

Correction du sujet : Modélisation mathématique et informatique (2025).

Q 1. L'unité de a est : $pg.s^{-1}$ (picogramme par seconde)

L'unité de c, b et d est : s^{-1} (ou hertz)

Q 2. (Correction à revoir)

Si c augmente alors l'ARNm est dégradée plus rapidement

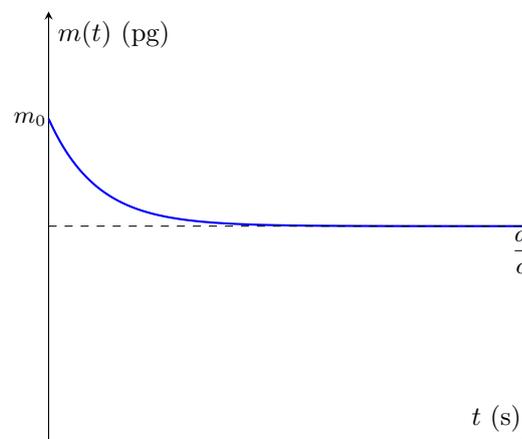
Si c augmente alors la variation de m est plus rapide : soit elle diminue plus rapidement vers sa valeur limite, soit elle augmente plus rapidement vers cette valeur limite.

Q 3.1. $c > 0$ donc $\lim_{t \rightarrow +\infty} m(t) = \frac{a}{c}$ donc $m_\infty = \frac{a}{c}$

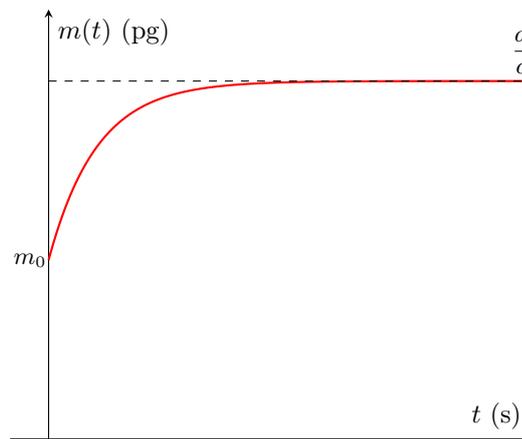
Q 3.2. $m'(0) = a - cm_0$ et $m(0) = m_0$ donc $m(t) \underset{t \rightarrow 0}{=} m_0 + (a - cm_0)t + o(t)$

L'équation de la tangente est : $y = (a - cm_0)x + m_0$

Q 3.3. • Lorsque $m_0 > \frac{a}{c}$:



• Lorsque $m_0 < \frac{a}{c}$:



Q 4.1. $c > 0$ et $d > 0$ donc $\lim_{t \rightarrow +\infty} p(t) = \frac{ab}{cd}$ donc $p_\infty = \frac{ab}{cd}$

Interprétation : p_∞ est la quantité de protéine en régime permanent (valeur d'équilibre)

Q 4.2. (Erreur d'énoncé ?) $p_\infty = \frac{ab}{cd} = \frac{a}{c} \cdot \frac{b}{d}$

Lorsque $\frac{a}{c}$ est constant : p_∞ évolue linéairement en fonction de $\frac{b}{d}$

Interprétation :

Q 4.3. $p_\infty = \frac{ab}{cd} = \frac{a}{c} \cdot \frac{b}{d}$

Lorsque $\frac{b}{d}$ est constant : p_∞ évolue linéairement en fonction de $\frac{a}{c}$

Interprétation :

Q 5. Le système (1) avec les valeurs numériques devient :
$$\begin{cases} \frac{dm}{dt} = a - m \\ \frac{dp}{dt} = m - 2p \end{cases}$$

ce que l'on peut aussi écrire $\frac{d\vec{x}}{dt} = A\vec{x} + B$ avec $A = \begin{pmatrix} -1 & 0 \\ 1 & -2 \end{pmatrix}$ et $B = \begin{pmatrix} a \\ 0 \end{pmatrix}$.

Q 6.1. • A est triangulaire donc son spectre se lit sur la diagonale : $Sp(A) = \{-1; -2\}$

• $A \in \mathcal{M}_2(\mathbb{R})$ et A a deux valeurs propres distinctes donc A est diagonalisable

• $A + I_2 = \begin{pmatrix} 0 & 0 \\ 1 & -1 \end{pmatrix}$ donc $\begin{pmatrix} 1 \\ 1 \end{pmatrix}$ est un vecteur propre de A associé à -1

• $A + 2I_2 = \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 1 & 0 \end{pmatrix}$ donc $\begin{pmatrix} 0 \\ 1 \end{pmatrix}$ est un vecteur propre de A associé à -2

Q 6.2. $\begin{pmatrix} 1 \\ 1 \end{pmatrix}$ et $\begin{pmatrix} 0 \\ 1 \end{pmatrix}$ forment une base de $\mathcal{M}_2(\mathbb{R})$ formée de vecteurs propres de A donc

en posant $P = \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 1 & 1 \end{pmatrix}$ (matrice de passage) on obtient : $A = P \begin{pmatrix} -1 & 0 \\ 0 & -2 \end{pmatrix} P^{-1}$

Q 6.3. $\begin{cases} x = a \\ x + y = b \end{cases} \iff \begin{cases} x = a \\ y = -a + b \end{cases}$ donc $P^{-1} = \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ -1 & 1 \end{pmatrix}$

Remarque : Ici il y a une erreur d'énoncé si on inverse l'ordre des valeurs propres les relations des questions suivantes sont incorrectes.

Q 7. $\vec{z} = P^{-1} \begin{pmatrix} m(t) \\ p(t) \end{pmatrix}$ et $P^{-1} = \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ -1 & 1 \end{pmatrix}$ donc $\vec{z} = \begin{pmatrix} m(t) \\ -m(t) + p(t) \end{pmatrix}$

On en déduit : $\frac{dz_1}{dt} = \frac{dm}{dt}$ et $\frac{dz_2}{dt} = -\frac{dm}{dt} + \frac{dp}{dt}$

en utilisant le système (1) il vient : $\frac{dz_1}{dt} = a - m$ et $\frac{dz_2}{dt} = -(a - m) + m - 2p = -a + 2(m - p)$

on obtient bien :
$$\begin{cases} \frac{dz_1}{dt} = -z_1 + a \\ \frac{dz_2}{dt} = -2z_2 - a \end{cases}$$

Q 8. Ce sont deux équations différentielles linéaires de degré 1 à coefficients constants dont les solutions :

$$\begin{cases} z_1(t) = a + (m_0 - a)e^{-t} \\ z_2(t) = -\frac{a}{2} + \underbrace{\left(p_0 - m_0 + \frac{a}{2}\right)}_{z_2(0)} e^{-2t} \end{cases}$$

Q 9. $\vec{z} = P^{-1}\vec{x}$ donc $\vec{x} = P\vec{z}$ ou encore $\vec{x} = \begin{pmatrix} z_1 \\ z_1 + z_2 \end{pmatrix}$

et avec les expressions de la question précédente il vient :

$$\begin{cases} m(t) = (m_0 - a)e^{-t} + a \\ p(t) = (m_0 - a)e^{-t} + \left(p_0 - m_0 + \frac{a}{2}\right)e^{-2t} + \frac{a}{2} \end{cases}$$

Q 10. Pour résoudre :
$$\begin{cases} \frac{dm}{dt} = a - m \\ \frac{dp}{dt} = m - 2p \end{cases}$$

• On aurait pu établir l'équation différentielle du second ordre donnant p :

$$p'' + 3p' + 2p = a$$

• On aurait aussi pu résoudre la première équation puis résoudre l'équation :

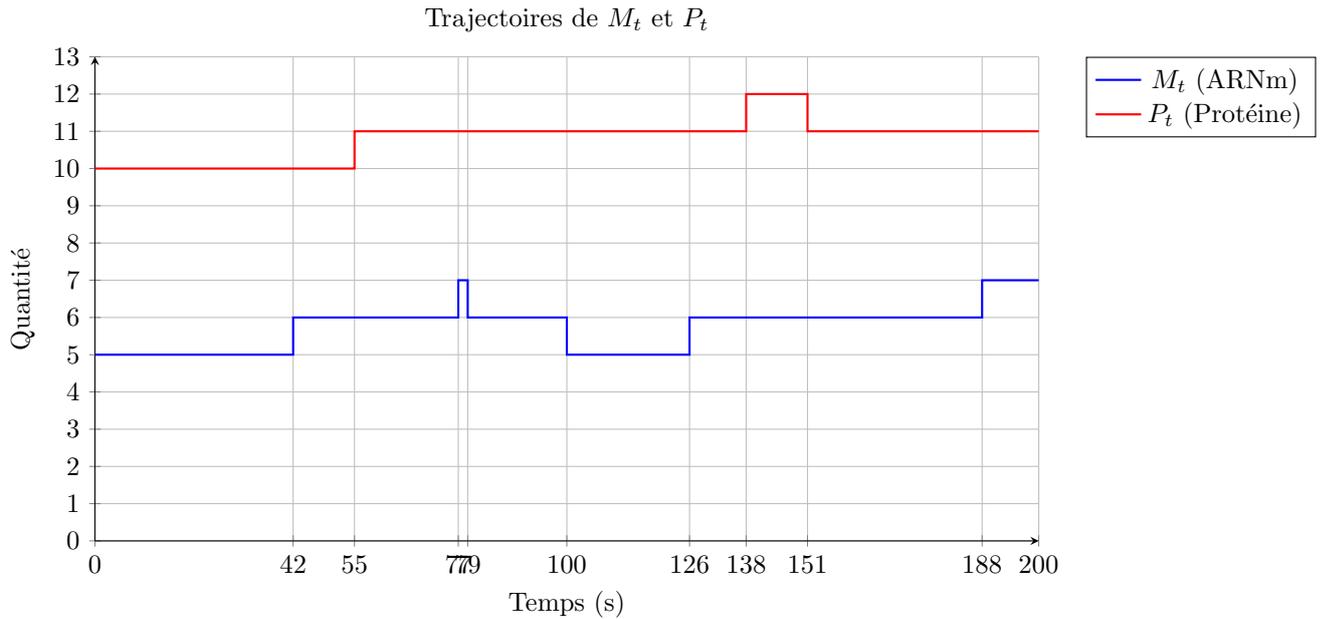
$$p' + 2p = a + (m_0 - a)e^{-t}$$

Q 11.1. On donne dans le tableau l'évolution des quantités au fur et à mesure des réactions :

Temps (s)	Réaction	M (ARNm)	P(Protéine)
0	-	5	10
42	A	6	10
55	B	6	11
77	A	7	11
79	C	6	11
100	C	5	11
126	A	6	11
138	B	6	12
151	D	6	11

après 3 minutes il y a 6 pg d'ARNm et 11 pg de protéines

Q 11.2.



- Q 12. La réaction A donne : $M_{T_k} = M_{T_{k-1}} + 1$ et $P_{T_k} = P_{T_{k-1}}$
 La réaction B donne : $M_{T_k} = M_{T_{k-1}}$ et $P_{T_k} = P_{T_{k-1}} + 1$
 La réaction C donne : $M_{T_k} = M_{T_{k-1}} - 1$ et $P_{T_k} = P_{T_{k-1}}$
 La réaction D donne : $M_{T_k} = M_{T_{k-1}}$ et $P_{T_k} = P_{T_{k-1}} - 1$

Q 13. a est le taux de transcription d'un brin d'ADN

bM_t est le taux de traduction d'un brin d'ARNm

cM_t est le taux de dégradation d'un brin d'ARNm

dP_t est le taux de dégradation d'une protéine.

$R_t = a + (b + c)M_t + dP_t$ est la somme de tous ces taux : le taux global de réaction.

Il permet de retrouver la proportion de chaque réaction en divisant les taux par le taux global de réaction.

Q 14.
$$P(B) = \frac{bM_t}{a + (b + c)M_t + dP_t} = \frac{b}{b + c + \frac{dP_t}{M_t}}$$

Donc $P(B)$ augmente quand M_t augmente à $P(t)$ constant.

La dégradation de protéine doit donc augmenter pour que P_t reste constant malgré l'augmentation des traductions.

Q 15.1. • Cette fonction renvoie aléatoirement 1 ou 0.

- La probabilité que cette fonction renvoie 1 est celle de l'événement "`random() >= 1-p`" donc

La fonction `mystere` simule la réalisation d'une variable aléatoire suivant la loi de Bernoulli de paramètre p

Q 15.2. (Erreur d'énoncé) Montrons que :
$$\mathbb{P}(X = a_i) = \mathbb{P}\left(U \in \left[\sum_{j=0}^{i-1} p_j, \sum_{j=0}^i p_j\right]\right)$$

• D'une part $P(X = a_i) = p_i$.

• D'autre part comme $U \hookrightarrow \mathcal{U}([0, 1])$, pour tout (α, β) vérifiant $0 \leq \alpha \leq \beta \leq 1$, $P(U \in [\alpha, \beta]) = \beta - \alpha$

$$\text{donc } P\left(U \in \left[\sum_{j=0}^{i-1} p_j, \sum_{j=0}^i p_j \right] \right) = p_i$$

En conclusion on a bien :

$$\mathbb{P}(X = a_i) = \mathbb{P}\left(U \in \left[\sum_{j=0}^{i-1} p_j, \sum_{j=0}^i p_j \right] \right)$$

Pour simuler la loi de X il suffit de :

- ❶ prendre un nombre au hasard dans $[0, 1]$ (simulation de la loi $\mathcal{U}([0, 1])$),
- ❷ de déterminer le i pour lequel $U \in \left[\sum_{j=0}^{i-1} p_j, \sum_{j=0}^i p_j \right]$
- ❸ et de renvoyer a_i .

Q 15.3. def loi_discrete_finie(liste_p):

```
I = len(liste_p)
X = random()
pcumul = 0
for i in range(I) :
    pcumul = pcumul + liste_p[i]
    if pcumul < X :
        return i
```

Q 16.

```
def reaction(Mt, Pt):
    caract = ['A', 'B', 'C', 'D']
    Rt = a + (b+c)*Mt + d*Pt
    liste_p = [a/Rt, b*Mt/Rt, c*Mt/Rt, d*Pt/Rt]
    i = loi_discrete_finie(liste_p)
    return caract[i]
```

Q 17.1.

$$\begin{aligned} P_{\Delta_k > t}(\Delta_k \geq t + s) &= \frac{P((\Delta_k > t) \cap (\Delta_k \geq t + s))}{P(\Delta_k > t)} \\ &= \frac{P((\Delta_k > t + s))}{P(\Delta_k > t)} \\ &= \frac{e^{-r_k(t+s)}}{e^{-r_k t}} \\ &= e^{-r_k s} \\ &= P(\Delta_k > s) \end{aligned}$$

$$\boxed{P_{\Delta_k > t}(\Delta_k \geq t + s) = P(\Delta_k \geq s)}$$

Q 17.2. On a choisit une loi exponentielle pour traduire que les temps d'attente est sans mémoire.

Q 18. L'espérance de Δ_k est égale à $\frac{1}{r_{k-1}}$

Choix de ce paramètre :

Q 19. U est à valeurs dans $]0, 1[$ donc $\Delta = -\frac{\ln(U)}{\mu}$ est à valeurs dans $]0; +\infty[$ et pour $x > 0$,

$$\begin{aligned} P(\Delta \leq x) &= P\left(-\frac{\ln(U)}{\mu} \leq x\right) \\ &= P(\ln(U) \geq -\mu x) \\ &= P(U \geq e^{-\mu x}) \\ &= 1 - P(U \leq e^{-\mu x}) \\ &= 1 - e^{-\mu x} \end{aligned}$$

donc (on reconnaît la fonction de répartition de la loi $\mathcal{E}(\mu)$)

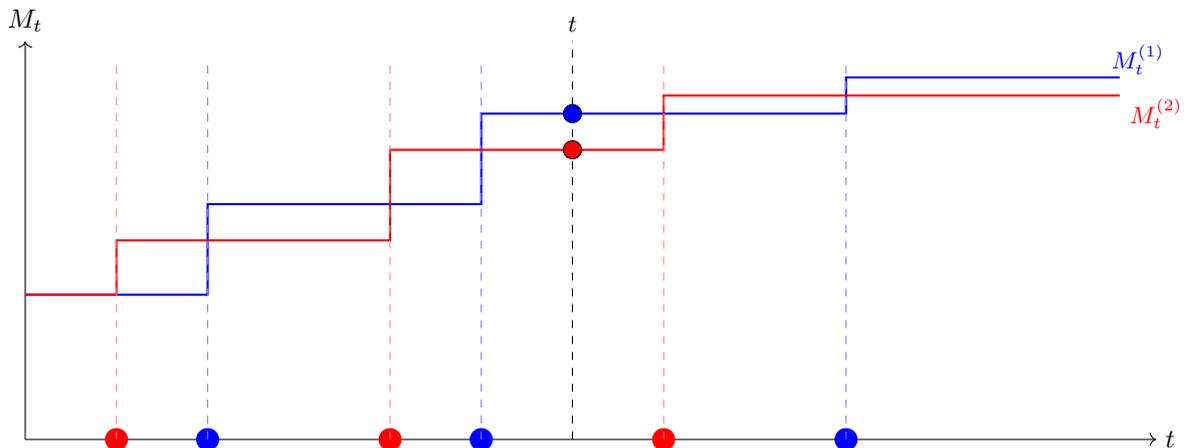
$$\boxed{\Delta \text{ suit la loi } \mathcal{E}(\mu)}$$

Q 20. `def duree(Mt, Pt):`
`Rt = a + (b+c)*Mt + d*Pt`
`u = random()`
`return -1/Rt*np.log(u)`

Q 21. `def trajectoire(tmax):`
`liste_T = [0]`
`liste_M = [m0]`
`liste_P = [p0]`
`i = 0`
`while liste_T[i] < tmax :`
`Delta = duree(liste_M[i], liste_P[i])`
`liste_T.append(T[i] + Delta)`
`typeR = reaction(liste_M[i], liste_P[i])`
`if typeR=='A' :`
`liste_M.append(liste_M[i] + 1)`
`liste_P.append(liste_P[i])`
`elif typeR=='B' :`
`liste_M.append(liste_M[i])`
`liste_P.append(liste_P[i] + 1)`
`elif typeR=='C' :`
`liste_M.append(liste_M[i] - 1)`
`liste_P.append(liste_P[i])`
`else :`
`liste_M.append(liste_M[i])`
`liste_P.append(liste_P[i] - 1)`
`i = i+1`
`liste_T[i] = tmax`
`liste_M[i] = liste_M[i-1]`
`liste_P[i] = liste_P[i-1]`
`return [liste_T, liste_M, liste_P]`

Les lignes 24,25,26 sont là pour ajouter les quantités correspondant à `tmax`.

Q 22. Les temps de réactions ne coïncident pas, il est difficile de faire les moyennes avec les listes obtenues par la fonction `trajectoire`.



Q 23.1. Dans les lignes de 10 à 16 :

Quand le prochain instant de réaction est pour la trajectoire (1) :
on ajoute cet instant à `liste_Ta` et on ajoute aux autres listes les quantités correspondantes.

Q 23.2. Dans les lignes de 25 à 31 :

Quand le prochain instant de réaction est commun aux deux trajectoires (1) et (2) :
on ajoute cet instant à `liste_Ta` et on ajoute aux autres listes les quantités correspondantes.

Q 23.3. Dans `liste_Ta` il y a tous les instants où il y a une réaction dans (1) ou dans (2).

Dans `liste_M1a` il y a les quantités d'ARNm de la trajectoire (1) correspondant aux instants de `liste_Ta`.

```

Q 24. def moyennes(tmax, n):
    for i in range(n):
        [liste_T, liste_M, liste_P] = trajectoire(tmax)
        if i==0:
            nbmoy = 1
            Tmoy = liste_T
            Mmoy = liste_M
            Pmoy = liste_P
        else:
            [Tmoy, Mmoy, Pmoy, liste_M, liste_P] = aligne(Tmoy,Mmoy,Pmoy,liste_T,liste_M,liste_P)
            for i in range(len(Tmoy)):
                Mmoy[i] = (nbmoy*Mmoy + liste_M) / (nbmoy + 1)
                Pmoy[i] = (nbmoy*Pmoy + liste_P) / (nbmoy + 1)
            nbmoy = nbmoy+1
    return [Tmoy, Mmoy, Pmoy]

```

On fait la moyenne au fur et à mesure lorsque : $M_n = \sum_{k=1}^n x_n$, on a la relation $M_{n+1} = \frac{nM_n + x_{n+1}}{n+1}$

Q 25. Interprétation de $E(P_t^{(i)}) = p(t)$: sur chaque trajectoire on retrouve en moyenne la quantité de protéine du modèle déterministe de la première partie.

Interprétation de $V(P_t^{(i)}) = \sigma^2$: on admet que l'écart-type est le même sur chaque trajectoire et à tout instant.

Une valeur élevée de σ indique une dispersion de la quantité de protéines autour de la valeur moyenne.

Q 26. $\bar{P}_t = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n P_t^{(i)}$ donc (linéarité) $E(\bar{P}_t) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n E(P_t^{(i)})$

ce qui donne $E(\bar{P}_t) = p(t)$ et à la limite $E(\bar{P}_t) \xrightarrow{t \rightarrow +\infty} p_\infty$

$\bar{P}_t = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n P_t^{(i)}$ donc (indépendance) $V(\bar{P}_t) = \frac{1}{n^2} \sum_{i=1}^n V(P_t^{(i)})$

ce qui donne $V(\bar{P}_t) = \frac{\sigma^2}{n}$ et à la limite $V(\bar{P}_t) \xrightarrow{t \rightarrow +\infty} 0$

Interprétation :

Q 27. • Lorsqu'on ajoute l'antibiotique le nombre de transcription d'ADN en ARNm est plus faible donc il y a moins de production de protéine.

Il est alors moins probable que la quantité de protéine Rep atteigne le valeur seuil p^* .

• Lorsque θ tend vers $+\infty$, il n'y a plus de transcription donc plus de protéine Rep, il y a extinction de la population bactérienne.

Q 28. Le résultat de la question **Q 4.** donne : $p^* = \frac{ab}{cd}$ et $p_\infty = \frac{(ae^{-\theta})b}{cd}$ donc

$$p^* - p_\infty = \frac{ab(1 - e^{-\theta})}{cd}$$

Q 29. En appliquant l'inégalité de Bienaymé-Tchebychev à $P_t^{(i)}$ on a $\forall \varepsilon > 0$, $\mathbb{P}(|P_t^{(i)} - p(t)| \geq \varepsilon) \leq \frac{\sigma^2}{\varepsilon^2}$
 or $\theta > 0$ donc $p^* - p_\infty > 0$ et ainsi :

$$P(|P_t^{(i)} - p(t)| \geq p^* - p(t)) \leq \frac{\sigma^2}{(p^* - p(t))^2}$$

on sait de plus que $(P_t^{(i)} - p(t) \geq p^* - p(t)) \subset (|P_t^{(i)} - p(t)| \geq p^* - p(t))$ ce qui entraîne :

$$P(P_t^{(i)} - p(t) \geq p^* - p(t)) \leq \frac{\sigma^2}{(p^* - p(t))^2}$$

Q 30. p est supposée croissante donc $p^* - p(t) \geq p^* - p_\infty$

il suffit ensuite d'utiliser la formule de la question **Q 28.**

$$P(P_t^{(i)} - p(t) \geq p^* - p(t)) \leq \left(\frac{\sigma cd}{ab(1 - e^{-\theta})} \right)^2$$

Q 31. L'événement "Extinction" est égal à : $\bigcap_{i=1}^n (P_t^{(i)} < p^*)$

or les $(P_t^{(i)})_i$ sont indépendantes donc $P(\text{"Extinction"}) = \prod_{i=1}^n P(P_t^{(i)} < p^*)$

or le résultat de **Q 30.** donne $P(P_t^{(i)} < p^*) \geq 1 - \left(\frac{\sigma cd}{ab(1 - e^{-\theta})}\right)^2$ et ainsi : $\left(\text{Si } 1 - \left(\frac{\sigma cd}{ab(1 - e^{-\theta})}\right)^2 \geq 0 \right)$
(Ici il y a un problème)

$$P(\text{"Extinction"}) \geq \left(1 - \left(\frac{\sigma cd}{ab(1 - e^{-\theta})}\right)^2\right)^n$$

Q 32. Quand θ tend vers $+\infty$ le terme de droite tend vers $\left(1 - \left(\frac{\sigma cd}{ab}\right)^2\right)^n$.

Q 33. Interprétation :

- Si σ est nul alors il est quasi-certain qu'il y ait extinction de la population bactérienne.
- Sinon cette étude ne permet pas de conclure à l'extinction.

Interprétation biologique de sigma.