

## Modélisation 1, partie Systèmes dynamiques

### – Plan du cours

#### Chapitre 0 : Modélisation, pourquoi et comment

1. Le cercle de la modélisation : situation réelle → modèle (choix des paramètres, dynamique, simplifications) → analyse (exacte et/ou qualitative, ou simulations) → prédictions, compréhension → situation réelle, puis validation ou non, effets pris en compte ou non, on recommence.
2. Domaines principaux d'application du cours : cinétique chimique ; dynamique des populations (biologie, écologie)
3. Exemples : Jukes-Cantor (problème d'estimation de distances phylogénétiques à partir d'alignements) ; Lotka-Volterra ; SIR (épidémies Kermack et McKendrick 1920) ; Paludisme (théorème du moustique, dû à Ross en 1900, traitement de la population vs traitement des moustiques)

#### Chapitre 1 : Modèles 1D linéaires en temps discret

1. Définition générale système dynamique en temps discret, hypothèses restrictives sous-jacentes (pas d'influence du temps, paramètres extérieurs constants, populations homogènes)
2. Construction modèle de Malthus discret (b naissances, m morts), résolution complète suite géométrique, estimation du paramètre par régression linéaire
3. Modèles affines en temps discret : motivation (températures, populations régulées, réactions chimiques), résolution algébrique complète, résolution graphique

#### Chapitre 2 : Modèles 1D linéaires en temps continu

1. Passage discret-continu en général, cas  $x(t+\Delta t) = x(t) + (a\Delta t) x(t)$  vs  $x'(t) = ax(t)$
2. Exemples : populations de cellules, radioactivité et datation
3. Résolution générale, dichotomie explosion vs extinction, comparaison avec le cas discret
4. Estimation du paramètre à partir de 2 valeurs (formule exacte), à partir de n valeurs (régression)

#### Chapitre 3 : Modèles 1D affines en temps continu

1. Exemples de modèles d'échange (températures, réactions chimiques)
2. Construction de la dynamique de Jukes-Cantor
3. Résolution générale, principe du recentrage sur un point fixe
4. Retour sur Jukes-Cantor : formule du temps évolutif en fonction du pourcentage de mismatches entre une séquence actuelle et une séquence ancestrale  $T = - (3/4) \ln(1 - 4D/3)$ , puis pour deux séquences actuelles  $T_{\text{MRCA}}$