

I. Dans les sujets de l'Agro ou de l'ENS.**MMI 2025 : Modélisation de l'expression génétique bactérienne**

Nous proposons ici deux manières de modéliser l'expression génétique bactérienne chez *Escherichia coli*, une famille de bactéries naturellement présente dans les intestins mais responsable de nombreuses infections humaines. Pour rappel à la première étape de l'expression génétique, l'ADN est transcrit en ARN messenger sans dégradation de l'ADN. L'ARN messenger devient ensuite accessible aux ribosomes qui s'y lient afin de former des protéines. Ce processus est appelé la traduction, il s'effectue sans dégradation de l'ARN messenger. L'ARN messenger et les protéines peuvent enfin être dégradés.

1. Un premier modèle : un modèle déterministe.

Dans cette partie on supposera que les quantités d'ARN messenger m et de protéine p sont des fonctions $\mathcal{C}^1$ du temps $t \in \mathbb{R}_+$. On notera $m_0 = m(0)$ et $p_0 = p(0)$ les conditions initiales. La situation peut alors être modélisée par le système suivant :

$$\begin{cases} \frac{dm}{dt} = a - cm \\ \frac{dp}{dt} = bm - dp \end{cases}$$

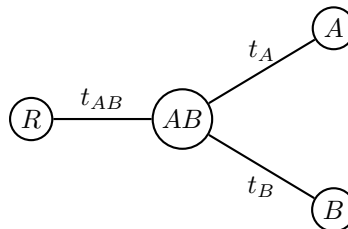
2. Un second modèle : un modèle probabiliste.

Dans cette partie on ne modélisera plus les quantités d'ARNm et de protéines par des fonctions continues du temps mais comme des variables aléatoires M_t et P_t dépendant du temps et prenant leurs valeurs dans l'ensemble des entiers $\mathbb{N}$. Le flux d'ADN est toujours constant et on le supposera dorénavant entier et strictement positif : $a \in \mathbb{N}^*$. On supposera également qu'il existe une suite de variables aléatoire $T_1, T_2, \dots$ modélisant des instants telle que :

- La suite $(T_k)_{k \in \mathbb{N}}$ est strictement croissante : $T_1 < T_2 < \dots$
- Aucune réaction n'a lieu aux temps $t \in]T_{k-1}, T_k[$ pour tout $k \in \mathbb{N}^*$.
- Une (unique) réaction a lieu à chaque instant $T_k, k \in \mathbb{N}$ parmi les réactions suivantes :
 - A : «Transcription d'un brin d'ADN »
 - B : «Traduction d'un brin d'ARNm»
 - C : « Dégradation d'un brin d'ARNm »
 - D : «Dégradation d'une protéine»

ENS 2025 : Modèle d'évolution gaussienne d'un trait quantitatif sur un arbre phylogénétique.**Partie IV : Modèle d'évolution sur un arbre**

On modélise l'évolution d'un trait quantitatif le long d'un arbre phylogénétique simple.



Pour des temps d'évolution t_{AB}, t_A, t_B , on définit :

$$X_{AB} = \mu + \varepsilon_{AB}, \quad X_A = X_{AB} + \varepsilon_A, \quad X_B = X_{AB} + \varepsilon_B,$$

avec des incréments gaussiens indépendants $\varepsilon_i \sim \mathcal{N}(0, \sigma^2 t_i)$. On montre que :

$$Y = (X_A, X_B)^T = \mu \mathbf{1}_2 + M_2 E,$$

ce qui permet d'appliquer les résultats de la Partie III pour construire un estimateur optimal de la valeur ancestrale μ . Le modèle est interprété comme un mouvement brownien sur les branches de l'arbre.

MMI 2024 : Modèle déterministe d'évolution de population. Modèle probabiliste de Galton-Watson.

Des modèles déterministes :

$$\begin{aligned} \forall n \in \mathbb{N}, v_{n+1} &= qv_n. & \forall n \in \mathbb{N}, v_{n+1} &= v_n + \frac{1}{2}v_n \left(\frac{S - v_n}{S} \right) \\ \forall n \in \mathbb{N}, v_{n+1} &= v_n + \frac{1}{2}v_n \left(\frac{S - v_n}{S} \right) \left(\frac{v_n - A}{S} \right) & \forall t \in \mathbb{R}^+, y'(t) &= \frac{y(t)}{2} \left(\frac{S - y(t)}{S} \right) \left(\frac{y(t) - A}{S} \right) \end{aligned}$$

Un modèle probabiliste.

$X_{n,i}$ la variable aléatoire donnant le nombre de descendant de l'individu i de la génération n

Z_n la variable aléatoire donnant le nombre d'individus à la génération n , de sorte que :

$$\forall n \in \mathbb{N}, \quad Z_{n+1} = \sum_{i=1}^{Z_n} X_{n,i}$$

MMI 2023 : Modèle de Cox-Ross-Rubenstein.

Marche aléatoire. Application à l'évolution du cours du blé.

MMI 2022 : Modèle Proie-Prédateur.

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = rx - pxy \\ \frac{dy}{dt} = -my + qxy \end{cases}$$

où r, p, m et q sont des constantes positives représentant respectivement le taux de reproduction intrinsèque des proies, le taux de mortalité des proies due aux prédateurs rencontrés, le taux de mortalité intrinsèque des prédateurs et le taux de reproduction des prédateurs en fonction des proies rencontrées et mangées.

On ajoute un environnement limité.

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = rx \left(1 - \frac{x}{K} \right) - pxy \\ \frac{dy}{dt} = -my + qxy \end{cases}$$

ENS 2022 : Un modèle probabiliste pour la propagation des épidémies. Un modèle déterministe : S.I.R.

- Un modèle probabiliste pour représenter une épidémie.

On note $(Z_n)_n$ le nombre de personnes infectées lors de la n -ième semaine.

On suppose que chacune des Z_n personnes infectées à la semaine n contamine à son tour un nombre aléatoire de personnes, respectivement $X_{n,1}, X_{n,2}, \dots, X_{n,Z_n}$ lors de la semaine suivante. Ainsi,

$$\forall n \in \mathbb{N}, \quad Z_{n+1} = \sum_{k=1}^{Z_n} X_{n,k}$$

- Un modèle déterministe pour la propagation des épidémies. (Modèle S.I.R)

$$\forall t \in \mathbb{R}^+, \quad \begin{cases} S'(t) = -\beta S(t)I(t), \\ I'(t) = \beta S(t)I(t) - \gamma I(t), \\ R'(t) = \gamma I(t). \end{cases}$$

$S(t)$ représente le nombre de personnes n'ayant pas encore contracté la maladie, $I(t)$ le nombre de personnes infectées et $R(t)$ le nombre de personnes guéries et désormais immunisées contre la maladie au temps t .

MMI 2021 : Modèles pour l'étude de la vaccination contre la variole.

- Modèle de Bernoulli.

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -(a+b+c)S \\ \frac{dR}{dt} = bS - aR \\ x = R + S \end{cases}$$

- Modèle individu-centré.

$$Z_n = \begin{pmatrix} \mathbb{P}(X_n = S) \\ \mathbb{P}(X_n = R) \\ \mathbb{P}(X_n = D) \end{pmatrix} \quad Z_{n+1} = \begin{pmatrix} 1 - (a+b+c) & 0 & 0 \\ b & 1-a & 0 \\ a+c & a & 1 \end{pmatrix} Z_n$$

S , R et D désignent respectivement les états susceptibles, remis et morts.

MMI 2020 : Modélisation du processus de cuisson des petits pois dans une cuve chauffée.

- Modélisation avec un système d'équations différentielles.

$$\begin{cases} m_1 C_1 \frac{dT_1}{dt} = h_1 S_1 (T_2 - T_1) \\ m_2 C_2 \frac{dT_2}{dt} = h_1 S_1 (T_1 - T_2) + h_2 S_2 (T_\infty - T_2) + u \end{cases}$$

S_1 et S_2 sont respectivement la surface totale des petits pois et la surface d'échange entre l'eau et l'extérieur (en m^2), T_1, T_2 et T_∞ sont les températures respectives des petits pois, de l'eau et de l'extérieur (en K) et u est la puissance de la résistance chauffante utilisée pour chauffer la cuve (en W).

- Filtre de Kalman.

Pour tout $i \in \mathbb{N}$, on note $x_i \in \mathbb{R}^2$ l'état de la cuisson (*non observé*), $y_i \in \mathbb{R}$ la température de l'eau (*mesurée*) et $u_i \in \mathbb{R}$ la commande (*connue*), à l'instant i . On modélise l'évolution de la cuisson à l'aide d'un processus défini par, pour tout $i \in \mathbb{N}$:

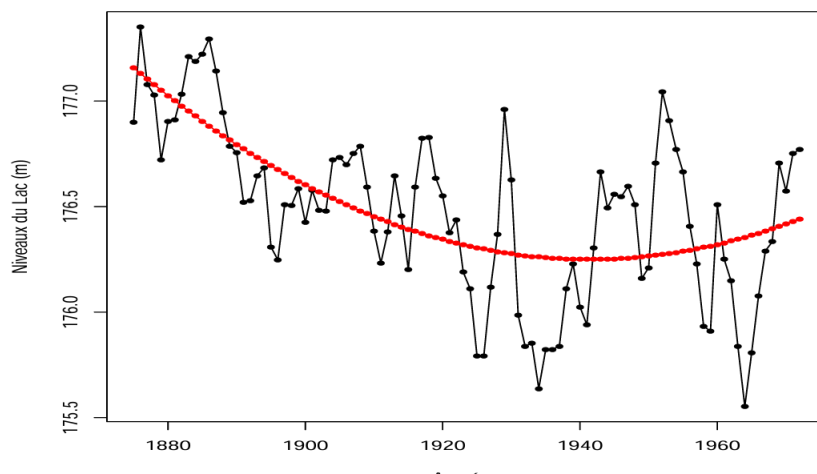
$$\begin{cases} x_{i+1} = Fx_i + gu_i \\ y_i = h^\top x_i + \varepsilon_i \end{cases}$$

où les éléments $F \in M_{2,2}(\mathbb{R}), g, h \in \mathbb{R}^2$ sont donnés (avec $h^\top$ désignant la transposée de h) et les ε_i sont des variables aléatoires indépendantes de même loi $\mathcal{N}(0, \sigma^2)$ représentant le bruit de mesure, avec $\sigma^2 > 0$.

L'objectif est de construire une suite $(\hat{x}_i)_{i \in \mathbb{N}}$ d'estimations des quantités $x_i \in \mathbb{R}^2$, à partir des mesures bruitées $y_j \in \mathbb{R}$, avec $j \leq i$.

MMI 2019 : Modélisation des niveaux annuels du lac Huron.

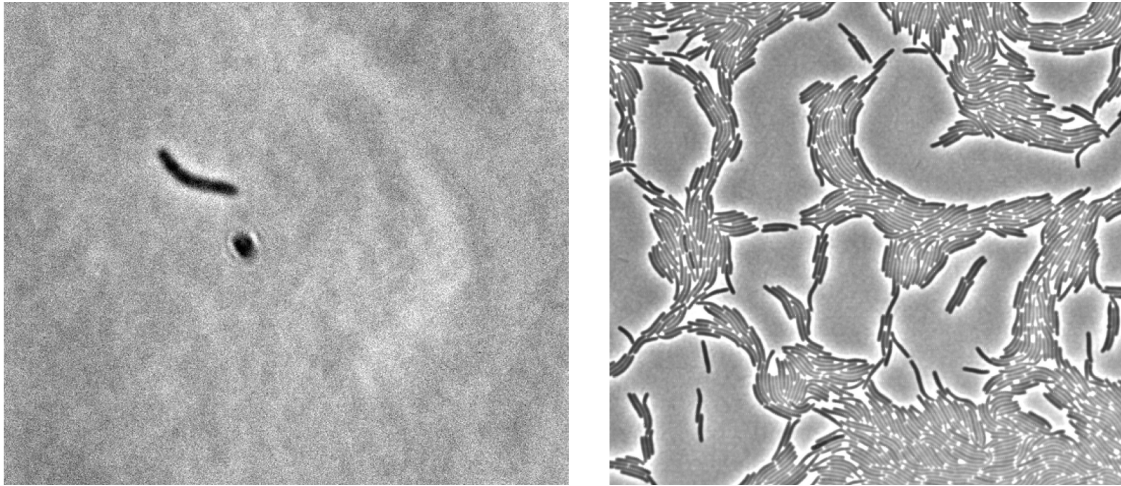
Regression polynomiale. Ajustement au sens des moindres carrés.



Dans les sujets de modélisation on ne vous demande pas de construire des modèles. on vous demande parfois de les commenter, de les critiquer voire de proposer des modifications.

II. Modélisation dans une activité de recherche. (TIPE ou autre)

Un exemple : Modélisation du mouvement d'une colonie de bactéries (**Myxococcus xanthus**).



III. Un extrait du programme de première année.

- Modéliser les variations d'effectifs dans le cas d'une croissance exponentielle et d'une croissance logistique (modélisation numérique) et discuter des limites de ces modèles.
- Discuter dans le cadre du modèle logistique des stratégies démographiques r et K .
- Analyser les effets des relations interspécifiques sur les effectifs des populations dans le cas de la prédation et les modéliser (modèle de Lotka-Volterra).

IV. Modélisation dans un exercice de probabilité.

Ce sont les modélisations probabilistes simples, ce sont des situations faciles à étudier :

- lancer un nombre fini ou indéfini de dés.
- Faire des tirages dans des urnes suivant différents protocoles.
- Enchainements de ce type d'expériences.