

# Travaux Dirigés ISV51 - Programmation et Développement

*Julien Chiquet*

*20 et 21 novembre 2015*

## Objectifs de la séance

- manipulation des structures de contrôles
- premières fonctions
- premiers programmes R
- premières simulations et parallélisation

## Problème: population de bactéries

On souhaite modéliser la croissance d'une population bactérienne mise en culture dans une boîte de Petri. À cet effet, on distingue deux types de bactérie:

1. des bactéries jeunes et *immatures*, notées  $a$ , qui ne se divisent pas ;
2. des bactéries *matures*, notées  $b$ , susceptibles de se diviser par mitose.

On suppose que la reproduction a lieu à intervalles de temps discrets ; les bactéries  $b$  se divisent d'un instant à l'autre en une bactérie  $a$  et une bactérie  $b$  ; enfin, toute bactérie  $a$  devient mature d'un pas de temps à l'autre.

## Première partie: définition du modèle et de la fonction de génération

1. On note  $n_a(t)$  et  $n_b(t)$  le nombre de bactéries de chaque type à l'instant  $t$ . Écrire le système de deux équations décrivant l'évolution de  $n_a(t+1)$  et  $n_b(t+1)$  en fonction de  $n_a(t)$  et  $n_b(t)$ .
2. Écrire une fonction `PopBacteries(n0,T)` qui renvoie trois vecteurs de taille  $T+1$  contenant l'évolution des deux catégories de bactérie de l'instant initial au temps  $T$  ainsi que l'évolution de la population totale. Le paramètre  $n_0$  est le nombre  $n_a(0)$ , et l'on suppose que  $n_b(0) = 0$ .
3. Pour  $T = 20$  et  $n_0 = 1$ , générer la population bactérienne correspondante et calculer le taux d'accroissement de la population totale. Représenter graphiquement ces résultats.
4. On souhaite maintenant introduire de l'aléa dans la dynamique bactérienne. À cet effet, on suppose qu'une bactérie de type  $b$  a une probabilité  $p$  d'accomplir une mitose en  $a+b$ . Modifier la fonction `PopBacteries(n0,T,p)` en ajoutant le paramètre  $p$ .
5. Étudier l'évolution de la population et son taux de croissance totale pour diverses valeurs de  $p$ .

## Deuxième partie: expériences numériques

1. Rajouter une option `last.only` à la fonction `PopBacteries` permettant de retourner uniquement le nombre totale de bactéries en présence après un temps  $T$ .

2. On propose d'étudier la distribution empirique du nombre de bactérie après un temps  $T = 10$  en fonction de diverses valeurs de  $p$ , et en partant d'une seule bactérie. Pour 50 valeurs de  $p$  échelonnées entre 0 et 1, simuler 100 populations de bactéries. Représenter la distribution d'intérêt sous forme de boxplot en fonction des valeurs de  $p$ . Vous utiliserez à cet effet la fonction `replicate`.
3. Même question que précédemment mais en parallélisant votre code à l'aide de la fonction `mclapply` le long des valeurs de  $p$ .

**Troisième partie : estimation de temps d'arrêt** On souhaite maintenant déterminer combien de temps il est nécessaire à une certaine population pour atteindre une certaine taille.

1. Écrire une fonction `PopBacteries2(n0,nmax,p)` qui renvoie le temps nécessaire pour que la population atteigne la taille `nmax`.
2. Faire des simulations permettant d'évaluer le temps moyens pour atteindre une population de bactérie de taille 1000 en partant de  $n_0 = \{1, 2, 5, 10\}$  et pour des valeurs de  $p$  échelonnées entre 0.01 et 1.