

1. Un premier modèle : un modèle déterministe

1.1 Étude de la solution

Q 1. m est exprimé en picogrammes et le temps est exprimé en secondes donc $\frac{dm}{dt}$ est exprimé en picogrammes par seconde.

Donc a est exprimé en picogrammes par seconde et c est exprimé en s^{-1} .

De même, b et d sont en s^{-1} .

$$[a] = \text{pg.s}^{-1}, [b] = [c] = [d] = s^{-1}$$

Q 2. Lorsqu'on augmente c , l'ARN se dégrade plus vite donc m diminue et, par suite, p également.

Q 3.1. Comme $c > 0$, $\lim_{t \rightarrow +\infty} e^{-ct} = 0$ et donc $\lim_{t \rightarrow +\infty} m(t) = \frac{a}{c} = m_{\infty}$.

Q 3.2. On a $\frac{dm}{dt}(0) = a - cm(0) = a - cm_0$.

Donc une équation de la tangente à la courbe représentative de m en 0 est $y = (a - cm_0)t + m_0$.

Q 3.3.

Q 4.1. Comme $c > 0$ et $d > 0$, on a $\lim_{t \rightarrow +\infty} e^{-ct} = \lim_{t \rightarrow +\infty} e^{-dt} = 0$. Donc $\lim_{t \rightarrow +\infty} p(t) = \frac{ab}{cd} = p_{\infty}$.

Il s'agit de la quantité de protéines à l'équilibre du système, il est logique qu'elle soit d'autant plus élevée que la transcription (donc a) et la traduction (donc b) soient intenses et d'autant plus faible que la dégradation (donc c et d) soit rapide.

Q 4.2. p_{∞} est une fonction croissante en $\frac{b}{d}$. $\frac{b}{d}$ peut être assimilé au rapport de création sur dégradation de protéines et donc plus il est élevé plus on a de protéines.

Q 4.3. p_{∞} est une fonction linéaire croissante en $\frac{a}{c}$. $\frac{a}{c}$ peut être assimilé au rapport de création sur dégradation d'ARN et donc : plus il est élevé, plus on a de protéines.

1.2 Résolution en découplant par changement de base

Q 5. Pour tout $t \in \mathbb{R}^+$:

$$A\vec{x}(t) + B = \begin{pmatrix} -1 & 0 \\ 1 & -2 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} m(t) \\ p(t) \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} a \\ 0 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -m(t) + a \\ m(t) - 2p(t) \end{pmatrix}.$$

On a donc bien $(1) \Leftrightarrow \frac{d\vec{x}}{dt} = A\vec{x} + B$.

Q 6.1. La matrice A est triangulaire donc on peut lire ses valeurs propres sur sa diagonale. Les valeurs propres de A sont $\lambda_1 = -1$ et $\lambda_2 = -2$.

A admet deux valeurs propres distinctes et A est une matrice de taille 2 donc (condition suffisante de diagonalisabilité) A est diagonalisable.

On a aussi $A \begin{pmatrix} 1 \\ 1 \end{pmatrix} = - \begin{pmatrix} 1 \\ 1 \end{pmatrix}$ et $\begin{pmatrix} 1 \\ 1 \end{pmatrix} \neq 0$ donc $\begin{pmatrix} 1 \\ 1 \end{pmatrix}$ est un vecteur propre associé à la valeur propre -1 .

Et enfin, $A \begin{pmatrix} 0 \\ 1 \end{pmatrix} = -2 \begin{pmatrix} 0 \\ 1 \end{pmatrix}$ et $\begin{pmatrix} 0 \\ 1 \end{pmatrix} \neq 0$ donc $\begin{pmatrix} 0 \\ 1 \end{pmatrix}$ est un vecteur propre associé à la valeur propre -2 .

Q 6.2. $\left(\begin{pmatrix} 1 \\ 1 \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} 0 \\ 1 \end{pmatrix} \right)$ est une base de vecteurs propres de A donc en posant $P = \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 1 & 1 \end{pmatrix}$ on a nécessairement :

$$A = P \begin{pmatrix} -1 & 0 \\ 0 & -2 \end{pmatrix} P^{-1}.$$

Q 6.3. On a $\det(P) = 1$ donc, d'après la formule donnant l'inverse d'une matrice de taille 2, $P^{-1} = \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ -1 & 1 \end{pmatrix}$.

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

On en déduit que :

$$\begin{aligned} \frac{dz_1}{dt} &= \frac{dm}{dt} && \text{car } z_1 = m \\ &= a - m && \text{d'après le système (1)} \\ &= a - z_1 && \text{car } z_1 = m \\ \frac{dz_2}{dt} &= -\frac{dm}{dt} + \frac{dp}{dt} && \text{car } z_2 = -m + p \\ &= -a + m + m - 2p && \text{d'après le système (1)} \\ &= -a - 2(-m + p) \\ &= -a - 2z_2 && \text{car } z_2 = -m + p \end{aligned}$$

$\vec{z}$ vérifie donc bien le système donné.

Q 8. Il s'agit de deux équations différentielles linéaire d'ordre 1 à coefficients et second membre constant. On peut donc directement donner les solutions :

$$\forall t \in \mathbb{R}^+, \quad \begin{cases} z_1(t) = C_1 e^{-t} + a \\ z_2 = C_2 e^{-2t} - \frac{a}{2} \end{cases}$$

avec C_1 et C_2 deux constantes réelles.

Q 9. On a $\vec{z} = P^{-1}\vec{x} \Leftrightarrow \vec{x} = P\vec{z}$, donc $\vec{x} = \begin{pmatrix} z_1 \\ z_1 + z_2 \end{pmatrix}$.

Ainsi, d'après la question précédente, pour tout $t \in \mathbb{R}^+$:

$$\begin{aligned} m(t) &= z_1(t) = C_1 e^{-t} + a \\ p(t) &= z_1(t) + z_2(t) = C_1 e^{-t} + C_2 e^{-2t} + \frac{a}{2}. \end{aligned}$$

Les conditions initiales nous permettent d'avoir :

$$\begin{aligned} \begin{cases} m(0) = m_0 \\ p(0) = p_0 \end{cases} &\Leftrightarrow \begin{cases} C_1 + a = m_0 \\ C_1 + C_2 + \frac{a}{2} = p_0 \end{cases} \\ &\Leftrightarrow \begin{cases} C_1 = m_0 - a \\ C_2 = p_0 - m_0 + \frac{a}{2} \end{cases} \end{aligned}$$

En conclusion $\begin{cases} m(t) = z_1(t) = (m_0 - a)e^{-t} + a \\ p(t) = (m_0 - a)e^{-t} + \left(p_0 - m_0 + \frac{a}{2}\right)e^{-2t} + \frac{a}{2} \end{cases}$.

Q 10. La première ligne du système (1) est en fait une équation différentielle linéaire d'ordre 1 vérifiée uniquement par m donc nous pouvons la résoudre sans problème.

Ensuite il faudra substituer la solution trouvée pour m dans la deuxième ligne du système puis on obtiendra une équation différentielle linéaire d'ordre 1 vérifiée par p que l'on est capable de résoudre.

2. Un second modèle : un modèle probabiliste

2.1 Introduction du modèle

Q 11.

Q 11.1. Au bout de 3 minutes, c'est-à-dire 180 secondes il y a eu :

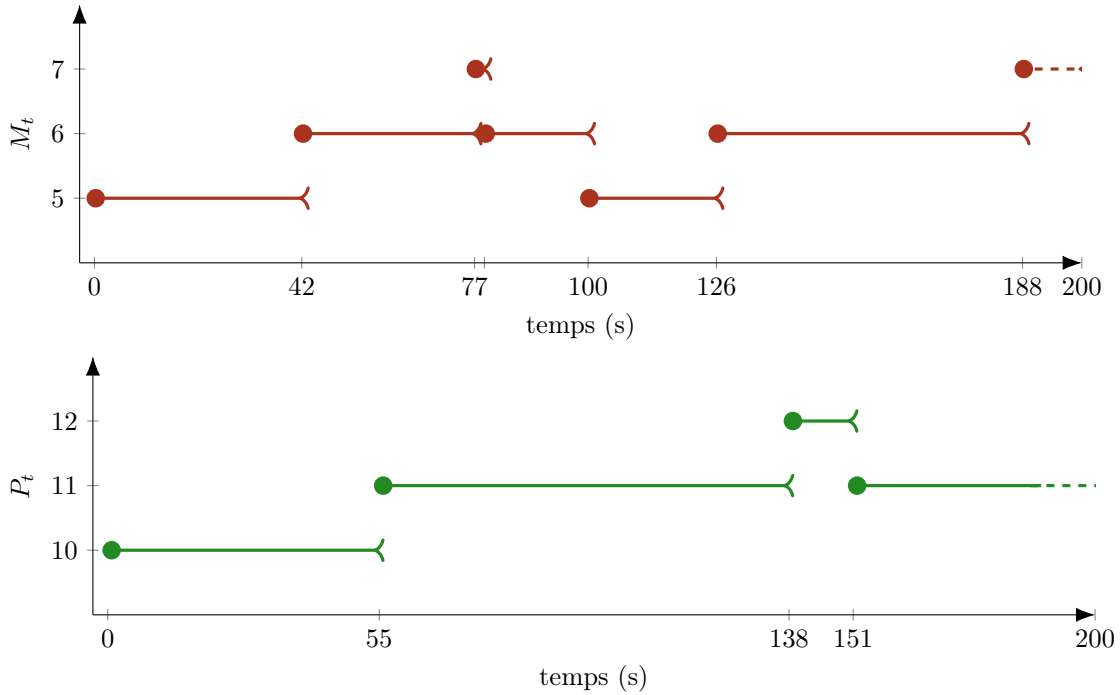
- 3 transcriptions d'un brin d'ADN (donc apparition de 3 brins d'ARN, pas de changement de la quantité de protéine)
- 2 traductions d'un brin d'ARN (pas de changement de la quantité d'ARN, apparition de 2 protéines)
- 2 dégradations d'un brin d'ARN (disparition de 2 brins d'ARN, pas de changement de la quantité de protéine)
- 1 dégradation d'une protéine (pas de changement de la quantité d'ARN, disparition d'une protéine).

Avec les conditions initiales $m_0 = 5$ (on va supposer que cela veut dire 5 brins d'ARN) et $p_0 = 10$ (on va supposer que cela veut dire 10 protéines), on en déduit qu'au bout de 3 minutes il y a

$$5 + 3 - 2 = 6 \text{ brins d'ARN}$$

$$10 + 2 - 1 = 11 \text{ protéines}$$

Q 11.2.



Remarque On ne peut pas savoir si il n'y a pas une ou plusieurs réactions entre les instants 188s et 200s.

- Q 12. — Cas de la réaction A : $M_{T_k} = M_{T_{k-1}} + 1$ et $P_{T_k} = P_{T_{k-1}}$.
 — Cas de la réaction B : $M_{T_k} = M_{T_{k-1}}$ et $P_{T_k} = P_{T_{k-1}} + 1$.
 — Cas de la réaction C : $M_{T_k} = M_{T_{k-1}} - 1$ et $P_{T_k} = P_{T_{k-1}}$.
 — Cas de la réaction D : $M_{T_k} = M_{T_{k-1}}$ et $P_{T_k} = P_{T_{k-1}} - 1$.

Q 13. Si on continue le problème on constate à la partie 2.3 que le temps entre la réaction $k - 1$ et la réaction k suit une loi exponentielle de paramètre la valeur de R_t à l'instant de la réaction $k - 1$. Donc plus R_t est grand plus l'espérance de la loi exponentielle est faible et donc plus les réactions sont rapprochées. R_t est un indicateur de l'intensité de réaction dans le système : plus il est élevé et plus les réactions sont fréquentes¹.

1. La dernière phrase est tirée du rapport officiel

Q 14. Pour $t \in \mathbb{R}_+$ on a

$$\begin{aligned}\mathbb{P}(B) &= \frac{bM_t}{R_t} \\ &= \frac{bM_t}{a + (b+c)M_t + dP_t} \\ &= \frac{b}{(b+c) + \frac{a+dP_t}{M_t}}\end{aligned}$$

On constate donc que $P(B)$ est une quantité qui croît avec M_t (toutes les constantes sont positives).

Interprétation² Lorsque M_t augmente à P_t constant la proportion de brins d'ARN messenger augmente par rapport à celle de protéines ou de la quantité permanente d'ADN donc il y a plus de chance que la réaction tirée soit B ou C. En revanche la probabilité de tirer A ou B diminue.

2.2 Tirage aléatoire de la réaction

Q 15.

Q 15.1. Comme `rd.random()` renvoie une simulation d'une variable aléatoire suivant loi uniforme sur $[0; 1[$, la probabilité que ce résultat soit plus grand que $1 - p$ est $1 - p$.

Cette fonction renvoie donc une simulation d'une loi de Bernoulli de paramètre p .

Q 15.2. Soit $i \in \llbracket 1; I - 1 \rrbracket$

$$\begin{aligned}\mathbb{P}\left(U \in \left[\sum_{j=0}^{i-1} p_j; \sum_{j=0}^i p_j\right]\right) &= \sum_{j=0}^i p_j - \sum_{j=0}^{i-1} p_j && \text{loi uniforme, les deux sommes sont dans } [0; 1] \\ &= p_i \\ &= \mathbb{P}(X = a_i)\end{aligned}$$

Si $i = 0$

$$\begin{aligned}\mathbb{P}\left(U \in \left[\sum_{j=0}^{-1} p_j; \sum_{j=0}^0 p_j\right]\right) &= \mathbb{P}(U \in [0; p_0]) && \text{notation} \\ &= p_0 && \text{loi uniforme}\end{aligned}$$

Pour tout $i \in \llbracket 0; I - 1 \rrbracket$, $\mathbb{P}\left(U \in \left[\sum_{j=0}^{i-1} p_j; \sum_{j=0}^i p_j\right]\right) = \mathbb{P}(X = a_i).$

On peut donc penser à l'algorithme suivant :

- à tirer un nombre au hasard dans $[0; 1[$
- en partant de $i = 0$ trouver le plus petit entier tel que $X \leq \sum_{j=0}^i p_j$
- On aura alors $\sum_{j=0}^{i-1} p_j < X \leq \sum_{j=0}^i p_j$.

2. rapport officiel

— On renvoie la valeur de a_i .

Q 15.3.

```

1  def loi_discrete_finie(liste_p):
2      I = len(liste_p)
3      X = random()
4      pcumul = 0
5      for i in range(I) :
6          pcumul = pcumul + liste_p[i]
7          if X < pcumul:
8              return i

```

Q 16.

```

1  def reaction(Mt,Pt):
2      liste_reaction=['A','B','C','D']
3      Rt = a +(b+c)*Mt+d*Pt
4      liste_proba = [a/Rt,b*Mt/Rt,c*Mt/Rt,d*Pt/Rt]
5      i = loi_discrete_finie(liste_proba)
6      return liste_reaction[i]

```

2. 3. Modélisation de la durée entre deux réactions

Q 17.

Q 17.1. Soit t et s deux réels strictement positifs.

$$\begin{aligned}
 \mathbb{P}_{\Delta_k > t}(\Delta_k > t + s) &= \frac{\mathbb{P}([\Delta_k > t + s] \cap [\Delta_k > t])}{\mathbb{P}(\Delta_k > t)} \\
 &= \frac{\mathbb{P}(\Delta_k > t + s)}{\mathbb{P}(\Delta_k > t)} && \text{car } [\Delta_k > t + s] \subset [\Delta_k > t] \\
 &= \frac{1 - \mathbb{P}(\Delta_k \leq t + s)}{1 - \mathbb{P}(\Delta_k \leq t)} \\
 &= \frac{1 - (1 - \exp(-r_{t_{k-1}}(t + s)))}{1 - (1 - \exp(-r_{t_{k-1}}t))} && \text{fonction de répartition} \\
 &= \exp(-r_{t_{k-1}}s) && \text{calculs} \\
 &= \mathbb{P}(\Delta_k > s)
 \end{aligned}$$

Pour tout $s, t \in \mathbb{R}_+^*$, $\mathbb{P}_{\Delta_k > t}(\Delta_k > t + s) = \mathbb{P}(\Delta_k > s)$.

Q 17.2. La loi exponentielle est une loi sans mémoire, qui peut décrire un phénomène sans usure ni vieillissement.

D'après le cours $E(\Delta_k) = \frac{1}{r_{t_{k-1}}}$ donc plus $r_{t_{k-1}}$ est grand plus l'intervalle entre deux réaction est faible.
D'un autre coté plus le nombre de molécules d'ARN ou de protéines est grand plus il y a de chance d'avoir une réaction rapidement.

Q 18. On commence par remarquer que la probabilité que $\ln(U)$ ne soit pas défini est nulle.

Soit x un réel

$$\begin{aligned}
 \mathbb{P}(\Delta \leq x) &= \mathbb{P}\left(-\frac{\ln U}{\mu} \leq x\right) \\
 &= \mathbb{P}(\ln U \geq -\mu x) && \text{car } -\mu < 0 \\
 &= \mathbb{P}(U \geq \exp(-\mu x)) && \text{car } \exp \text{ est strictement croissante} \\
 &= 1 - F_U(\exp(-\mu x)) && \text{où } F_U \text{ fonction de répartition de } U
 \end{aligned}$$

Si $x \geq 0$ alors $\exp(-\mu x) \in [0; 1]$ et donc $F_U(\exp(-\mu x)) = \exp(-\mu x)$

Si $x < 0$ alors $\exp(-\mu x) > 1$ et donc $F_U(\exp(-\mu x)) = 1$

$$\forall x \in \mathbb{R} \quad \mathbb{P}(\Delta \leq x) = \begin{cases} 0 & \text{si } x < 0 \\ 1 - \exp(-\mu x) & \text{si } x \geq 0 \end{cases}$$

On reconnaît alors la fonction de répartition d'une variable aléatoire suivant la loi $\mathcal{E}(\mu)$.

$$\Delta = -\frac{\ln U}{\mu} \text{ suit une loi } \mathcal{E}(\mu).$$

Q 20.

```

1 def duree (Mt,Pt):
2     Rt = a + b*Mt + c*Mt + d*Pt
3     Delta = -np.log(random())/Rt
4     return Delta

```

2.4 Simulation de trajectoire - Algorithme de Gillespie

Q 21. On complète les lignes manquantes en utilisant les résultats de la question Q12.

```
1  def trajectoire(tmax):
2      liste_T = [0]
3      liste_M = [m0]
4      liste_P = [p0]
5      i=0
6      while liste_T[i] < tmax:
7          DeltaT = duree(liste_M[i],liste_P[i])
8          liste_T.append(liste_T[i]+DeltaT)
9          typeR = reaction(liste_M[i],liste_P[i])
10         if typeR == 'A' :
11             liste_M.append(liste_M[i]+1)
12             liste_P.append(liste_P[i])
13         elif typeR=='B' :
14             liste_M.append(liste_M[i])
15             liste_P.append(liste_P[i]+1)
16         elif typeR=='C' :
17             liste_M.append(liste_M[i]-1)
18             liste_P.append(liste_P[i])
19         else :
20             liste_M.append(liste_M[i])
21             liste_P.append(liste_P[i]-1)
22         i = i+1
23     liste_T[i] = tmax
24     liste_M[i] = liste_M[i-1]
25     liste_P[i] = liste_P[i-1]
26     return [liste_T,liste_M,liste_P]
```

Lorsque la boucle s'arrête la liste `liste_T` contient une valeur supérieure à t_{max} et les listes `liste_M` et `liste_P` contiennent aussi une valeur qui correspondent à ce temps. Les dernières lignes du programme permettent de supprimer ces valeurs inutiles en donnant à $M_{t_{max}}$ et les valeurs $P_{t_{max}}$ les valeurs qu'elles avaient à l'issue de la dernière réactions ayant eu lieu avant t_{max} .

3 Limites grandes populations

3.1 Propriétés théoriques

Q 22. Les intervalles de temps entre deux réactions étant aléatoires, deux trajectoires n'ont que très peu de chances d'avoir la même liste de temps.

Les explications suivantes sont inutiles sur votre copie Par exemple la trajectoire 1 peut avoir une liste de temps [1,5,7] et la trajectoire 2 [2,3,8]. on va devoir modifier la trajectoire 1 pour que la liste des temps soit [1,2,3,5,7,8]. Pour les temps rajoutés on insère dans `liste_M` et `liste_P` des valeurs identiques à celles qui précèdent car aucune réaction n'a eu lieu au temps 2,3,8. On fait de même pour la trajectoire 2. On obtiendra alors deux trajectoires avec la même `liste_T` et on pourra plus facilement faire la moyenne.

Q 23.

Q 23.1. `i1` est la position que l'on est en train d'examiner dans la trajectoire 1 et `i2` est la position que l'on est en train d'examiner dans la trajectoire 2. Si le test de la ligne 10 est positif, le temps de la réaction numéro `i1` dans la trajectoire 1 est plus petit que celui dans la trajectoire 2. On recopie les données de la trajectoire 1 dans la nouvelle trajectoire 1 et on insère une nouvelle position dans la nouvelle

trajectoire 2 au temps `liste_T1[i1]` avec des valeurs de M et T inchangés par rapport à la position précédente car il n'y a pas eu de réaction dans la trajectoire 2.

La commande `i1=i1+1` assure que lors de la prochaine itération de la boucle on examinera la réaction suivante dans la trajectoire 1 mais on ne modifie pas `i2`.

Remarque Votre réponse doit être plus courte et plus rapide, ne passez pas trop de temps sur ce type de question.

Q 23.2. Si une réaction a lieu simultanément dans les deux trajectoires on rajoute les positions correspondantes dans chacune des trajectoires et on passe pour les deux trajectoires à la réaction suivantes.

Ce cas se présente au moins lorsque que l'on atteint la dernière position des deux trajectoires car par construction (voir Q21) on s'est assuré que t_{max} soit la dernière valeur de la liste des temps.

Q 23.3. La fonction `aligne` donne les valeurs des deux trajectoires en tous les points de l'union des deux supports pour faciliter le calcul de la moyenne des deux trajectoires par la suite³.

Q 24.

```

1 def moyennes(tmax, n):
2     for i in range(n):
3         [liste_T,liste_M,liste_P] = trajectoire(tmax)
4         if i == 0:
5             nbmoy = 1
6             Tmoy = liste_T
7             Mmoy = liste_M
8             Pmoy = liste_P
9         else:
10            [Tmoy,Mmoy,Pmoy,liste_M,liste_P]=aligne(Tmoy,Mmoy,Pmoy,liste_T,liste_M,liste_P)
11            for i in range(len(Tmoy)):
12                Mmoy[i] = (nbmoy*Mmoy[i]+liste_M[i])/(nbmoy+1)
13                Pmoy[i] = (nbmoy*Pmoy[i]+liste_P[i])/(nbmoy+1)
14                nbmoy = nbmoy+1
15            return [Tmoy,Mmoy,Pmoy]
```

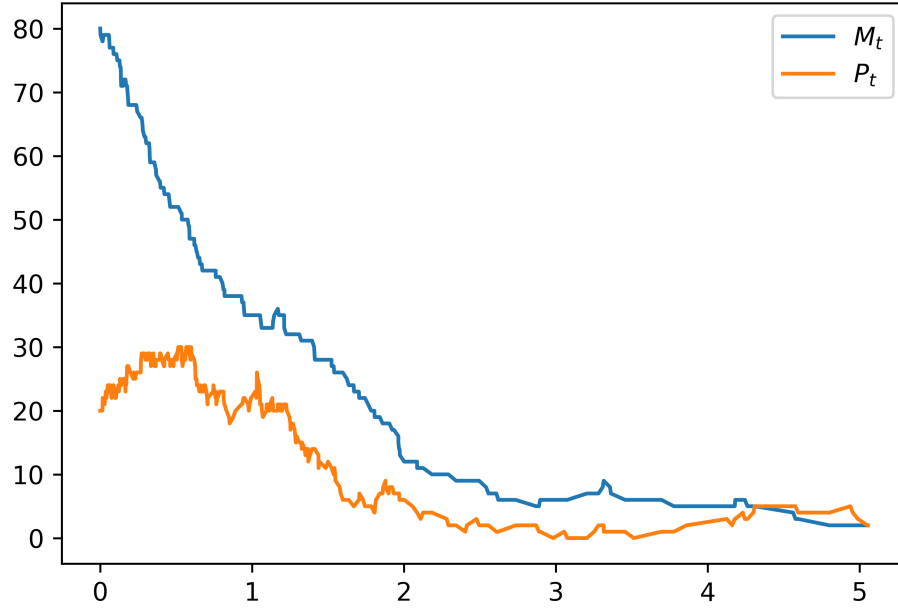
Remarques On peut alors utiliser les programmes précédents pour visualiser l'évolution de M_t et P_t .

```

1
2 import matplotlib.pyplot as plt
3
4 T,M,P=moyennes(5, 100) % 5 secondes
5 plt.plot(T,M,label="$M_t$")
6 plt.plot(T,P,label="$P_t$")
7 plt.legend()
8 plt.show()
```

On obtient alors

3. Rapport officiel



- Q 25. La moyenne d'un nombre infini de trajectoires du modèle probabiliste est la solution du modèle déterministe. C'est cohérent car le modèle déterministe fait l'hypothèse implicite que la quantité de protéine est assimilable à un flux et donc que le nombre de cellules est grand. La variance d'une trajectoire ne dépend pas du temps, la variabilité est donc une qualité intrinsèque de la population bactérienne. Plus celle-ci est grande et plus la trajectoire sur un site peut être différente de celle des autres sites. On verra en partie 3.1 que cette caractéristique est importante car elle caractérise la capacité de la population bactérienne à s'adapter à son milieu.
- Q 26. D'après la propriété de linéarité de l'espérance :

$$E(\overline{P}_t) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n E(P_t^{(i)}) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n p(t) = p(t).$$

Les variables $P_t^{(i)}$ étant supposées indépendantes, par propriété de la variance on a

$$V(\overline{P}_t) = \frac{1}{n^2} \sum_{i=1}^n V(P_t^{(i)}) = \frac{1}{n^2} \sum_{i=1}^n \sigma^2 = \frac{\sigma^2}{n} \rightarrow 0 \text{ lorsque } n \rightarrow +\infty.$$

Lorsque n augmente, la moyenne des trajectoires va se rapprocher de la trajectoire moyenne qui est la trajectoire déterministe étudiée à la Partie 1.

Le rapport n'indique pas quelle illustration graphique est attendue ici.

3.2 Application à la problématique de survie de la population de bactéries.

- Q 27. L'antibiotique affecte le flux de transcription d'ADN en le diminuant : il inhibe l'action de l'ADN. On s'attend à ce que quand la dose d'antibiotique tend vers l'infini la probabilité d'extinction de la bactérie augmente, idéalement qu'elle tende vers 1.
- Q 28. p^* est la valeur de p_∞ obtenue dans la question 4., on a donc $p^* = \frac{ab}{cd}$.

Lorsqu'on change a par $ae^{-\theta}$ on a $p_\infty = \frac{ae^{-\theta}b}{cd}$.

$$\text{Donc } p^* - p_\infty = \frac{ab}{cd} - \frac{ae^{-\theta}b}{cd} = \frac{ab(1 - e^{-\theta})}{cd}.$$

Q 29. D'après l'inégalité de Bienaymé-Tchebychev appliquée à la VAR $P_t^{(i)}$ qui admet bien une variance et pour $\varepsilon = p^* - p(t)$ qui est bien strictement positif on a

$$P\left(\left|P_t^{(i)} - E(P_t^{(i)})\right| \geq p^* - p(t)\right) \leq \frac{V(P_t^{(i)})}{(p^* - p(t))^2}$$

$$\Leftrightarrow P\left(\left|P_t^{(i)} - p(t)\right| \geq p^* - p(t)\right) \leq \frac{\sigma^2}{(p^* - p(t))^2} \quad \text{d'après la question 25.}$$

Comme $P_t^{(i)} - p(t) \leq \left|P_t^{(i)} - p(t)\right|$, on a

$$\left[P_t^{(i)} - p(t) \geq p^* - p(t)\right] \subset \left[\left|P_t^{(i)} - p(t)\right| \geq p^* - p(t)\right],$$

et donc $P\left(P_t^{(i)} - p(t) \geq p^* - p(t)\right) \leq P\left(\left|P_t^{(i)} - p(t)\right| \geq p^* - p(t)\right)$. D'après l'inégalité précédente, on a donc

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

Q 30. Nous avons admis que la fonction p est croissante. On a donc, pour tout t , $p(t) \leq p_\infty$.

On en déduit que $p^* - p(t) \geq p^* - p_\infty$ et donc $\frac{\sigma^2}{(p^* - p(t))^2} \leq \frac{\sigma^2}{(p^* - p_\infty)^2}$.

En remplaçant $p^* - p_\infty$ par la valeur trouvée à la question 28. on obtient que

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

Q 31. D'après la description faite de l'extinction on a

$$\begin{aligned} P(\text{Extinction}) &= P\left(\bigcap_{i=1}^n [P_t^{(i)} < p^*]\right) \\ &= \prod_{i=1}^n P(P_t^{(i)} < p^*) \quad \text{VAR indépendantes} \\ &= \prod_{i=1}^n (1 - P(P_t^{(i)} \geq p^*)) \\ &= \prod_{i=1}^n \left(1 - P\left(P_t^{(i)} - p(t) \geq p^* - p(t)\right)\right) \end{aligned}$$

D'après la question précédente, on a donc

$$\begin{aligned} P(\text{Extinction}) &\geq \prod_{i=1}^n \left(1 - \left(\frac{\sigma cd}{ab(1 - e^{-\theta})}\right)^2\right) \\ &\geq \left(1 - \left(\frac{\sigma cd}{ab(1 - e^{-\theta})}\right)^2\right)^n. \end{aligned}$$

Q 32. On a $\lim_{\theta \rightarrow +\infty} \left(1 - \left(\frac{\sigma cd}{ab(1 - e^{-\theta})}\right)^2\right)^n = \left(1 - \left(\frac{\sigma cd}{ab}\right)^2\right)^n$.

- Q 33. Lorsque la variabilité est faible, la probabilité que la population de bactérie survive est plus faible, en effet la trajectoire de la quantité de protéine n'a pas la possibilité de s'écarter de la solution déterministe qui se trouve strictement sous la valeur critique p^* . Ce terme σ peut donc être interprété comme un indice de résilience ou capacité du milieu à survivre aux changements. On ne trouve pas une probabilité certaine, soit parce que la borne mathématique n'est pas assez précise (c'est le cas ici) soit parce que l'antibiotique ne permet pas à lui seul de garantir l'extinction de la bactérie.