entrées un flottant u_0 , un entier n et une fonction f et qui renvoie la liste des valeurs de u_k pour k allant de 0 à n .
Cette fonction servira à la question 18)

les fonctions convexes

Dans cette partie, on considère une fonction φ définie sur un intervalle I de \mathbb{R} . On suppose que φ est deux fois dérivable sur I .

On dit alors que la fonction φ est strictement convexe sur I si la fonction φ' est strictement croissante sur I .

- 5) Pour un réel $a \in I$, rappeler l'équation de la tangente à la courbe représentative de φ au point d'abscisse a .
- 6) On veut montrer dans cette question qu'une fonction est strictement convexe sur I si et seulement si sa courbe représentative est strictement au-dessus de ses tangentes sur I , sauf au point de contact avec la tangente.

a) On suppose φ strictement convexe sur I , et on fixe un réel $a \in I$.

i. Soit $x > a$.

Citer un théorème ou une formule permettant d'affirmer qu'il existe un réel $c \in]a, x[$ tel que :

$$\varphi(x) = \varphi(a) + \varphi'(c)(x - a).$$

On énoncera ses hypothèses.

- ii. En déduire que sur $]a, +\infty[\cap I$, la courbe représentative de φ est strictement au-dessus de la tangente à la courbe en a .
- iii. À l'aide d'un raisonnement similaire pour le cas $x < a$, montrer que la courbe représentative de φ est strictement au-dessus de la tangente à la courbe en a sur $] -\infty, a[\cap I$.

b) On suppose que la courbe représentative de φ est strictement au-dessus de toutes ses tangentes sur I , sauf aux points de tangences.

On fixe a et b dans I , $a < b$.

- i. Montrer que : $\varphi'(a) < \frac{\varphi(b) - \varphi(a)}{b - a}$.
- ii. Montrer que : $\varphi'(b) > \frac{\varphi(b) - \varphi(a)}{b - a}$.
- iii. En déduire que φ' est strictement croissante sur I , puis que φ est strictement convexe sur I .

Partie B. Un exemple

On considère dans cette partie uniquement que :

- au début de l'année 0, la population est constituée d'un seul individu
- à chaque année $n \in \mathbb{N}$, chaque individu présent donne naissance à 0, 1 ou 2 enfants avec probabilités respectives $q_0 = \frac{1}{8}$, $q_1 = \frac{5}{8}$ et $q_2 = \frac{2}{8}$, puis meurt.

On rappelle que la reproduction des individus est supposée être indépendante.

On notera alors X_n l'événement « au début de l'année n , l'espèce est éteinte », et p_n sa probabilité. On a donc $p_0 = 0$.

- 7) Calculer le nombre moyen d'enfants par individu dans cette population.
- 8) Calculer la probabilité p_1 de l'événement X_1 .
- 9) Justifier que $p_2 = \frac{1}{8} + \frac{5}{8}q_0 + \frac{2}{8}q_0^2$. On pourra éventuellement s'aider d'un arbre de probabilité.
- 10) De façon générale, montrer que pour tout entier n ,

$$p_{n+1} = f(p_n),$$

où f désigne la fonction définie sur $[0, 1]$ par $f(x) = \frac{1}{8} + \frac{5}{8}x + \frac{2}{8}x^2$.

- 11) Donner le tableau de variations de la fonction f sur $[0, 1]$, puis en déduire les variations de la suite (p_n) .
- 12) Montrer que la suite (p_n) converge.
- 13) Justifier que pour tout $n \in \mathbb{N}$, on a $p_n \leq \frac{1}{2}$.
- 14) En déduire la limite de (p_n) . Interpréter ce résultat.

Partie C. Le cas général

Dans cette partie, on suppose maintenant que :

- au début de l'année 0, la population est constituée d'un seul individu;
- à chaque année $n \in \mathbb{N}$, chaque individu présent donne naissance à k appartenant à $\llbracket 0, N \rrbracket$ enfants, puis meurt;
- $N \in \mathbb{N}^*$ fixé correspond au nombre maximal d'enfants dans cette espèce.

Pour tout $k \in \llbracket 0, N \rrbracket$, on notera $q_k \in [0, 1]$ la probabilité qu'un individu ait exactement k enfants.

On note toujours p_n la probabilité que l'espèce soit éteinte au début de l'année n . On a donc toujours $p_0 = 0$.

15) Quelle est la probabilité d'extinction de l'espèce si $q_0 = 1$? Si $q_0 = 0$?

Dans toute la suite du problème, on suppose donc que $q_0 \in]0, 1[$. On suppose de plus que $q_0 + q_1 < 1$, de sorte qu'il existe un $k \geq 2$ tel que $q_k \neq 0$.

16) On note m le nombre moyen d'enfants par individu. Exprimer m en fonction des q_k , $k \in \llbracket 0, N \rrbracket$.

17) Justifier que pour tout $n \in \mathbb{N}$, $p_{n+1} = f(p_n)$ où f désigne la fonction définie sur $[0, 1]$ par $f(x) = \sum_{k=0}^N q_k x^k$.

18) a) Ecrire une fonction `construction_f(q)` qui prend en entrée une liste de nombres représentant une loi de probabilité et qui renvoie la fonction $f : x \mapsto \sum_{k=0}^N q_k x^k$. (où $\text{len}(q) = N + 1$)

Cette fonction doit renvoyer une fonction, pas un nombre.

b) Ecrire un programme Python utilisant les fonctions `construction_f(q)` et `suite(u0, n, f)` (de la question 4)) et traçant les termes de p_n en prenant pour exemple la loi de la partie B.

(Le programme doit représenter les points de coordonnées (n, p_n) pour n allant de 0 à 100)

19) Justifier que la fonction f est croissante sur $[0, 1]$. En déduire que la suite (p_n) converge.

20) Calculer $f(1)$.

21) Justifier que la fonction f est strictement convexe sur $[0, 1]$, puis donner l'équation de la tangente à la courbe représentative de f en $a = 1$ en fonction de m .

22) Dans cette question, on distingue deux cas selon la valeur de m .

a) Dans cette question uniquement, on suppose que $m \leq 1$.

i. Montrer que la tangente à la courbe représentative de f au point d'abscisse 1 est au-dessus de la droite d'équation $y = x$ sur $[0, 1]$.

ii. En déduire que l'équation $f(x) = x$ admet une unique solution sur $[0, 1]$.

Indication : on pourra utiliser la valeur de $f(1)$ calculée en question 20).

iii. En déduire la limite de (p_n) .

b) Dans cette question uniquement, on suppose $m > 1$.

i. Montrer qu'il existe un réel $c \in]0, 1[$ tel que $f'(c) = 1$.

ii. En utilisant un raisonnement par l'absurde, montrer que $f(c) \leq c$.

iii. Montrer alors qu'il existe un réel $\alpha \in]0, c]$ tel que $f(\alpha) = \alpha$.

iv. Montrer que α est l'unique point fixe de f sur $]0, 1[$.

v. Montrer alors que la suite (p_n) est à valeurs dans $[0, \alpha]$.

vi. En déduire la limite de la suite (p_n) .

23) Dans quel(s) cas l'extinction de l'espèce est-elle certaine?

Partie D. Vitesse d'extinction.

On se place dans cette partie dans le cas de la **partie B**, où la loi de reproduction est la suivante : un individu de l'espèce peut avoir 0 enfant avec probabilité $\frac{1}{8}$, 1 enfant avec probabilité $\frac{5}{8}$ ou 2 enfants avec probabilité $\frac{2}{8}$.

On note dans la suite a_n le nombre d'individus au début de l'année n .

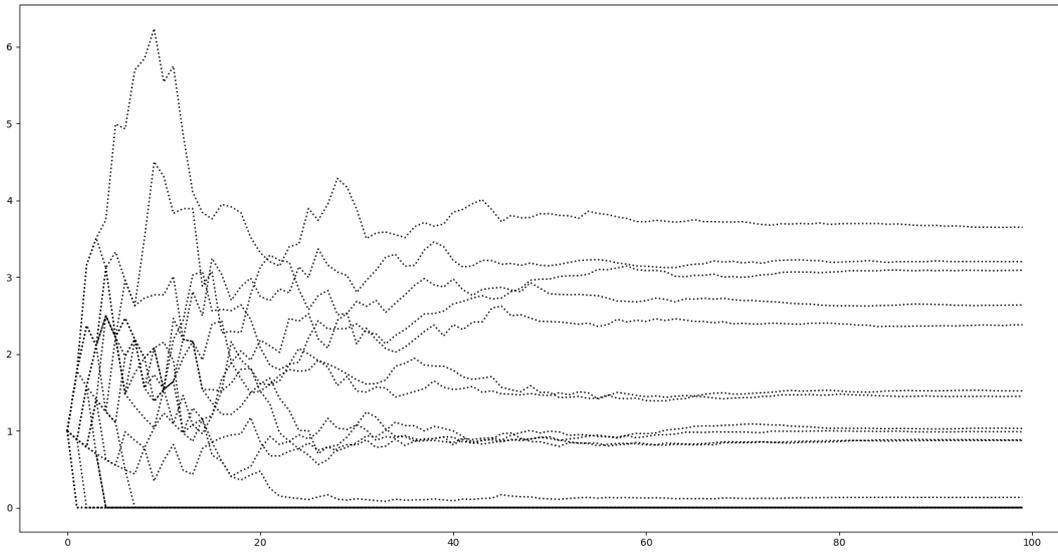
On rappelle que m est le nombre moyen d'enfants par individu.

On simule vingt fois l'évolution d'une espèce suivant cette loi de reproduction, et on trace l'évolution de la suite $\left(\frac{a_n}{m^n}\right)$ en fonction de n .

On obtient avec le programme suivant le graphique ci-après :

```
def simul():
    (à compléter)

m = (à compléter)
for _ in range(20):
    x = [1]
    for k in range(100):
        s = 0
        for _ in range(x[k]):
            s += simul()
        x.append(s)
    u = [ x[k]/m**k for k in range(0, 100)]
    plt.plot(u, 'k:')
plt.show()
```



- 24) a) Quelle valeur faut-il affecter à la variable m dans le programme précédent ?
b) Ecrire la fonction `simul()` qui permet de simuler le modèle de reproduction étudié dans cette partie.
- 25) Estimer à partir du graphique la probabilité d'extinction de cette espèce.
- 26) Dans les cas où l'espèce ne s'éteint pas, que remarque-t-on pour la suite $\left(\frac{a_n}{m^n}\right)$ au bout d'un temps assez long ?
- 27) Conjecturer les limites possibles pour la suite (a_n) .
- 28) A quelles études le modèle Galton-Watson s'adapte bien ? Quelles sont les limites de ce modèle ?
Quelles propositions pourriez-vous faire pour améliorer ce modèle ?

Annexe Python

Dans le module `matplotlib.pyplot` importé sous l'alias `plt` :

`plt.plot(X, Y, 'r+-')` prend en entrée deux vecteurs ou deux listes de même taille, et réalise le tracé des points d'abscisses prises dans X et d'ordonnées prises dans Y avec les options :

- symbole : '.' point, 'o' rond, 'h' hexagone, '+' plus, 'x' croix, '*' étoile, ...
- ligne : '-' trait plein, ':' pointillé, '-.' alterné, ...
- couleur : 'b' bleu, 'r' rouge, 'g' vert, 'c' cyan, 'm' magenta, 'k' noir, ...

Si on donne un seul argument à `plt.plot`, cela trace juste la suite des termes de X .

On utilise `plt.show()` pour afficher le tracé.

Dans le module `random` importé sous l'alias `rd` :

`rd.random()` simule la réalisation d'une variable aléatoire suivant la loi uniforme sur $[0, 1[$.

`rd.randrange(n)` simule la réalisation d'une variable aléatoire suivant la loi uniforme sur $\llbracket 0, n-1 \rrbracket$.

(l'ensemble des entiers k vérifiant : $0 \leq k < n$)

FIN DU SUJET