

UNIVERSITÉ PARIS-SUD XI - DÉPARTEMENT DE MATHÉMATIQUES D'ORSAY

Mémoire de Magistère de Mathématiques

Laure PÉDÈCHES

Septembre 2010 - Octobre 2014

Ce mémoire regroupe les rédactions effectuées durant les trois années où j'ai été inscrite au magistère de mathématiques d'Orsay, en 2010-2011, 2011-2012 et 2013-2014.

Elles sont précédées d'un récapitulatif de mon cursus au sein de cette formation et d'un aperçu du sujet de la thèse que j'ai entamée en septembre 2014.

Table des matières

1	Cursus au sein du Magistère de mathématiques d'Orsay	4
1.1	Première année : L3 Mathématiques fondamentales et appliquées	4
1.2	Deuxième année : M1 Mathématiques fondamentales et appliquées	4
1.3	Troisième année : M2 Mathématiques pour les Sciences du Vivant	5
2	Étude de modèles stochastiques de Cucker-Smale	6
2.1	Contextes historique, mathématique et biologique	6
2.2	Outils mathématiques	7
2.2.1	Calcul stochastique	7
2.2.2	Mesures invariantes et réversibles	8
2.2.3	Fonctions de Lyapunov	9
2.3	Quelques résultats	9
2.3.1	Taux de communication constant	9
2.3.2	Ajout d'un terme de position	11
2.4	Perspectives	12
3	Travaux réalisés au cours du Magistère	13
3.1	Première année de Magistère - L3 MFA (2010-2011)	13
3.1.1	Rapport de stage de L3	13
3.2	Deuxième année de Magistère - M1 MFA (2011-2012)	25
3.2.1	TER : Modélisation stochastique de réactions biochimiques	25
3.3	Troisième année de Magistère - M2 MSV (2013-2014)	57
3.3.1	Etude de l'article <i>An adaptative version for the MALA with truncated drift</i>	57
3.3.2	Projet : Recherche de nourriture par un pollinisateur	70
3.3.3	Rapport de stage de M2 : étude de modèles stochastiques de Cucker-Smale	110

1 Cours au sein du Magistère de mathématiques d'Orsay

Après deux ans de classes préparatoires scientifiques au lycée Pierre de Fermat de Toulouse, j'ai été admise au magistère de mathématiques de l'université Paris-Sud XI pour la rentrée de septembre 2010.

1.1 Première année : L3 Mathématiques fondamentales et appliquées

Outre les trois unités d'enseignement obligatoires, topologie et calcul différentiel, algèbre et intégration de Lebesgue, j'ai suivi les cours *Programmation, algorithmique, théorie de la complexité* de Laurent Rosaz, dans le cadre du Magistère, et *Mathématiques et biologie* de Michel Laurent, un premier aperçu des applications des mathématiques en biologie, notamment via les systèmes dynamiques.

Au deuxième semestre, j'avais choisi d'approfondir mes connaissances en informatique théorique, machines de Turing notamment, en plus des cours de fonctions holomorphes, équations différentielles, analyse de Fourier, et, non des moindres, une introduction à la théorie des probabilités.

Le cours spécifique aux magistériens pour la deuxième partie de l'année, assuré par Wendelin Werner, *Compléments de topologie et de théorie de la mesure*, s'est révélé à la fois utile, dans le sens où il permettait une première approche de concepts assez périlleux qui allaient réapparaître dans les années suivantes (topologie faible, par exemple) et, du fait de son côté parfois presque anecdotique, avec des excursions hors du cursus classique (à l'instar des dimensions de Hausdorff et des fractales), rafraîchissant, même si exigeant et difficile à assimiler.

1.2 Deuxième année : M1 Mathématiques fondamentales et appliquées

Lors du premier semestre de M1, j'ai suivi un nouveau cours de probabilités, notamment sur les chaînes de Markov et les martingales, accompagné du MAO Probabilités et statistiques et d'une introduction à la théorie des distributions, ainsi que le premier volet du cours Mathématiques générales et analyse, dont le second épisode se déroulait dans la foulée.

Dans le cadre du magistère, nous devons suivre *Compléments de théorie spectrale et d'analyse harmonique* par Frédéric Paulin, qui, en particulier, traitait des espaces de Hilbert, de dualité, de convergence faible et d'opérateurs compacts.

Pendant le deuxième semestre, j'ai assisté, outre à un module d'anglais et le cours suscité, à un cours d'Arithmétique, sur la théorie des nombres et ses outils d'analyse complexe. J'ai de surcroît, au cours de l'année, validé des UE de statistiques, algèbre (principalement sur la théorie de Galois), d'histoire des mathématiques, ainsi que le MAO de calcul formel.

Le cours spécifique du deuxième semestre *Introductions aux systèmes dynamiques* s'est avéré être une autre excursion hors des sentiers battus : Pierre Pansu nous a en effet introduit le concept d'entropie pour des variables aléatoires discrètes, et plus généralement la théorie de l'information de Claude Shannon.

Avec l'aide de Sophie Lemaire, j'ai effectué mon TER sur la modélisation stochastique de réactions biochimiques, et en particulier sur l'article *Markovian Modelling of Gene Product Synthesis* de Jean Peccoud et Bernard Ycart. J'y ai ainsi pour la première fois rencontré des chaînes de Markov en temps continu, les équations de Kolmogorov et une de leurs applications à la modélisation de phénomènes biologiques.

A la fin de l'année, j'ai réussi le concours d'entrée en troisième année à l'ENS de Cachan, non sans l'aide des cours spécifiques de magistère, en particulier en théorie spectrale.

1.3 Troisième année : M2 Mathématiques pour les Sciences du Vivant

Après une année de césure consacrée à la préparation de l'agrégation de mathématiques à l'ENS Cachan, j'ai suivi lors de l'année scolaire 2013-2014 les cours du master Mathématiques pour les Sciences du Vivant, cohabilité par l'Université Paris-Sud, l'Ecole Polytechnique et l'Ecole Normale Supérieure de Cachan.

Les cours du premier semestre nous ont permis d'avoir un solide aperçu du large éventail des mathématiques appliquées ainsi que de leurs applications à la biologie : apprentissage statistique, calcul stochastique, optimisation numérique ou encore équations aux dérivés partielles étaient au programme, complétés par une dizaine de jours de cours de sciences du vivant au début du semestre et un séminaire hebdomadaire durant lequel un chercheur à l'interface mathématiques-biologie (voire physique) venait présenter ses travaux.

Nous devions au deuxième semestre choisir trois UE en accord avec notre projet ; j'ai suivi les cours *Modélisation stochastique des populations structurées*, de Sylvie Méléard et Vicent Bansaye, *Equations aux dérivées partielles et équations intégrales pour la biologie* de Laurent Desvillettes et *Arbres aléatoires et modèles d'évolution* d'Amandine Weber et Hélène Morlon.

Par ailleurs, en compagnie de Julie Fournier, et encadrées par Vincent Bansaye et Emmanuelle Porcher, nous avons, dans le cadre du "Projet" travaillé sur la modélisation de trajectoires de pollinisateurs (des abeilles, par exemple) cherchant des fleurs pour se rassasier. Malgré le peu de résultats obtenus, ce fut une expérience enrichissante et une plongée dans l'inconnu.

J'ai en outre suivi, et validé, l'UE *Modèles dynamiques en biologie cellulaire* de Béatrice Laroche dans le cadre du magistère.

Enfin, d'avril à juillet 2014 j'ai effectué le stage réglementaire de fin de master à l'Institut Mathématiques de Toulouse, sous la direction de Patrick Cattiaux, qui est également un de mes directeurs de thèse.

2 Étude de modèles stochastiques de Cucker-Smale

Je suis en train de commencer une thèse sur le thème *Étude de modèles stochastiques de Cucker-Smale* sous la cotutelle de Patrick Cattiaux, de l'Institut Mathématiques de Toulouse, et Sylvie Roelly, de l'*Institut für Mathematik* à l'université de Potsdam.

Je commence par présenter le cadre dans lequel se place cette thèse, avant de fournir quelques outils essentiels et de citer quelques résultats.

2.1 Contextes historique, mathématique et biologique

Des phénomènes d'atteinte de consensus sans direction centrale au sein d'un large groupe d'individus sont susceptibles de survenir dans des domaines aussi variés que la linguistique (émergence d'un langage), la finance (croyance en la valeur d'une monnaie) ou la zoologie (vols d'oiseaux).

Nous nous intéressons ici aux mouvements collectifs de population, qui peuvent avoir diverses incarnations : qui n'a jamais levé les yeux et observé une organisation en "V" d'un groupe d'oiseaux, se déplaçant apparemment tous à la même vitesse ou vu des images de bancs de poissons évoluant de manière visiblement synchronisée dans un documentaire animalier ? De tels phénomènes interviennent également chez les bactéries et peuvent apparaître en physique.

Il existe de nombreux modèles dans ce domaine, en particulier des modèles cinétiques, impliquant la position et la vitesse des particules ; nous prenons comme point de départ celui connu sous le nom de modèle de Cucker-Smale.

Introduit en 2007 par Felipe Cucker, de l'Université de Hong Kong, et Steven Smale, du Toyota Technical Institute de Chicago, dans deux articles, [4] et [3], afin de représenter le mouvement d'un groupe d'oiseaux, ou de poissons, dans l'espace en trois dimensions, il repose sur une description particulière de chaque individu, dans lequel le facteur principalement pris en compte est la distance entre les individus, deux à deux ; on recherche alors l'atteinte d'un consensus en moyennant la vitesse par rapport à celles des autres, selon leur écartement relatif.

Considérons N particules ou individus numéroté(e)s de 1 à N évoluant dans \mathbb{R}^d ; la position (respectivement la vitesse) à l'instant t de la particule i sera notée $x_i(t)$ (respectivement $v_i(t)$). Pour $\alpha \in \{1, \dots, d\}$, on désignera par x_i^α (respectivement v_i^α) la α -ème composante de la position (respectivement de la vitesse) de la particule i .

Le modèle de Cucker-Smale est le système différentiel suivant, qui admet une unique solution :

$$\begin{cases} x_i'(t) &= v_i(t) \\ v_i'(t) &= -\frac{\lambda}{N} \sum_{j=1}^N \psi(x_j(t), x_i(t))(v_i(t) - v_j(t)) \end{cases} \quad (1)$$

où λ est un réel positif, représentant la force moyenne de l'interaction entre deux particules et ψ , une fonction positive et symétrique, est appelée taux de communication et fournit l'intensité de l'interaction entre deux particules selon leur position.

Nous cherchons à obtenir du "flocage" (d'après le terme anglais *flocking*, terme que nous utiliserons pour désigner tout phénomène par lequel des individus ou particules auto-propulsés s'organisent en un ensemble de mouvement ordonné, ce qui correspond à la fois à l'alignement des vitesses et à la

formation d'un groupe, c'est à dire la somme des distances des particules au centre de masse reste bornée au cours du temps. Formellement, Cucker et Smale le définissent de la façon suivante :

Définition 2.1. Il y a flockage pour les particules de position (x_1, \dots, x_N) et de vitesse (v_1, \dots, v_N) si

- il existe $v_\infty \in \mathbb{R}^d$ tel que $\lim_{t \rightarrow \infty} \sum_{i=1}^N \|v_i(t) - v_\infty\|^2 = 0$;
- $\sup_{0 \leq t < \infty} \sum_{i=1}^N \left\| x_i(t) - \frac{1}{N} \sum_{j=1}^N x_j(t) \right\|^2 < \infty$.

Dans un environnement aussi imprévisible et volatile que celui de notre planète, il semble indispensable, pour coller davantage à la "réalité", de prendre en compte l'interaction des particules avec le milieu extérieur qui est inexistante dans le modèle ci-dessus.

Une façon d'y remédier est d'incorporer un bruit stochastique, tel un mouvement brownien, qui modéliserait par exemple le vent dans le cas des oiseaux ou des variations des courants pour les bancs de poissons.

C'est ce qui a été fait dans l'article [6] publié par Ha, Lee et Levy en 2009. Intitulé *Emergence of time-asymptotic flocking in a stochastic Cucker-Smale system*, on y trouve le modèle de Cucker-Smale stochastique ci-dessous, dénommé SCS dans la suite :

$$\begin{cases} dx_i &= v_i dt \\ dv_i &= -\frac{\lambda}{N} \sum_{j=1}^N \psi(x_j, x_i)(v_i - v_j) dt + \sqrt{D} dW_i \end{cases} \quad (2)$$

où λ est un réel positif, ψ le taux de communication entre deux particules, supposé positif, symétrique et invariant par translation, W_1, \dots, W_N sont des mouvements browniens standards de dimension d , indépendants et identiquement distribués et D est un paramètre régissant l'intensité du bruit.

Notre objectif est alors d'étudier le comportement, en particulier en temps long, d'un groupe de particules suivant ce modèle, une version simplifié (cas ψ constant) ou une version légèrement modifiée (ajout d'un terme de position dans l'équation régissant l'évolution de la vitesse), en utilisant entre autres des outils de calcul stochastique, des fonctions de Lyapunov et des résultats de propagation du chaos.

2.2 Outils mathématiques

2.2.1 Calcul stochastique

Les intégrales stochastiques et les propriétés fondamentales du calcul stochastique jouent ici un rôle crucial, mais leurs rappels dépasseraient le cadre de ce rapport ; les résultats donnés dans cette section et de nombreux autres peuvent se trouver dans [7] et/ou dans [1].

On se contentera de rappeler la formule d'Itô multidimensionnelle suivante :

Proposition 2.2. Si pour tout $i \in \{1, \dots, d\}$, $dX_t^i = \sum_{j=1}^N \sigma_{i,j}(X_t) dB_t^j + b_i(X_t) dt$, où B est un mouvement brownien, et pour tous i, j , b_i et $\sigma_{i,j}$ sont lipschitziennes,

alors pour toute fonction $\phi \in \mathcal{C}_b^2(\mathbb{R}^d, \mathbb{R})$,

$$\begin{aligned} \phi(X_t) = \phi(X_0) + \int_0^t \sum_{i=1}^d \partial_i \phi(X_s) b(X_s) ds + \sum_{j=1}^N \int_0^t \sum_{i=1}^d \partial_i \phi(X_s) \sigma_{i,j}(X_s) dB_s^j \\ + \frac{1}{2} \int_0^t \sum_{j_1, j_2=1}^d (\sigma \sigma^T)_{j_1, j_2}(X_s) \partial_{j_1, j_2}^2 \phi(X_s) ds \end{aligned}$$

Enfin, on définit un opérateur particulier, le *générateur infinitésimal* :

Définition 2.3. Si X est comme dans la proposition ci-dessus, on définit le générateur associé à X pour toute fonction ϕ suffisamment régulière par :

$$L\phi(u) = \sum_{i=1}^d \partial_i \phi(u) b(u) + \frac{1}{2} \sum_{j_1, j_2=1}^d (\sigma \sigma^T)_{j_1, j_2}(u) \partial_{j_1, j_2}^2 \phi(u)$$

2.2.2 Mesures invariantes et réversibles

Définition 2.4. La probabilité sur \mathbb{R} μ est invariante, ou stationnaire, pour le processus stochastique à valeurs réelles (X_t) si le fait que X_0 suive la loi μ implique pour tout t positif, μ est la loi de X_t , ou, de manière équivalente, si pour tout entier k , pour tout réel positif τ , les processus $(X_{t_1}, \dots, X_{t_k})_{t_1, \dots, t_k}$ et $(X_{t_1+\tau}, \dots, X_{t_k+\tau})_{t_1, \dots, t_k}$ ont même loi sous \mathbb{P}_μ (autrement dit, avec loi initiale μ).

Proposition 2.5. Si L est le générateur infinitésimal associé à un processus stochastique, μ est une probabilité invariante pour ce processus si et seulement si pour toute fonction f dans le domaine de définition de L ,

$$\int Lf d\mu = 0.$$

Définition 2.6. La mesure μ est invariante pour le processus stochastique (X_t) de générateur infinitésimal L si pour toute fonction f dans le domaine de définition de L ,

$$\int Lf d\mu = 0.$$

Exemple 1. La mesure de Lebesgue est invariante pour le mouvement brownien.

En effet, le générateur d'un mouvement brownien standard est $L = \frac{1}{2} \Delta$ et, par intégration par parties, pour f bornée de classe \mathcal{C}^2 , $\int \Delta_x f(x) dx = 0$.

Définition 2.7. La probabilité μ est réversible, ou symétrique, pour le processus stochastique (X_t) si pour tout entier k , pour tout réel positif τ , les processus $(X_{t_1}, \dots, X_{t_k})_{t_1, \dots, t_k}$ et $(X_{\tau-t_1}, \dots, X_{\tau-t_k})_{t_1, \dots, t_k}$ ont même loi sous \mathbb{P}_μ sur l'intersection de leur domaine de définition.

Proposition 2.8. Si L est le générateur infinitésimal associé à un processus stochastique, μ est une probabilité réversible pour ce processus si et seulement si pour toutes fonctions f et g dans le domaine de définition de L ,

$$\int fLg d\mu = \int gLf d\mu.$$

Définition 2.9. La mesure μ sur \mathbb{R} est réversible pour le processus stochastique (X_t) de générateur infinitésimal L si pour toute fonction f dans le domaine de définition de L ,

$$\int fLg d\mu = \int gLf d\mu.$$

Proposition 2.10. Une mesure réversible est invariante.

Proposition 2.11. S'il existe une probabilité invariante μ , elle est unique, et de plus, en notant P_t le semi-groupe du processus considéré, pour tout x , $P_t(x, \cdot)$ converge vers μ quand t tend vers l'infini.

2.2.3 Fonctions de Lyapunov

Définition 2.12. Une fonction strictement positive V de \mathbb{R}^d dans \mathbb{R} est une fonction de Lyapunov pour le système associé au générateur infinitésimal L s'il existe $K \geq 0$ tel que, en dehors d'un certain compact, $LV \leq -KV$.

Le théorème qui suit, un cas particulier d'un résultat présenté dans [2] et [5] (par exemple, théorème 1.2 de [2]), permet de relier existence d'une fonction de Lyapunov et vitesse de convergence du processus vers sa probabilité invariante.

Théorème 2.13. Si V est une fonction de Lyapunov pour le générateur L sur $B(0, R)^c$, bornée sur $B(0, R)$, et si de plus le processus est irréductible, alors, en notant (P_t) le semi-groupe et μ la mesure invariante, pour tout point x , $P_t(x, \cdot)$ converge exponentiellement vers μ pour la norme en variation totale.

2.3 Quelques résultats

On effectue une division du modèle en deux parties :

- une partie macroscopique, représentée par le centre de masse du système, (x_c, v_c) ;
- une partie microscopique, décrivant les fluctuations relatives, avec pour tout i ,

$$\begin{cases} \hat{x}_i &= x_i - x_c \\ \hat{v}_i &= v_i - v_c. \end{cases} \quad (3)$$

2.3.1 Taux de communication constant

On suppose ici que $\psi = 1$.

Il est possible d'obtenir des expressions explicites des vitesses et des positions :

Proposition 2.14. ([6], proposition 3.1) Pour tout t positif,

$$v_c(t) = v_c(0) + \frac{\sqrt{D}}{N} \sum_{i=1}^N W_i(t),$$

$$x_c(t) = x_c(0) + tv_c(0) + \frac{\sqrt{D}}{N} \sum_{i=1}^N \int_0^t W_i(s) ds.$$

Pour tout $i \in \{1, \dots, N\}$,

$$\hat{v}_i(t) = e^{-\lambda t} \hat{v}_i(0) + \int_0^t e^{-\lambda(t-s)} \left[\sqrt{D} \left(1 - \frac{1}{N} \right) dW_i(s) - \frac{\sqrt{D}}{N} \sum_{j \neq i} dW_j(s) \right].$$

Remarque 1. L'expression de \hat{x}_i s'obtient simplement en prenant l'intégrale de l'expression de \hat{v}_i donnée ci-dessus.

A partir de ce point, tous les résultats de cette section proviennent de mon rapport de stage, qui se trouve à la section 3.3.3 du présent mémoire.

On pose

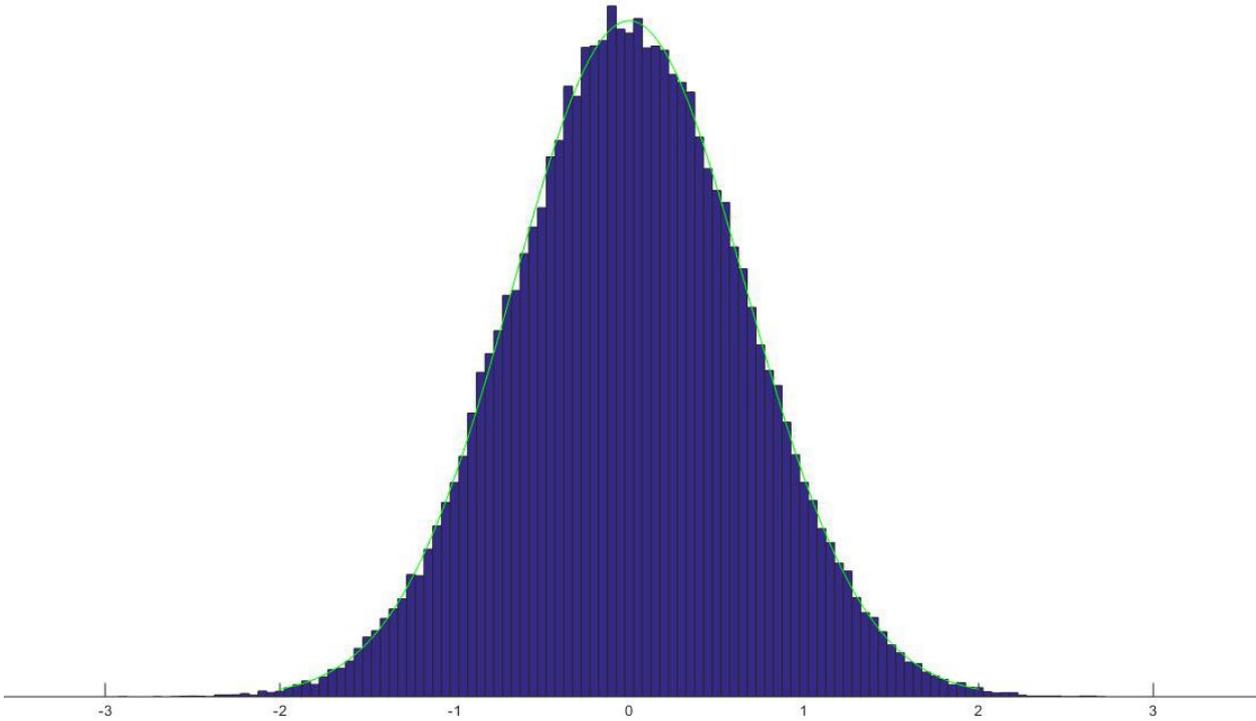
$$\Pi_N^d = \begin{pmatrix} (1 - \frac{1}{N})I_d & -\frac{1}{N}I_d & \cdots & -\frac{1}{N}I_d \\ -\frac{1}{N}I_d & (1 - \frac{1}{N})I_d & \cdots & -\frac{1}{N}I_d \\ \vdots & \ddots & \ddots & \vdots \\ -\frac{1}{N}I_d & -\frac{1}{N}I_d & \cdots & (1 - \frac{1}{N})I_d \end{pmatrix}.$$

Soient γ la mesure de Lebesgue sur \mathbb{R}^d et μ la distribution normale $\mathcal{N}\left(0, \frac{D}{2\lambda}\Pi_N^d\right)$.

Proposition 2.15 (3.3.3, propositions 5 et 6). *La mesure μ est réversible pour \hat{v} .*

Proposition 2.16 (3.3.3, proposition 7). *Le couple (\hat{x}, \hat{v}) admet $\gamma \otimes \mu$ comme mesure invariante.*

Un histogramme de la mesure asymptotique empirique illustre la convergence de \hat{v}_i , pour i quelconque, vers $\mathcal{N}\left(0, \frac{D}{2\lambda}\left(1 - \frac{1}{N}\right)\right)$.



Document 1 – Distribution empirique à l’instant $t = 1000$ pour une des $N = 9$ particules évoluant en dimension $d = 1$, avec les paramètres $\lambda = 0,01$ et $D = 0,01$, pour des conditions initiales nulles, un pas d’itération $h = 0.5$ et 1000 réalisations. En vert, la loi asymptotique théorique.

Asymptotiquement, la position microscopique suit une sorte de théorème de la limite centrale (3.3.3, proposition 8)

$$\frac{1}{\sqrt{t}} \hat{x}_t \xrightarrow[t \rightarrow \infty]{} \mathcal{LN}\left(0, \Sigma_N^d\right)$$

où $\hat{x} = (\hat{x}_1, \dots, \hat{x}_N)$.

Par conséquent, il est inutile d'espérer montrer que les écarts entre les positions des particules sont bornées au cours du temps.

Retournons vers le système global.

Proposition 2.17 (3.3.3, proposition 12). *La mesure ν de densité*

$$d\nu(v) = \exp\left(-\frac{\lambda}{D} \sum_{\alpha=1}^d \sum_{i=1}^N (v_i^\alpha - \sum_{j=1}^N v_j^\alpha)^2\right) dv$$

est réversible pour la vitesse globale v .

Il existe une mesure invariante pour le système microscopique, et en particulier une probabilité invariante pour les vitesses microscopiques; en revanche, les vitesses globales admettent une mesure invariante qui n'est pas une probabilité (voir proposition 2.17).

Par ailleurs, comme vu ci-dessus, les positions microscopiques explosent en \sqrt{t} .

Nous allons donc chercher un modèle proche du SCS pour lequel les écarts de positions resteront bornés et où l'on constatera une convergence vers un état d'équilibre.

2.3.2 Ajout d'un terme de position

On introduit β un paramètre positif représentant l'intensité de nouvelle interaction. Le système ici étudié est alors :

$$\begin{cases} dx_i &= v_i dt \\ dv_i &= -\frac{\lambda}{N} \sum_{j=1}^N (v_i - v_j) dt - \frac{\beta}{N} \sum_{j=1}^N (x_i - x_j) dt + \sqrt{D} dW_i. \end{cases} \quad (4)$$

Comme dans la section précédente, nous effectuons un découpage entre parties macroscopique et microscopique. L'expression de (x_c, v_c) reste en tout point identique à celle du modèle SCS classique.

En revanche, le système microscopique est modifié :

$$\begin{cases} d\hat{x}_i &= \hat{v}_i dt \\ d\hat{v}_i &= -\lambda \hat{v}_i dt - \beta \hat{x}_i dt + \sqrt{D} dW_i - \frac{\sqrt{D}}{N} \sum_{j=1}^N dW_j. \end{cases} \quad (5)$$

Proposition 2.18 (3.3.3, proposition 15). *La mesure μ définie par*

$$d\mu(x, v) = \exp\left(-\frac{\lambda}{D} \left[\sum_{i,\alpha} (v_i^\alpha - \frac{1}{N} \sum_j v_j^\alpha)^2 + \beta \sum_{i,\alpha} (x_i^\alpha - \frac{1}{N} \sum_j x_j^\alpha)^2 \right]\right) dx dv$$

est invariante pour le système global (4).

Proposition 2.19 (3.3.3, proposition 17). *La mesure $\hat{\mu}$ de densité*

$$d\hat{\mu}(\hat{x}, \hat{v}) = \exp\left(-\frac{\lambda}{D} \left[\sum_{i=1}^{N-1} \hat{v}_i^2 + \left(\sum_{i=1}^{N-1} \hat{v}_i\right)^2 + \beta \sum_{i=1}^{N-1} \hat{x}_i^2 + \beta \left(\sum_{i=1}^{N-1} \hat{x}_i\right)^2 \right]\right) \delta_{\sum \hat{x}_i=0} \delta_{\sum \hat{v}_i=0} d\hat{x} d\hat{v}$$

est invariante pour (5).

Proposition 2.20 (3.3.3, proposition 19). *Si $\lambda^2 \geq 2\beta$, la fonction V_2 définie par*

$$V_2(x, v) = \exp\left(\frac{1}{2D}\left(\sum_i (\beta\lambda x_i^2 + 2\beta x_i v_i + \lambda v_i^2)\right)\right)$$

est une fonction de Lyapunov pour le système microscopique

$$\begin{cases} d\hat{x}_i &= \hat{v}_i dt \\ d\hat{v}_i &= -\lambda\hat{v}_i dt - \beta\hat{x}_i dt + \sqrt{D}dW_i - \frac{\sqrt{D}}{N} \sum_{j=1}^N dW_j. \end{cases}$$

La proposition ci-dessus et le théorème 2.13 permettent de conclure à la convergence exponentielle du semi-groupe vers la mesure invariante.

2.4 Perspectives

Hormis quelques résultats invoquant les notions de chaotité et de propagation du chaos, on ne peut pour l'instant dire que peu de choses dans le cas où le taux de communication ψ n'est pas constant ; essayer d'obtenir des informations sur son comportement asymptotique est une des prochaines étapes.

Au-delà, la mise en place d'un modèle plus réaliste, avec des perturbations stochastiques non indépendantes et des particules ne pouvant pas être aussi proches que possible les unes des autres est un des objectifs à plus long terme.

Références

- [1] C. Ané, S. Blachere, D. Chafai, P. Fougères, I. Gentil, F. Malrieu, C. Roberto, and G. Scheffer. *Sur les inégalités de Sobolev logarithmiques*. Société mathématique de France, 2000.
- [2] D. Bakry, P. Cattiaux, and A. Guillin. Rate of convergence for ergodic Markov processes : Lyapunov versus Poincaré. *Journal of Functional Analysis*, 254 :727–59, 2008.
- [3] F. Cucker and S. Smale. Emergent Behavior in Flocks. *IEEE Transactions on Automat Control*, 52(5) :852–61, 2007.
- [4] F. Cucker and S. Smale. On the mathematics of emergence. *Japanese Journal of Mathematics*, 2 :197–227, 2007.
- [5] D. Down, S. Meyn, and R. Tweedie. Exponential and uniform ergodicity of Markov processes. *The Annals of Probability*, 23(4) :1671–91, 1995.
- [6] S-Y. Ha, K. Lee, and D. Levy. Emergence of time-asymptotic flocking in a stochastic Cucker-Smale system. *Communications in Mathematical Sciences*, 7(2) :453–69, 2009.
- [7] S. Meleard. *Modeles aléatoires en Ecologie et Evolution (projet de livre)*.

3 Travaux réalisés au cours du Magistère

3.1 Première année de Magistère - L3 MFA (2010-2011)

Ayant suivi l'option informatique théorique en S6, je n'avais pas de projet à réaliser.

3.1.1 Rapport de stage de L3

Nous entamons cette section avec un stage de trois semaines effectué au Laboratoire de Génétique Cellulaire de l'INRA de Toulouse, sous la direction de Magali San Cristobal, durant les mois de mai et juin 2011.

Je n'ai malheureusement pas retrouvé la version définitive du rapport et la version présentée ici était très provisoire.

Remerciements :

Je tiens à remercier toutes les personnes avec qui j'ai eu l'occasion d'échanger lors de mon bref séjour au Laboratoire de génétique Cellulaire de l'INRA à Toulouse, pour leur gentillesse, leur bonne humeur, même lorsque la météo laissait à désirer, et leur simplicité. Je remercie particulier Mme Magali San Cristobal, chef de l'équipe Biomaths du suscité laboratoire qui m'a encadrée durant mon stage.

Sommaire :

Introduction

I- L'INRA

I-1- L'INRA, un institut national

I-2- de recherche agronomique

I-3- Le centre de recherche de Toulouse

II- Les maths au sein du LGC

II-1- Les différentes équipes du LGC

II-2- L'équipe de Biomaths

II-3- La recherche aujourd'hui

Conclusion

Bibliographie

Du 30 mai au 20 juin 2011, j'ai eu la chance d'effectuer un stage au Laboratoire de Génétique Cellulaire de l'INRA à Toulouse, au cours duquel j'ai eu la possibilité d'appréhender le fonctionnement de cette institution, ainsi que de me rendre compte du quotidien des chercheurs d'aujourd'hui, devant une paillasse de laboratoire, ou devant un écran d'ordinateur, selon leur spécialité, allant fréquemment de réunions en conférences, de présentations de thèses à préparation d'exposés avec des étudiants de la faculté voisine.

Ici, nous allons nous intéresser à la structure de l'INRA, avant de nous tourner vers l'intégration des mathématiques à la recherche au LGC.

I- L'INRA

I-1- L'INRA, un institut national

L'INRA, ou Institut National de la Recherche Agronomique, a été fondé en 1946, dans le cadre d'un vaste plan de reconstruction nationale, afin de moderniser une agriculture française dépassée et laissée exsangue par le second conflit mondial et ses conséquences. L'objectif de la création d'un tel établissement était d'utiliser les travaux scientifiques pour augmenter la productivité, en passant par des améliorations des outils et machines agricoles ainsi que par une sélection génétique des plantes et animaux utilisés.

Cette volonté aboutira, par exemple, à la mise au point du blé *Etoile de Choisy*, une espèce à la rentabilité accrue par rapport à celles auparavant employées, ou à l'apparition de la *poule Vedette*, à besoins alimentaires restreints.

D'un point de vue juridique et administratif, l'INRA, qui dépend de, et est essentiellement financé par, deux ministères, ceux de la Recherche et de l'Agriculture, est un établissement public.

Au fil du temps, l'INRA s'est développée sur tout le territoire français, pour être aujourd'hui présent dans presque toutes les régions administratives de métropole - on trouve, entre autres, des centres de recherche à Angers, Avignon, Bordeaux, Clermont-Ferrand, Corte, Lille, Montpellier, Nancy, Nantes, Orléans, et bien sûr en région parisienne, notamment à Jouy-en-Josas - mais également en Outre-Mer - principalement en Guadeloupe et en Guyane. Chacun des vingt centres a une orientation spécifique et des domaines de recherche orientés selon les spécificités locales. Ainsi, le centre de recherche alsacien se focalise largement sur la vigne et le vin, quand l'établissement toulousain accorde une large place au canard, tandis qu'à Bordeaux, l'accent est mis, en partie au moins, sur la gestion des bois et la nutrition des poissons.

Les ramifications sont ainsi nombreuses à l'intérieur du territoire national, mais elles sont également vivaces à l'extérieur avec de nombreux partenaires internationaux, européens, africains, asiatiques ou américains, selon les centres et leurs spécialités, notamment par le biais de l'Espace Européen de la Recherche.

I-2-de recherche agronomique

Possédant le statut d'Etablissement Public à caractère Scientifique et Technologique, au même titre que l'INRIA et le CNRS, l'INRA oeuvre pour la valorisation de la recherche actuelle et une diffusion plus large des résultats et des connaissances scientifiques.

L'INRA est aujourd'hui un acteur majeur de la recherche française et internationale : c'est le deuxième institut de recherche publique française derrière le CNRS, le Centre National de la Recherche Scientifique, dont le champ d'action est bien plus diversifié. L'INRA est également considéré comme le plus important centre de recherche européen ayant trait à l'agriculture, et en termes de publications se rapportant aux sciences agricoles, il s'agit du deuxième centre mondial.

Répartis sur les vingt centres, l'INRA abrite plus de huit mille scientifiques, ingénieurs ou techniciens, et presque 2000 doctorants, et est un des instituts dont les publications sont les plus cités à travers le globe.

Les actions de l'organisme se coordonnent autour de trois thèmes majeurs, l'agriculture, l'alimentation et l'environnement, prenant ainsi pied aussi bien dans les sciences de la vie, sciences de la terre et sciences sociales, éclatés en quatorze départements scientifiques. L'écologie des forêts, l'alimentation humaine, la microbiologie, la santé animale, l'amélioration des plantes, l'optimisation des systèmes d'élevage ou la génétique animale ne sont que certains champs de recherche explorés par les chercheurs de l'INRA.

Depuis la création de l'institut, au lendemain de la seconde guerre mondiale, de nombreux résultats ont été obtenus. Outre ceux cités plus tôt, mentionnons les variétés de pomme maintenant fréquemment rencontrées, *Ariane* et *Chantecler*, ainsi que la race de lapin *Orylag*. Mais bien sûr, d'autres progrès, moins immédiatement visibles ont été effectués, à l'instar du développement de techniques de cuisson innovantes, permettant la confection de nouveaux produits, de procédés de dépollution, ou encore du séquençage de génomes, notamment végétaux.

Aujourd'hui les défis à relever restent colossaux : le processus actuel d'évolution de l'alimentation des individus, l'inquiétante diminution de la biodiversité, le développement de la chimie verte, ou encore la lutte contre de nouvelles formes de maladies, à l'instar de celles véhiculées par la bactérie *Escherichia Coli*, sont autant de thèmes qui préoccupent les chercheurs de l'INRA, sans oublier les recherches sur l'eau douce dont la quantité disponible va en se raréfiant ou la dégradation progressive du sol, du fait des activités humaines.

I-3- Le centre de recherche de Toulouse

Réparti sur dix sites en région Midi-Pyrénées, majoritairement dans les environs immédiats de Toulouse, le *centre INRA Toulouse Midi-Pyrénées* regroupe plus de 500 personnes, réparties en 20 unités de recherche (dont 14 dépendent également d'un autre établissement de recherche ou d'enseignement de la région), 5 unités expérimentales et une unité d'appui à la recherche.

L'INRA est implantée dans la ville rose depuis 1951, avec la création de la *Station d'Agronomie et de Technologie Végétale*, et c'est en 1970 que fut construit le site d'Auzeville, le plus conséquent du centre.

Les travaux effectués s'articulent autour de cinq axes majeurs : *Génome et amélioration des productions*, *Sécurité sanitaire des aliments*, *Transformation des produits*, *Environnement, territoire et société* et *Économie de l'environnement et des marchés*.

L'appellation *Génome et amélioration des productions* regroupe l'étude des génomes animaux, végétaux, et ceux de micro-organismes. En particulier, les génomes de la poule et du porc sont cartographiés et analysés, souvent via l'outil informatique. D'autre part, les recherches axées sur la *Sécurité Sanitaire des Aliments* s'intéressent aux bactéries et autres agents responsables de contamination alimentaire. Le pôle *Transformation des produits agricoles* étudie les utilisations possibles de la biomasse végétale en vue de l'utiliser afin d'obtenir de l'énergie et les possibilités de transformation des lipides végétaux en détergents, par exemple. Quant à l'axe *Environnement, territoire et société*, il se focalise sur les relations entre les différents acteurs (agriculteurs, forestiers ou autres) et l'environnement, particulièrement au niveau des sols agricoles et les conséquences que peut y avoir l'agriculture extensive. Enfin *Économie de l'environnement et des marchés* se concentre sur le problème d'approvisionnement en eau potable, les conséquences du réchauffement climatique, les mécanismes agricoles engendrés par la PAC (la Politique Agricole Commune) et les demandes des grandes surfaces, ou encore le développement du milieu rural via l'agriculture.

II- Les maths au sein du LGC

II-1- Les différentes équipes du LGC

Parmi les 20 unités de recherche du centre INRA de Toulouse, et situé sur le site d'Auzeville, se trouve le LGC, ou Laboratoire de Génétique Cellulaire. Sous la co-tutelle de l'INRA et de l'ENVT (l'École Nationale Vétérinaire de Toulouse), il fait partie des 14 unités mixtes du centre. Une cinquantaine de personnes y travaillent, répartis en cinq unités de recherche : *Cytogénétique*, *Génétique Porcine*, *GDO (Génétique de Différenciation Ovarienne)*, *Génomique Aviaire* et *Biomathématiques*.

L'équipe de *Cytogénétique* travaille sur les génomes d'espèce utilisées dans l'élevage local, notamment bovins et porcins, cherchant les anomalies pouvant survenir dans leur caryotype, et essayant également de localiser les gènes sur les chromosomes, pour arriver à la création de cartes génétiques, en particulier chez le porc. De même que le groupe de *Génétique Porcine*, qui a participé à l'instauration d'une plateforme génomique afin de rendre les recherches plus efficaces, et qui s'intéresse spécialement à la localisation de marqueurs microsatellites chez le porc.

Le repérage et l'étude des gènes impliqués dans la différenciation des cellules germinales sont au centre des travaux du *GDO*, de même que des manipulations (duplication, séquençage, etc) de l'ADN, sans oublier l'étude de la croissance musculaire sur le porc (et son lien avec la subséquente tendreté de la viande)

L'équipe de *Génomique Aviaire*, centrée sur l'étude des poules ou autres cailles, se focalise, entre autres, sur la réalisation de cartes génétiques, les études des différentes espèces de poulets, ou sur la localisation de gènes sur les chromosomes par fluorescence.

Parmi les recherches entreprises par le laboratoire certaines ont des visées particulièrement locale, chercher à diminuer à maximum la fonte du foie gras lors de la cuisson par exemple, d'autres sont plus générales, à l'instar de l'étude de certains comportements atypiques de certaines espèces animales.

II-2- L'équipe de Biomaths

La cinquième et dernière équipe du LGC est l'équipe de Biomathématiques et bioinformatique. Ses travaux, qui combinent, comme son nom l'indique, biologie et mathématiques, appliqués à l'outil informatique, analysent les génomes d'animaux d'élevage dans le but d'en déterminer le contenu et la structure. En découle ainsi une étude de la diversité génétique de certaines populations (les différentes races de bovins ou de porcs, par exemple).

Les membres de cette unité s'intéressent aussi à l'évolution des populations (en terme de démographie) au cours du temps, via des modèles mathématiques, tout en s'appuyant sur des logiciels spécifiques (d'où le côté bioinformatique).

Toutefois, une part importante des recherches réalisées est centrée sur les marqueurs, ces séquences d'ADN à forte variabilité qui permettent de caractériser le génome d'un individu, comme le montre la thèse de M. Guillaume Laval, intitulée *Éléments de choix des marqueurs et des méthodes dans l'analyse de la diversité génétique intra-spécifique : cas des races animales domestiques*, qui m'a été présentée comme exemple des travaux du laboratoire, et en particulier de l'unité de biomathématiques.

Le but est d'exprimer des "distances génétiques", entre espèces ou entre générations différentes au sein d'une même espèce, distances génétiques qui permettront d'estimer la diversité génétique entre différentes espèces ou différentes générations. Durant la majorité de l'étude, la dérive génétique, c'est-à-dire le fait que les groupes d'individus évoluent de manière imprévisible car aléatoire, qui est considérée comme le facteur principal de différenciation des populations.

Plusieurs modèles sont alors considérés, chacun d'eux aboutissant à l'élaboration d'une ou plusieurs distances, dépendant de nombreux paramètres, tels le nombre d'individus de la population, les fréquences alléliques des gènes considérés mais aussi nombre de probabilités, à l'instar de celle qu'un individu choisi aléatoirement dans une génération donnée transmette un gène donné à la génération suivante (dans le cas d'une étude intra-spécifique, et donc inter-générationnelle), ou la probabilité d'hétérozygotie à un locus fixé (essentiellement dans le cas d'une étude inter-spécifique). Le processus amenant à la mise en place de ces distances fait fréquemment intervenir l'espérance et les moments successifs de diverses variables, comme le nombre de gènes parmi un échantillon considéré portant un certain allèle. En outre, les résultats obtenus sont évalués, entre autres, via des écarts-type.

Ainsi la théorie de la mesure, et plus particulièrement les probabilités jouent un rôle majeur dans la réalisation de telles études.

Les distributions, et en particulier la distribution de Dirichlet, apparaissent également de manière récurrente, et les statistiques, via les biais et les estimateurs, sont omniprésentes dans la mise en place des modèles.

A l'instar de cet exemple, probabilités et statistiques forment l'essentiel de la base des mathématiques, parfois très appliquées, utilisées dans l'équipe de biomaths.

II-3- La recherche aujourd'hui

Les chercheurs sont aujourd'hui reconnus et jugés principalement sur la qualité, voire la quantité d'articles qu'ils publient, et dans lesquels ils présentent leurs recherches et les résultats qu'ils ont éventuellement obtenus. Les revues scientifiques, très majoritairement de langue anglaise, jouent ainsi un rôle majeur dans la vie scientifique, tout en permettant un échange entre chercheurs du monde entier. Parmi les plus réputées dans le domaine ici considéré, citons *Nature*, *Science*, *Genetics*, *Proceedings of the Royal Society* ou encore *Journal of Molecular Biology*.

Se basant sur leurs propres investigations mais aussi sur ceux de leurs collègues autour du globe, les chercheurs sont très fréquemment amenés à citer d'autres articles, parus dans d'autres revues et écrits par d'autres personnes, ce qui entraîne la mise en place d'une bibliographie avec un système de référence très codifié, faisant entre autres référence aux noms des contributeurs de l'article en question, à son année de publication, le volume et les pages de la revue dans lequel il apparaît ainsi qu'un *abstract* ou résumé fourni par les rédacteurs de l'article. La bibliographie d'un chercheur, souvent référencée via un logiciel informatique adapté contient fréquemment plusieurs centaines d'entrées.

D'autre part, les articles soumis à publication sont envoyés à d'autres chercheurs, complètement indépendants des rédacteurs qui vont de manière plus ou moins anonymes donner leur impression sur l'article, au niveau du fond et de la forme, de l'intérêt de son contenu scientifique aussi bien que de sa lisibilité, et le cas échéant suggérer d'éventuelles possibilités de correction et d'amélioration avant que l'article concerné ne puisse paraître.

A titre d'exemple, considérons l'article intitulé *The distribution of coalescence times and distances between microsatellite alleles with changing effective population size* rédigés par Claude Chevalet et Natacha Nikolic, membres du LGC de l'INRA Toulouse et publié en 2010 dans la revue *Theoretical Population Biology*. Cet article, qui étudie l'influence de changements de taille d'une population dans le passé sur la diversité allélique actuelle à un locus donné, utilise la théorie des probabilités, les statistiques et les distributions, parmi d'autres, tout en se basant sur la théorie de la coalescence (on dit que deux populations sont coalescentes si elles possèdent un ancêtre commun) qui est elle-même très liée aux modèles probabilistes afin de prévoir l'évolution passée, présente ou future des populations étudiées.

Conclusion.

Bibliographie :

Sites internet :

- <http://www.inra.fr> (*INRA*)
- <http://www.toulouse.inra.fr> (*INRA Toulouse*)
- <http://www-lgc.toulouse.inra.fr/internet/> (*LGC INRA Toulouse*)
- http://en.wikipedia.org/wiki/Dirichlet_distribution (*Distribution de Dirichlet*)
- <http://people.math.jussieu.fr/~lerner/realanalysis.lerner.pdf> (*Introduction à la coalescence, Guillaume Achaz, février 2009*)
- <http://people.math.jussieu.fr/~lerner/realanalysis.lerner.pdf> (*Introduction to the theory of Distributions*)

Article de périodique :

- *The distribution of coalescence times and distances between microsatellite alleles with changing effective population size*, Claude Chevalet et Natacha Nikolic, *Theoretical Population Biology*, 2010.

Thèse :

- *Éléments de choix des marqueurs et des méthodes dans l'analyse de la diversité génétique intra-spécifique : cas des races animales domestiques*, Guillaume Laval.

3.2 Deuxième année de Magistère - M1 MFA (2011-2012)

3.2.1 TER : Modélisation stochastique de réactions biochimiques

Le rapport ci-dessous a été réalisé lors du second semestre de M1, sous la supervision de Sophie Lemaire. Il s'agit principalement de l'étude d'un article faisant apparaître des processus markoviens de sauts, et de la simulation des modèles présentés dans l'article.

MODÉLISATION STOCHASTIQUE DE RÉACTIONS BIOCHIMIQUES
TER M1 MFA février - juin 2012
Laure Pédèches

Nous nous intéressons ici à l'article *Markovian Modelling of Gene Product Synthesis* de Jean Peccoud et Bernard Ycart, publié en 1995 dans la revue *Theoretical Population Biology* (voir [5]). Cet article est consacré à l'évolution de la quantité de protéines présentes dans une cellule au cours du temps, qui y est modélisée à l'aide de la théorie des chaînes de Markov à temps continu.

Les auteurs de l'article cherchent à modéliser le processus d'induction d'un gène, un procédé de régulation génique. Le gène considéré peut être ou non actif, et est activé ou désactivé sous l'action de signaux externes. Il devient actif si des agents désactivent les répresseurs qui le rendaient jusque là inerte.

Une fois le gène actif, la synthèse de la protéine codée par le gène peut commencer.

Précisons afin d'éviter toute ambiguïté que l'on ne considère qu'un seul type de protéine, codée par le gène étudié, que l'expression "les protéines" désigne dans la suite les molécules de cette protéine particulière.

Dans le modèle choisi, on considère trois variables, une qui peut prendre les valeurs 0 ou 1 et témoigne de l'activité, ou de l'absence d'activité, du gène, une deuxième variable représentant le nombre de protéines présentes à l'instant considéré. La troisième variable est le temps t , continu dans l'ensemble des réels positifs.

La modélisation prend en compte les changements d'état du gène, la synthèse des protéines en période d'activité, et leur dégradation aléatoire.

Il est considéré que la durée d'activité du gène suit une loi exponentielle de paramètre μ , et sa durée d'inactivité une loi exponentielle de paramètre λ .

En outre, la loi de dégradation de chacune des protéines est également exponentielle, de paramètre δ , et quel que soit le nombre de protéines présentes, la durée entre la synthèse de deux protéines successives est régie par une loi exponentielle de paramètre ν , en période d'activité du gène.

Contrairement à d'autres modèles précédemment utilisés pour ce type de travaux, ce modèle est à temps continu et non discret, ce qui augmente son réalisme. De plus, la dégradation des protéines est prise en compte ainsi que le caractère aléatoire du début de la transcription du gène (qui est la première étape du processus de synthèse d'une protéine).

Néanmoins, plusieurs hypothèses sont faites, notamment l'indépendance des durées de vie des protéines, et la synthèse des protéines est supposée indépendante du nombre de protéines déjà présentes dans la cellule.

Dans un premier temps, on introduira les notions et résultats nécessaires à une étude détaillée de cette modélisation, que l'on décomposera ensuite afin d'en appréhender les différents aspects. Suivront des simulations informatiques de diverses parties du modèle, et pour finir on s'intéressera à l'article proprement dit, et aux similitudes entre les résultats qui y sont donnés et ceux que nous aurons auparavant établis.

Table des matières

1	Processus markoviens de saut et propriétés	4
1.1	Chaînes de Markov à temps continu	4
1.2	Explosion et autre vision du générateur	6
1.3	Équation <i>backward</i> de Kolmogorov	8
1.4	Probabilité invariante et convergence	10
2	Décomposition et étude de la modélisation	11
2.1	Évolution de l'état du gène	11
2.1.1	Modèle choisi dans l'article	11
2.1.2	Construction équivalente	11
2.1.3	Loi de l'état du gène à un instant donné	12
2.2	Étude du processus de dégradation des protéines	13
2.3	Étude du processus de synthèse/dégradation des protéines	16
3	Simulations et étude du processus global	20
3.1	Simulations autour de l'état du gène	20
3.2	Simulations sur l'évolution du modèle en période d'activité	23
3.3	Simulations dans le cas général	25
4	Résultats obtenus dans l'article	29

1 Processus markoviens de saut et propriétés

1.1 Chaînes de Markov à temps continu

Les résultats et définitions énoncés dans cette sous-section proviennent majoritairement de [3].

Définition 1. Un processus $(X_t)_{t \in \mathbb{R}_+}$ à valeurs dans un espace dénombrable E est appelé **processus markovien de sauts**, ou **chaîne de Markov en temps continu**, si pour tout $n \in \mathbb{N}$, pour tous $0 \leq t_1 \leq t_2 \leq \dots \leq t_n \leq t_{n+1}$, $\mathbb{P}(X_{t_{n+1}} = x_{n+1} | X_{t_1} = x_1, \dots, X_{t_n} = x_n) = \mathbb{P}(X_{t_{n+1}} = x_{n+1} | X_{t_n} = x_n)$ et si pour tout ω , les applications $t \mapsto X_t(\omega)$ sont continues.

On appelle **semi-groupe de transition** associé au processus de Markov (X_t) la famille $(P_t)_{t \in \mathbb{R}_+}$ définie pour tout $t \in \mathbb{R}_+$ par $P_t = (p_{ij}(t))_{i,j \in E}$ où pour tous i, j éléments de E , $p_{ij}(t) = \mathbb{P}(X_{t+s} = j | X_s = i)$, avec $s \in \mathbb{R}_+$.

Remarque 1. On a $P_0 = I$ où I est la "matrice identité", id est $I_{ij} = \delta_{ij}$ pour tous $i, j \in E$.

Exemple 1. si (U_n) est une chaîne de Markov sur un espace dénombrable E , de matrice de transition P indépendante d'un processus de Poisson (M_t) de paramètre α , alors $(V_t)_{t \in \mathbb{R}_+} = (U_{M_t})_{t \in \mathbb{R}_+}$ est une chaîne de Markov à temps continu de semi-groupe de transition (P_t) défini pour tous $i, j \in E$ par $P_t(i, j) = \sum_{k \in \mathbb{N}} e^{-\alpha t} \frac{(\alpha t)^k P^k(i, j)}{k!}$.

Démonstration. (Voir [2])

En effet, pour tout $n \in \mathbb{N}$, pour tous $0 \leq t_1 \leq t_2 \leq \dots \leq t_n \leq t_{n+1}$,

$$\begin{aligned} \mathbb{P}(V_0 = x_0, \dots, V_{t_n} = x_n) &= \sum_{i_1, \dots, i_n} \mathbb{P}(M_{t_1} = i_1, \dots, M_{t_n} = i_n, U_0 = x_0, \dots, U_{i_n} = x_n) \\ &= \sum_{i_1, \dots, i_n} \mathbb{P}(M_{t_1} = i_1, M_{t_2} - M_{t_1} = i_2 - i_1, \dots, M_{t_n} - M_{t_{n-1}} = i_n - i_{n-1}) \\ &\quad \mathbb{P}(U_0 = x_0, \dots, U_{i_n} = x_n) \\ &= \sum_{i_1, \dots, i_n} e^{-\alpha t_1} \frac{(\alpha t_1)^{i_1}}{i_1!} \dots e^{-\alpha(t_n - t_{n-1})} \frac{(\alpha(t_n - t_{n-1}))^{i_n - i_{n-1}}}{(i_n - i_{n-1})!} \\ &\quad \mathbb{P}(U_0 = x_0) P^{i_1}(x_0, x_1) P^{i_2 - i_1}(x_1, x_2) \dots P^{i_n - i_{n-1}}(x_{n-1}, x_n) \\ &= \mathbb{P}(U_0 = x_0) \sum_{k \in \mathbb{N}} e^{-\alpha t_1} \frac{(\alpha t_1)^k P^k(x_0, x_1)}{k!} \dots \sum_{k \in \mathbb{N}} e^{-\alpha(t_n - t_{n-1})} \frac{(\alpha(t_n - t_{n-1}))^k P^k(x_{n-1}, x_n)}{k!} \end{aligned}$$

□

Définition 2. On définit $(T_n)_{n \in \mathbb{N}}$ la suite des instants successifs de saut de la chaîne de Markov en temps continu $(X_t)_{t \in \mathbb{R}_+}$ par $T_0 = 0$ et, pour tout $n > 0$, $T_{n+1} = \inf\{t > T_n | X_t \neq X_{T_n}\}$.

Théorème 1. Soit $(X_t)_{t \in \mathbb{R}}$ un processus Markovien de sauts sur E espace fini ou dénombrable.

Notons $Y_i = X_{T_i}$ et posons $Q(i, j) = \mathbb{P}(X_{T_0} = j | X_0 = i)$ et $\lambda(i) = 1/\mathbb{E}_i(T_1)$.

Alors, $(Y_n)_n$ est une chaîne de Markov homogène sur E de matrice de transition Q .

En outre, pour tout n , conditionnellement à $\sigma(Y_0, Y_1, \dots, Y_{n-1})$ les v.a. $T_1, T_2 - T_1, \dots, T_n - T_{n-1}$ sont des variables aléatoires, indépendantes de loi exponentielle de paramètre respectif $\lambda(Y_0), \dots, \lambda(Y_{n-1})$.

Démonstration. On donne ici les idées de la preuve. Pour les détails, se référer à [2].

Les principales étapes de la démonstration sont listées ci-dessous :

1. Les variables aléatoires T_n sont des temps d'arrêt et $T_{n+1} \neq T_n$ pour tout n .
2. On pose $f(t) = \mathbb{P}(T_1 > t | X_0 = i)$. En utilisant la propriété de Markov, on montre que $f(t+s) = f(t)f(s)$ pour tout s, t . On en déduit que soit $T_1 = +\infty$ \mathbb{P}_i -p.s. soit la loi conditionnelle de T_1 sachant $\{X_0 = i\}$ est une variable aléatoire de loi exponentielle de paramètre a_i .
3. On montre que $\mathbb{P}(T_1 > t, Y_1 = j | X_0 = i) = Q(i, j)\mathbb{P}(T_1 > t | X_0 = i)$.
4. On montre que $\mathbb{P}(T_1 > t_1, Y_1 = i_1, \dots, T_{n+1} - T_n > t_{n+1}, Y_{n+1} = i_{n+1} | X_0 = i)$
 $= \mathbb{P}(T_1 > t_1, Y_1 = i_1, \dots, T_n - T_{n-1} > t_n, Y_n = i_n | X_0 = i)Q(i_n, i_{n+1})e^{-\lambda(i_n)t_{n+1}}$
en appliquant la propriété de Markov forte au temps d'arrêt T_n .

Le théorème en découle. □

Définition 3. La chaîne de Markov $(X_{T_n})_{n \in \mathbb{N}}$, de matrice de transition Q , est appelée chaîne des sauts.

Remarque 2. Il découle du théorème ci-dessus que si (X_t) est un tel processus markovien de sauts et si λ ne s'annule pas, alors on peut écrire $X_t = \sum_{n=0}^{\infty} Y_n 1_{[V_n, V_{n+1}[}(t)$ avec $(Y_n)_{n \in \mathbb{N}}$ une chaîne de Markov de matrice de transition Q et $(V_n)_{n \in \mathbb{N}}$ la suite définie par : $V_0 = 0, V_n = \sum_{k=1}^n \frac{U_k}{\lambda(Y_{k-1})}$ pour tout $n \geq 1$ où $(U_n)_{n \in \mathbb{N}}$ est une suite de v.a. indépendantes de loi exponentielle de paramètre 1 et indépendante de $(Y_n)_{n \in \mathbb{N}}$.

Le théorème ci-dessous (en fait une réciproque de la remarque précédente) est un outil important pour montrer qu'un processus est une chaîne de Markov à temps continu.

Théorème 2. Soient $(U_n)_{n \in \mathbb{N}}$ une suite de variables aléatoires indépendantes de loi exponentielle de paramètre 1 et $(Y_n)_{n \in \mathbb{N}}$ une chaîne de Markov homogène sur E de matrice de transition Q sur E indépendante de la suite $(U_n)_{n \in \mathbb{N}}$. Notons Δ un élément qui n'est pas dans E , $V_0 = 0, V_n = \sum_{k=1}^n \frac{U_k}{\lambda(Y_{k-1})}$ pour $n \geq 1$ et $\omega(\Delta) = +\infty$. On définit le processus (X_t) par

$$X_t = \begin{cases} Y_k & \text{si } V_k \leq t < V_{k+1} \\ \Delta & \text{si } t \geq \omega(\Delta) \end{cases}$$

Alors, (X_t) est une chaîne de Markov sur $E \cup \Delta$.

Démonstration. Pour la démonstration complète, voir [1]. □

Proposition 1. : Équation de Chapman-Kolmogorov

Si $(P_t)_{t \in \mathbb{R}_+}$ est un semi-groupe de transition, alors, pour tous réels positifs t et s , $P_{t+s} = P_t P_s$.

Démonstration. Soient $i, j \in E$ et $t, s \in \mathbb{R}_+$.

$$\begin{aligned} p_{ij}(t+s) &= \mathbb{P}(X_{t+s} = j | X_0 = i) \\ &= \sum_{k \in E} \mathbb{P}(X_{t+s} = j | X_t = k) \mathbb{P}(X_t = k | X_0 = i) \\ &= \sum_{k \in E} p_{kj}(s) p_{ik}(t) \end{aligned}$$

ce qui permet de conclure. □

Lemme 1. Étant donné un semi-groupe de transition $(P_t)_{t \in \mathbb{R}_+}$, les quantités $a_{ii} = -\lim_{h \downarrow 0} \frac{1 - p_{ii}(h)}{h}$ et $a_{ij} = \lim_{h \downarrow 0} \frac{p_{ij}(h)}{h}$ pour tous $i, j \in E$ avec $i \neq j$ sont bien définies.

Démonstration. Voir [3] pour la preuve. □

Définition 4. On appelle **générateur** associé au semi-groupe $(P_t)_{t \in \mathbb{R}_+}$ la matrice $A = (a_{ij})_{i, j \in E}$.
Autrement dit, $A = \lim_{h \downarrow 0} \frac{P_h - P_0}{h}$.

Définition 5. Un semi-groupe de transition est dit **stable** si pour tout $i \in E$, a_{ii} est fini ; il est **conservatif** si, pour tout $i \in E$, $a_{ii} = -\sum_{\substack{j \in E \\ j \neq i}} a_{ij}$, et **continu** si $\lim_{h \downarrow 0} P_h = P_0$.

Remarque 3. Etant donné la définition des processus markoviens de sauts, les semi-groupes considérés ici sont supposés continus.

1.2 Explosion et autre vision du générateur

On introduit maintenant la notion d'explosion. Intuitivement, il y a explosion si le processus saute une infinité de fois en un temps fini. Plus formellement, on a la définition suivante.

Définition 6. On dit qu'il y a **explosion** si $\lim_{n \rightarrow \infty} T_n < \infty$ où $(T_n)_{n \in \mathbb{N}^*}$ est la suite des instants de saut de la chaîne de Markov en temps continu $(X_t)_{t \in \mathbb{R}_+}$.

Définition 7. Q étant la matrice de transition de la chaîne de Markov en temps discret $(X_{T_n})_{n \in \mathbb{N}^*}$, on définit la matrice G associée au processus markovien de sauts (X_t) par pour tous i, j dans E ,

$$G(i, j) = \begin{cases} -\frac{1}{\mathbb{E}_i(T_1)} & \text{si } i = j \\ \frac{Q(i, j)}{\mathbb{E}_i(T_1)} & \text{si } i \neq j \end{cases}$$

Théorème 3. Si $(X_t)_{t \in \mathbb{R}_+}$ est un processus markovien de sauts de semi-groupe de transition $(P_t)_{t \in \mathbb{R}_+}$ tel qu'il n'y a pas explosion, A et G les matrices introduites respectivement dans les définitions 4 et 7, alors $A = G$ et le processus est stable et conservatif.

Démonstration. Commençons par montrer que G est le générateur.

Pour ce faire, exprimons pour i, j dans E et t réel positif, $P_t(i, j)$ en fonction de $\mathbb{E}_i(T_1)$ et Q .

$$\begin{aligned} P_t(i, j) &= \mathbb{P}_i(X_t = j) \\ &= \mathbb{P}_i(X_t = j \text{ et } T_1 > t) + \mathbb{P}_i(X_t = j \text{ et } T_1 < t) \end{aligned}$$

Or,

$$\begin{aligned} \mathbb{P}_i(X_t = j \text{ et } T_1 > t) &= \mathbb{P}_i(X_t = j | T_1 > t) \mathbb{P}_i(T_1 > t) \\ &= \delta_{ij} e^{-\mathbb{E}_i(T_1)^{-1}t} \text{ car } T_1 \text{ suit conditionnellement à } X_0 \text{ la loi } \mathcal{E}\left(\frac{1}{\mathbb{E}_{X_0}(T_1)}\right) \end{aligned}$$

Et, en utilisant notamment la propriété de Markov forte, on montre que

$$\mathbb{P}_i(X_t = j \text{ et } T_1 < t) = \frac{1}{\mathbb{E}_i(T_1)} e^{-\mathbb{E}_i(T_1)^{-1}t} \sum_{k \neq i} Q(i, k) \int_0^t e^{\mathbb{E}_i(T_1)^{-1}s} P_s(k, j) ds$$

Ainsi,

$$P_t(i, j) = \delta_{ij} e^{-\mathbb{E}_i(T_1)^{-1}t} + \frac{1}{\mathbb{E}_i(T_1)} e^{-\mathbb{E}_i(T_1)^{-1}t} \sum_{k \neq i} Q(i, k) \int_0^t e^{\mathbb{E}_i(T_1)^{-1}s} P_s(k, j) ds$$

On note au passage que $t \rightarrow P_t(i, j)$ est continue comme primitive d'une fonction bornée.

Par conséquent, pour $i \neq j$, en effectuant le changement de variables $u = \frac{s}{t}$,

$$\frac{P_t(i, j)}{t} = \frac{1}{\mathbb{E}_i(T_1)} e^{-\mathbb{E}_i(T_1)^{-1}t} \sum_{k \neq i} Q(i, k) \int_0^1 e^{\mathbb{E}_i(T_1)^{-1}tu} P_{tu}(k, j) du$$

On peut alors appliquer le théorème de convergence dominée lorsque t tend vers 0 :

$$\begin{aligned} \lim_{t \downarrow 0} \frac{P_t(i, j)}{t} &= \frac{1}{\mathbb{E}_i(T_1)} \sum_{k \neq i} Q(i, k) \int_0^1 P_0(k, j) du \\ &= \frac{1}{\mathbb{E}_i(T_1)} \sum_{k \neq i} Q(i, k) \delta_{kj} \\ &= \frac{1}{\mathbb{E}_i(T_1)} Q(i, j) \end{aligned}$$

De même,

$$\begin{aligned} \lim_{t \downarrow 0} \frac{P_t(i, i) - 1}{t} &= \lim_{t \downarrow 0} \frac{e^{-\mathbb{E}_i(T_1)^{-1}t} - 1}{t} + \frac{1}{\mathbb{E}_i(T_1)} Q(i, i) \\ &= -\frac{1}{\mathbb{E}_i(T_1)} \text{ car } Q(i, i) = 0 \end{aligned}$$

Ainsi, pour tous i, j dans E ,

$$\lim_{t \downarrow 0} \frac{P_t(i, i) - 1}{t} = G(i, i)$$

$$\lim_{t \downarrow 0} \frac{P_t(i, j)}{t} = G(i, j)$$

D'où $G=A$.

Il reste à montrer que le semi-groupe associé est stable et conservatif.

On a $a_{ii} = -\frac{1}{\mathbb{E}_i(T_1)} < +\infty$ car sinon, on aurait $T_1 = 0$ presque sûrement, ce qui est impossible.

En outre,

$$\begin{aligned} \sum_{\substack{j \in E \\ j \neq i}} a_{ij} &= \sum_{\substack{j \in E \\ j \neq i}} \frac{Q(i, j)}{\mathbb{E}_i(T_1)} \\ &= \frac{1 - Q(i, i)}{\mathbb{E}_i(T_1)} \text{ car } Q \text{ est une matrice stochastique.} \\ &= -a_{ii} \text{ car } Q(i, i) = 0. \end{aligned}$$

Ainsi, le processus est stable et conservatif.

Pour les détails de la démonstration voir [2]. □

Voici à présent un critère de non explosion pour les chaînes des Markov à temps continu.

Proposition 2. *Critère de non explosion pour un processus de Markov :*

Etant donnée $(X_t)_{t \in \mathbb{R}_+}$ une chaîne de Markov à temps continu, il n'y a pas explosion si, et seulement si,

$$\sum_{k=1}^{+\infty} \mathbb{E}_{X_{T_k}}(T_1) = \infty \text{ presque sûrement.}$$

Démonstration. Voir [2]. □

1.3 Équation *backward* de Kolmogorov

Théorème 4. *Si le semi-groupe $(P_t)_{t \in \mathbb{R}_+}$ est continu, stable et conservatif, pour tout $t \in \mathbb{R}_+$,* $\frac{dP_t}{dt} = A.P_t$

Démonstration. (Cf. [3])

En utilisant l'équation de Chapman-Kolmogorov, on obtient l'égalité $\frac{P_{t+h} - P_t}{h} = \frac{P_h - I}{h} P_t$.

Lorsqu'il est possible de passer à la limite dans l'égalité, ce qui est le cas lorsque l'espace d'états E est fini par exemple, on obtient directement le résultat.

Dans le cas d'un espace dénombrable, en effectuant le calcul "matriciel" terme à terme, pour tous $i, j \in E$, pour tout $t \in \mathbb{R}_+$,

$$\frac{p_{ij}(t+h) - p_{ij}(t)}{h} = \frac{p_{ii}(h) - 1}{h} p_{ij}(t) + \sum_{\substack{k \in E \\ k \neq i}} \frac{p_{ik}(h)}{h} p_{kj}(t) \quad (1)$$

On va dans un premier temps montrer que la somme ci-dessus a une limite quand h décroît vers 0.

Il est immédiat de noter que pour tout $N \in \mathbb{N}^*$,

$$\sum_{\substack{k=1 \\ k \neq i}}^N \frac{p_{ik}(h)}{h} p_{kj}(t) \leq \sum_{\substack{k \in E \\ k \neq i}} \frac{p_{ik}(h)}{h} p_{kj}(t).$$

Or pour tout $k \in E$, $\frac{p_{ik}(h)}{h} p_{kj}(t)$ tend vers $a_{ik} p_{kj}(t)$ quand h décroît vers 0; donc pour tout $N \in \mathbb{N}^*$,

$$\sum_{\substack{k=1 \\ k \neq i}}^N a_{ik} p_{kj}(t) \leq \liminf_{h \downarrow 0} \sum_{\substack{k \in E \\ k \neq i}} \frac{p_{ik}(h)}{h} p_{kj}(t).$$

Par conséquent,

$$\sum_{\substack{k \in E \\ k \neq i}} a_{ik} p_{kj}(t) \leq \liminf_{h \downarrow 0} \sum_{\substack{k \in E \\ k \neq i}} \frac{p_{ik}(h)}{h} p_{kj}(t).$$

D'autre part, on peut remarquer que si $N > i$,

$$\begin{aligned} \sum_{\substack{k \in E \\ k \neq i}} \frac{p_{ik}(h)}{h} p_{kj}(t) &\leq \sum_{\substack{k=1 \\ k \neq i}}^N \frac{p_{ik}(h)}{h} p_{kj}(t) + \sum_{k > N} \frac{p_{ik}(h)}{h} p_{kj}(t) \\ &= \sum_{\substack{k=1 \\ k \neq i}}^N \frac{p_{ik}(h)}{h} p_{kj}(t) + \frac{1 - p_{ii}(h)}{h} - \sum_{\substack{k=1 \\ k \neq i}}^N \frac{p_{ik}(h)}{h} \text{ car } \sum_k p_{ik}(h) = 1. \end{aligned}$$

De même que précédemment, on peut passer à la limite quand h décroît vers 0, ce qui amène à

$$\limsup_{h \downarrow 0} \sum_{\substack{k \in E \\ k \neq i}} \frac{p_{ik}(h)}{h} p_{kj}(t) \leq \sum_{\substack{k=1 \\ k \neq i}}^N a_{ik}(t) p_{kj}(t) - a_{ii} - \sum_{\substack{k=1 \\ k \neq i}}^N a_{ik}$$

et donc, le semi-groupe étant conservatif on a $a_{ii} = -\sum_{\substack{j \in E \\ j \neq i}} a_{ij}$, on aboutit à

$$\limsup_{h \downarrow 0} \sum_{\substack{k \in E \\ k \neq i}} \frac{p_{ik}(h)}{h} p_{kj}(t) \leq \sum_{\substack{k \in E \\ k \neq i}} a_{ik} p_{kj}(t).$$

Ainsi,

$$\lim_{h \downarrow 0} \sum_{\substack{k \in E \\ k \neq i}} \frac{p_{ik}(h)}{h} p_{kj}(t) = \sum_{\substack{k \in E \\ k \neq i}} a_{ik} p_{kj}(t)$$

Reprenons maintenant l'égalité 1.

En y prenant la limite quand h décroît vers 0, on en déduit que p_{ij} admet en tout t une dérivée à droite qui vaut $\sum_{k \in E} a_{ik} p_{kj}(t)$.

Le semi-groupe étant continu, conservatif (ce qui implique $a_{ii} = -\sum_{\substack{j \in E \\ j \neq i}} a_{ij}$) et stable (ce qui implique $a_{ii} < \infty$,

d'où $\sum_{j \in E} a_{ij} < \infty$), le théorème de convergence dominée permet de conclure à la continuité de la dérivée à droite de p_{ij} , qui est donc la dérivée de p_{ij} .

Ainsi, pour tous i, j éléments de E , pour tout $t \in \mathbb{R}_+$, $\frac{dp_{ij}(t)}{dt} = \sum_{k \in E} a_{ik} p_{kj}(t)$.

Autrement dit,

$$\frac{dP_t}{dt} = AP_t$$

□

1.4 Probabilité invariante et convergence

Définition 8. Une mesure de probabilités m est dite invariante pour le processus $(X_t)_{t \in \mathbb{R}_+}$ de semi-groupe $(P_t)_{t \in \mathbb{R}_+}$ si, pour tout t , $m = mP_t$.

Définition 9. Le processus $(X_t)_{t \in \mathbb{R}_+}$ est dit récurrent (positif) si la chaîne de sauts associée est récurrente (positive).

Théorème 5. Si (X_t) est une chaîne de Markov à temps continu irréductible récurrente, il existe une unique probabilité invariante m .

En outre m est caractérisée par les conditions équivalentes suivantes :

(a) A i fixé, si $S_i = \inf\{t > T_1 | X_t = i\}$, $m(j) = \mathbb{E}_i(\int_0^{S_i} \mathbf{1}_j(X_s) ds)$

(b) La mesure ρ définie par $\rho(j) = \frac{m(j)}{\mathbb{E}_j(T_1)}$ vérifie $\rho = \rho Q$, où Q est la matrice de transition de la chaîne des sauts.

(c) $mA = 0$, où A est le générateur de (X_t) .

Démonstration. Voir [2].

L'unicité repose directement sur l'unicité dans le cas des chaînes de Markov discrètes, ici pour la chaîne des sauts. Pour l'existence, il s'agit de vérifier que les mesures définies en (a), (b) et (c) sont bien invariantes. □

On cherche maintenant des conditions sur un processus markovien pour que la chaîne récurrente converge vers son unique probabilité invariante. Le théorème ergodique suivant (cf [4]) y apporte une solution.

Théorème 6. Si $(X_t)_{t \in \mathbb{R}_+}$ est une chaîne de Markov à temps continu à valeurs dans E , irréductible, récurrente positive et si m est l'unique mesure de probabilité invariante associée, alors on a convergence de la loi de X_t vers la probabilité invariante m .

2 Décomposition et étude de la modélisation

2.1 Évolution de l'état du gène

2.1.1 Modèle choisi dans l'article

Dans cette première partie, on se concentre exclusivement sur l'évolution au cours du temps de l'état du gène, 0 correspondant à l'état inactif du gène, et 1 à l'état actif. On y étudie la partie du modèle qui gère les passages de l'état d'activité à l'état d'inactivité du gène, mettant en jeu les paramètres λ et μ .

L'article modélise l'évolution de l'état du gène par un processus markovien de sauts de générateur $\begin{pmatrix} -\lambda & \lambda \\ \mu & -\mu \end{pmatrix}$

Soit X_t l'état du gène à l'instant t .

Si $X_{t_0} = 0$, la durée pendant laquelle X vaut 0 est régie par une loi exponentielle de paramètre λ , c'est-à-dire que le gène reste inactif pendant une durée qui suit la loi $\mathcal{E}(\lambda)$. De même lorsque le gène est actif, il reste dans cet état pendant un temps qui suit une loi exponentielle de paramètre μ .

2.1.2 Construction équivalente

On propose maintenant une construction alternative afin de mieux appréhender le modèle retenu dans l'article.

On considère une suite de variables aléatoires $(Z_n)_{n \in \mathbb{N}^*}$ indépendantes et identiquement distribuées, de loi exponentielle de paramètre θ . On les concatène le long du temps, en partant de 0, de sorte qu'on obtienne une suite d'instantanés $(T_n)_{n \in \mathbb{N}}$ avec $T_0 = 0$ p.s., T_1 l'instant de réalisation de Z_1 , et pour tout $i \geq 1$, $T_i - T_{i-1}$ la durée de réalisation de Z_i . On a ainsi $T_i = \sum_{j=0}^i Z_j$.

A chaque instant T_i , on peut ou non avoir changement d'état du gène : on peut ainsi voir l'évolution $(X_t)_{t \in \mathbb{R}_+}$ de l'état du gène au cours du temps comme une chaîne de Markov discrète "agissant uniquement aux instantanés T_i ",

$(X_{T_i})_{i \in \mathbb{N}}$, l'évolution de cet état ne dépendant que de son état présent, de matrice de transition $\begin{pmatrix} 1-q & q \\ p & 1-p \end{pmatrix}$

où p et q sont des paramètres du modèle.

De manière plus formelle, en posant $N_t = \sum_{k \in \mathbb{N}} \mathbf{1}_{T_k \leq t}$, (N_t) est un processus de Poisson de paramètre θ , et on a

pour tout $t \in \mathbb{R}_+$, $X_t = Y_{N_t}$ où (Y_n) est une chaîne de Markov sur $\{0, 1\}$ de matrice de transition $\begin{pmatrix} 1-q & q \\ p & 1-p \end{pmatrix}$.

D'après l'exemple 1, $(X_t)_{t \in \mathbb{R}_+}$ est un processus markovien de sauts sur $\{0, 1\}$, de semi-groupe $(P_t)_{t \in \mathbb{R}_+}$ tel

que pour tous $i, j \in \{0, 1\}$, pour tout $t \in \mathbb{R}_+$, $P_t(i, j) = \sum_{k \in \mathbb{N}} e^{-\theta t} \frac{(\theta t)^k P^k(i, j)}{k!}$ où $P = \begin{pmatrix} 1-q & q \\ p & 1-p \end{pmatrix}$.

Déterminons maintenant le générateur $A = (a_{ij})_{i, j \in \{0, 1\}}$ de (X_t) .

Pour tout i , $a_{ii} = -\lim_{h \downarrow 0} \frac{1 - P_h(i, i)}{h}$.

Or $\frac{P_h(i, i) - 1}{h} = \left(\frac{e^{-\theta h}}{h} - \frac{1}{h}\right) + e^{-\theta h} \theta P(i, i) + h e^{-\theta h} \sum_{k \in \mathbb{N}} \frac{\theta^{k+2} h^k P^{k+2}(i, i)}{(k+2)!}$.

Lorsque h décroît vers 0, le premier terme tend vers $-\theta$, le second vers $\theta P(i, i)$ et le troisième vers 0, d'où $a_{ii} = -\theta + \theta P(i, i)$.

De même, si $i \neq j$, $a_{ij} = \lim_{h \downarrow 0} \frac{P_h(i, j)}{h}$.

On a $\frac{P_h(i, j)}{h} = \frac{e^{-\theta h}}{h} I_2(i, j) + e^{-\theta h} \theta P(i, j) + h e^{-\theta h} \sum_{k \in \mathbb{N}} \frac{\theta^{k+2} h^k P^{k+2}(i, j)}{(k+2)!}$.

Comme précédemment, le deuxième terme tend vers $\theta P(i, j)$ et le troisième vers 0, tout comme le premier ; ainsi $a_{ij} = \theta P(i, j)$.

On aboutit ainsi au générateur $A = \begin{pmatrix} -\theta q & \theta q \\ \theta p & -\theta p \end{pmatrix}$

Pour faire correspondre avec les paramètres donnés dans l'article, on pose $\lambda = \theta q$ et $\mu = \theta p$, ce qui permet de retrouver le générateur donné par l'article, $A = \begin{pmatrix} -\lambda & \lambda \\ \mu & -\mu \end{pmatrix}$

2.1.3 Loi de l'état du gène à un instant donné

En résolvant l'équation rétrograde de Kolmogorov, nous allons déterminer la loi de X_t (en fait la loi conditionnelle de X_t sachant X_0).

Résolution de l'équation backward de Kolmogorov :

Le semi-groupe (P_t) est continu, stable et conservatif, donc pour tout $t \in \mathbb{R}_+$, $\frac{dP_t}{dt} = A.P_t$

Autrement dit,

$$\begin{cases} \frac{dP_t}{dt}(0, 0) = -\lambda P_t(0, 0) + \lambda P_t(1, 0) \\ \frac{dP_t}{dt}(0, 1) = -\lambda P_t(0, 1) + \lambda P_t(1, 1) \\ \frac{dP_t}{dt}(1, 0) = \mu P_t(0, 0) - \mu P_t(1, 0) \\ \frac{dP_t}{dt}(1, 1) = \mu P_t(0, 1) - \mu P_t(1, 1) \end{cases}$$

Par conséquent, $\frac{dP_t}{dt}(0, 0) = -\frac{\lambda}{\mu} \frac{dP_t}{dt}(1, 0)$ et $\frac{dP_t}{dt}(0, 1) = -\frac{\lambda}{\mu} \frac{dP_t}{dt}(1, 1)$,

d'où $P_t(0, 0) = -\frac{\lambda}{\mu} P_t(1, 0) + c_0$ et $P_t(0, 1) = -\frac{\lambda}{\mu} P_t(1, 1) + c_1$ avec c_0 et c_1 des constantes réelles.

Ainsi, $\frac{dP_t}{dt}(1, 0) = \mu(-\frac{\lambda}{\mu} P_t(1, 0) + c_0 - P_t(1, 0))$ et $\frac{dP_t}{dt}(1, 1) = \mu(-\frac{\lambda}{\mu} P_t(1, 1) + c_1 - P_t(1, 1))$,

ce qui conduit à $P_t(1, 0) = (P_0(1, 0) - \frac{c_0 \mu}{\lambda + \mu}) e^{-(\lambda + \mu)t} + \frac{c_0 \mu}{\lambda + \mu}$ et $P_t(1, 1) = (P_0(1, 1) - \frac{c_1 \mu}{\lambda + \mu}) e^{-(\lambda + \mu)t} + \frac{c_1 \mu}{\lambda + \mu}$ avec c_0 et c_1 des constantes réelles.

Par ailleurs, pour tout $t \geq 0$, $P_t(1, 0) + P_t(1, 1) = 1$ ce qui implique que $c_0 + c_1 = \frac{\lambda + \mu}{\mu}$.

En outre, $P_0(1, 0) = 0$ et $P_0(1, 1) = 1$ donc $c_0 = 1$ et $c_1 = \frac{\lambda}{\mu}$.

On aboutit ainsi à

$$\begin{cases} P_0(1, 0) = \frac{\mu}{\lambda + \mu} (1 - e^{-(\lambda + \mu)t}) \\ P_0(1, 1) = \frac{\lambda}{\lambda + \mu} + \frac{\mu}{\lambda + \mu} e^{-(\lambda + \mu)t} \end{cases}$$

Ce qui amène à, pour tout réel positif t ,

$$P_t = \begin{pmatrix} \frac{\mu}{\lambda + \mu} + \frac{\lambda}{\lambda + \mu} e^{-(\lambda + \mu)t} & \frac{\lambda}{\lambda + \mu} (1 - e^{-(\lambda + \mu)t}) \\ \frac{\mu}{\lambda + \mu} (1 - e^{-(\lambda + \mu)t}) & \frac{\lambda}{\lambda + \mu} + \frac{\mu}{\lambda + \mu} e^{-(\lambda + \mu)t} \end{pmatrix}$$

Asymptotiquement, on a $P_\infty = \begin{pmatrix} \frac{\mu}{\lambda + \mu} & \frac{\lambda}{\lambda + \mu} \\ \frac{\mu}{\lambda + \mu} & \frac{\lambda}{\lambda + \mu} \end{pmatrix}$

Espérance et variance :

On suppose dans la suite de cette partie que $X_0 = 0$.

Les calculs sont analogues dans le cas $X_0 = 1$.

$\mathbb{E}_0(X_t) = \mathbb{P}_0(X_t = 1)$ donc $\mathbb{E}_0(X_t) = \frac{\lambda}{\lambda + \mu} (1 - e^{-(\lambda + \mu)t})$.

A l'infini, $\mathbb{E}_0(X_\infty) \sim \frac{\lambda}{\lambda + \mu}$; par conséquent, au bout d'un temps suffisamment long, la probabilité de trouver le gène actif peut être approximée par le rapport $\frac{\lambda}{\lambda + \mu}$.

$Var_0(X_t) = \mathbb{E}_0(X_t^2) - \mathbb{E}_0(X_t)^2$ donc $Var_0(X_t) = \frac{\lambda}{\lambda + \mu} (1 - e^{-(\lambda + \mu)t}) (1 - \frac{\lambda}{\lambda + \mu} (1 - e^{-(\lambda + \mu)t}))$.

Asymptotiquement, $Var_0(X_\infty) \sim \frac{\lambda}{\lambda + \mu} (1 - \frac{\lambda}{\lambda + \mu})$.

2.2 Étude du processus de dégradation des protéines

On s'intéresse à la modélisation présentée dans l'article, en considérant que le gène est toujours inactif. Ici intervient donc seulement le procédé de détérioration des protéines présentes dans la cellule, et l'unique paramètre du modèle que l'on y retrouve est le taux de dégradation δ .

On suppose qu'à l'instant 0, N protéines sont présentes dans la cellule.

Soit Γ_t le nombre de protéines présentes dans le gène à l'instant t (avec donc $\Gamma_0 = N$).

Soient Y_1, \dots, Y_N des variables aléatoires indépendantes et identiquement distribuées de loi exponentielle de paramètre δ .

Chacune de ces variables représente la durée de vie d'une des protéines présentes au temps 0.

On considère $(T_i)_{i \in \{1, \dots, N\}} = (Y_{(i)})_{i \in \{1, \dots, N\}}$ le suite des variables (Y_i) triées par ordre croissant.

Les instants $(T_i)_{i \in \{1, \dots, N\}}$ correspondent aux instants de saut du processus étudié, et pour $T_i < t < T_{i+1}$, $\Gamma_t = N - i$.

On pose, pour $i \in \{1, \dots, N\}$, $t \in \mathbb{R}_+$, $p_i(t) = \mathbb{P}(\Gamma_t = i)$.

Alors,

$$\begin{aligned}
p_i(t) &= \mathbb{P}(T_{N-i} \leq t \text{ et } T_{N-i+1} > t) \\
&= \sum_{\substack{A \subset \{1, \dots, N\} \\ \text{card}(A)=i}} \mathbb{P}(Y_j > t \text{ si } j \in A \text{ et } Y_j < t \text{ si } j \notin A) \\
&= \binom{N}{N-i} \mathbb{P}(Y_1 \leq t)^{N-i} \mathbb{P}(Y_1 > t)^i \\
&= \binom{N}{i} (1 - e^{-\delta t})^{N-i} e^{-i\delta t}
\end{aligned}$$

Ainsi, à t fixé, Γ_t suit une loi binomiale de paramètres N et $e^{-\delta t}$.

De plus, on peut exprimer Γ_t pour tout t sous la forme $\Gamma_t = \sum_{i=0}^N (N-i) \mathbf{1}_{[T_i, T_{i+1}[}$ avec $T_{N+1} = +\infty$.

On cherche à appliquer le théorème 2, pour $Z_k = N-k$ et $V_k = T_k$ (avec $k \leq N$) : $\lambda(Z_{k-1}) = (N-k+1)\delta$ et $T_k - T_{k-1}$ suit une loi exponentielle de paramètre $(N-k+1)\delta$. Or, si une variable aléatoire V suit une loi exponentielle de paramètre α , alors $\frac{1}{\beta}V$ suit une loi exponentielle de paramètre $\alpha\beta$. Par conséquent, $T_k - T_{k-1} = \frac{U_k}{\lambda(Z_{k-1})}$ où U_k est une loi exponentielle de paramètre 1, et les variables aléatoires U_k sont indépendantes, par indépendance des Y_i .

Les hypothèses du théorème sont donc vérifiées, et on en déduit que (Γ_t) est un processus markovien de sauts.

Essayons de retrouver la loi de Γ_t en utilisant le générateur et l'équation *backward* de Kolmogorov.

On a $\mathbb{E}_i(T_1) = \frac{1}{i\delta}$ si $i > 0$ et $\mathbb{E}_0(T_1) = +\infty$.

La matrice de transition de la chaîne de Markov associée aux instants de sauts vaut $Q = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & \dots & 0 \\ 1 & 0 & 0 & \dots & 0 \\ 0 & 1 & 0 & \dots & 0 \\ \dots & \dots & \dots & \dots & \dots \\ 0 & \dots & 0 & 1 & 0 \end{pmatrix}$.

Le générateur est donc $G = \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 & \dots & 0 \\ \delta & -\delta & 0 & \dots & 0 \\ 0 & 2\delta & -2\delta & \dots & 0 \\ \dots & \dots & \dots & \dots & \dots \\ 0 & \dots & 0 & N\delta & -N\delta \end{pmatrix}$.

On constate que $\mathbb{P}(T_N \leq t) = p_0(t)$ et, après un petit calcul, on obtient $\mathbb{E}(T_N) = \frac{1}{\delta} \sum_{k=1}^N \frac{1}{k}$.

Par conséquent, T_N est fini presque sûrement, et pour $t > T_N$, la chaîne reste en 0. Il n'y a donc pas explosion, ce qui permet d'écrire l'équation *backward* de Kolmogorov.

Résolution de l'équation *backward* de Kolmogorov :

Comme $\Gamma_0 = N$, il suffit de déterminer $p_j(t) = P_t(N, j)$ pour tout $j \in \llbracket 0; N \rrbracket$, pour tout $t \geq 0$.

Alors,

$$\begin{aligned}
p'_0(t) &= \delta p_1(t) \\
p'_1(t) &= -\delta p_1(t) + 2\delta p_2(t) \\
&\dots \\
p'_k(t) &= -k\delta p_k(t) + (k+1)\delta p_{k+1}(t) \\
&\dots
\end{aligned}$$

On en déduit que $p_N(t) = \alpha_N e^{-N\delta t}$ avec α_N une constante réelle.

On considère ensuite l'équation $p'_{N-1}(t) = -(N-1)\delta p_{N-1}(t) + N\delta p_N(t)$ dont une solution de l'équation homogène est

$$t \mapsto \alpha_{N-1} e^{-(N-1)\delta t} \text{ où } \alpha_{N-1} \text{ est une constante réelle.}$$

Avec la méthode de variation de la constante, on trouve la solution particulière $t \mapsto -N\alpha_N e^{-(N-1)\delta t}$, d'où $p_{N-1}(t) = \alpha_{N-1} e^{-(N-1)\delta t} - N\alpha_N e^{-(N-1)\delta t}$.

On prouve ensuite par une récurrence descendante que pour tout $k \in \llbracket 0; N \rrbracket$, pour tout $t \geq 0$

$$\begin{aligned}
p_k(t) &= \alpha_k e^{-k\delta t} - (k+1)\alpha_{k+1} e^{-(k+1)\delta t} + \frac{(k+1)(k+2)}{2} \alpha_{k+2} e^{-(k+2)\delta t} - \frac{(k+1)(k+2)(k+3)}{6} \alpha_{k+3} e^{-(k+3)\delta t} + \\
&\dots + (-1)^{N-k} \frac{(k+1)(k+2)\dots N}{(N-k)!} \alpha_N e^{-N\delta t}
\end{aligned}$$

$$\text{En particulier, } p'_0(t) = \delta \sum_{k=1}^N (-1)^{k+1} k \alpha_k e^{-k\delta t} \text{ donc } p_0(t) = \sum_{k=1}^N (-1)^k \alpha_k e^{-k\delta t} + \alpha_0$$

Comme $\mathbb{P}(X_0 = N) = 1$, $p_N(0) = 1$ et pour tout $j < N$, $p_j(0) = 0$.

Par conséquent,

$$\begin{aligned}
\alpha_N &= 1 \\
\alpha_{N-1} - N\alpha_N &= 0 \\
&\dots \\
\alpha_{N-k} - (N-k+1)\alpha_{N-k+1} + \dots + (-1)^k \frac{(N-k+1)(N-k+2)\dots N}{k!} &= 0
\end{aligned}$$

De proche en proche, on en déduit que pour tout $k \in \llbracket 0; N \rrbracket$, $\alpha_k = \binom{N}{k}$.

Ainsi, $p_0(t) = (1 - e^{-\delta t})^N - 1 + \alpha_0$, et comme $p_0(0) = 0$, $\alpha_0 = 1$, d'où

$$\boxed{p_0(t) = (1 - e^{-\delta t})^N}$$

On vérifie bien que p_0 tend vers 1 à l'infini.

Et finalement, on arrive, pour tout $k \in \llbracket 1; N \rrbracket$, pour tout $t \geq 0$, à

$$\begin{aligned}
p_k(t) &= \sum_{j=0}^{N-k} (-1)^j \binom{k+j}{j} \binom{N}{k+j} e^{-(k+j)\delta t} \\
&= \binom{N}{k} e^{-k\delta t} \sum_{j=0}^{N-k} \binom{N-k}{j} (-1)^j e^{-j\delta t}
\end{aligned}$$

Soit

$$p_k(t) = \binom{N}{k} e^{-k\delta t} (1 - e^{-\delta t})^{N-k}$$

On retrouve bien ce que l'on attendait, c'est à dire une loi binomiale de paramètres N et $e^{-\delta t}$.

Espérance et variance :

Sachant qu'on a affaire à une loi binomiale, on peut facilement en déterminer l'espérance et la variance : pour tout $t \geq 0$, $\mathbb{E}_N(\Gamma_t) = Ne^{-\delta t}$ et $Var_N(\Gamma_t) = Ne^{-\delta t}(1 - e^{-\delta t})$.

2.3 Étude du processus de synthèse/dégradation des protéines

On considère dans ce paragraphe que le gène est toujours actif. Ainsi les paramètres λ et μ du modèle sont absents de cette section.

A chaque instant, on peut avoir ou synthèse d'une nouvelle protéine ou dégradation d'une protéine présente dans la cellule.

La synthèse des protéines est régie par une loi exponentielle de paramètre ν , quel que soit le nombre de protéines déjà existant dans la cellule, alors que la durée de vie de chaque protéine présente dans la cellule est régie par une loi exponentielle de paramètre δ , la première dégradation suivant par conséquent une loi exponentielle de paramètre $n\delta$ où n est le nombre de protéines présentes à l'instant considéré.

On se donne $(U_i)_{i \in \mathbb{N}}$ et $(V_{i,j})_{i,j \in \mathbb{N}}$ deux familles indépendantes de variables aléatoires indépendantes et identiquement distribuées, de loi exponentielle de paramètre respectif ν et δ .

On pose $T_0 = 0$ et $Y_0 = X_0$, et on définit par récurrence sur i la suite (T_i) des instants de sauts et (Y_i) la succession des valeurs prises après chaque saut par

$$\begin{aligned} T_i &= T_{i-1} + \tau_i \text{ avec } \tau_i = \min(V_{i,1}, \dots, V_{i,Y_{i-1}}, U_i) \\ Y_i &= Y_{i-1} + \mathbf{1}_{\{\tau_i = U_i\}} - \mathbf{1}_{\{\tau_i \neq U_i\}}. \end{aligned}$$

Alors, si pour tout $t \geq 0$, X_t est le nombre de protéines présentes à l'instant t , $X_t = \sum_{i=0}^{+\infty} Y_i \mathbf{1}_{[T_i, T_{i+1}[}$.

Par ailleurs, $T_i = \sum_{j=1}^i \tau_j$ où τ_j est une variable aléatoire de loi conditionnelle sachant Y_{j-1} exponentielle de paramètre $\nu + \delta Y_{j-1} = \lambda(Y_{j-1})$. En outre les τ_j sont indépendantes.

Comme les $V_{i,j}$ et les U_i sont indépendantes, la loi de Y_i conditionnellement à Y_1, \dots, Y_{i-1} est la loi de Y_i conditionnellement à Y_{i-1} : (Y_i) est une chaîne de Markov discrète.

Le processus $(X_t)_{t \in \mathbb{R}_+}$ est ainsi un processus markovien de sauts, par le théorème 2.

Déterminons la matrice de transition de la chaîne de Markov $(Y_i) = (X_{T_n})_{n \in \mathbb{N}}$.

Soient $i, j, n \in \mathbb{N}$.

$$\mathbb{P}(X_{T_{n+1}} = j | X_{T_n} = i) = \begin{cases} 0 & \text{si } |i - j| \neq 1 \\ 1 & \text{si } (i, j) = (0, 1) \\ \mathbb{P}(U_{n+1} < V_{n+1,j}) & \text{si } j = i + 1 \\ \mathbb{P}(V_{n+1,j} < U_{n+1}) & \text{si } j = i - 1 \end{cases}$$

Soient X et Y deux variables aléatoires indépendantes de loi exponentielle de paramètres respectifs α et β . On souhaite déterminer $\mathbb{P}(X < Y)$.

$$\begin{aligned}
\mathbb{P}(X < Y) &= \int_{y=0}^{\infty} \int_{x=0}^y \alpha \beta e^{-(\alpha x + \beta y)} dx dy \\
&= \alpha \beta \int_{y=0}^{\infty} e^{-\beta y} \left(\int_{x=0}^y e^{-\alpha x} dx \right) dy \\
&= \beta \int_{y=0}^{\infty} (e^{-\beta y} - e^{-(\alpha + \beta)y}) dy \\
&= \beta \left(\frac{1}{\beta} - \frac{1}{\alpha + \beta} \right) \\
&= \frac{\alpha}{\alpha + \beta}
\end{aligned}$$

Ainsi,

$$\mathbb{P}(X_{T_{n+1}} = j | X_{T_n} = i) = \begin{cases} 0 & \text{si } |i - j| \neq 1 \\ 1 & \text{si } (i, j) = (0, 1) \\ \frac{\nu}{\nu + i\delta} & \text{si } j = i + 1 \\ \frac{i\delta}{\nu + i\delta} & \text{si } j = i - 1 \end{cases}$$

En outre, ici la loi conditionnelle de T_1 sachant que $X_0 = i$ est une loi exponentielle de paramètre $\nu + i\delta$ pour tout i entier positif donc $\mathbb{E}_i(T_1) = \frac{1}{\nu + i\delta}$.

Ce qui amène à l'expression du générateur A associé à (X_t) , pour $i, j \in \mathbb{N}$:

$$A(i, j) = \begin{cases} 0 & \text{si } |i - j| > 1 \\ -(\nu + i\delta) & \text{si } i = j \\ \nu & \text{si } j = i + 1 \\ i\delta & \text{si } j = i - 1 \end{cases}$$

D'après ce qui précède, pour tout $k \in \mathbb{N}$, $\mathbb{E}_{X_{T_k}}(T_1) = \frac{1}{\nu + X_{T_k}\delta}$.

Par conséquent, $\sum_{k=1}^{+\infty} \mathbb{E}_{X_{T_k}}(T_1) = \sum_{k=1}^{+\infty} \frac{1}{\nu + X_{T_k}\delta} \geq \sum_{k=1}^{+\infty} \frac{1}{\nu + (k + X_0)\delta} = \infty$ car la chaîne fait seulement des sauts d'amplitude 1 et $\sum_{k=1}^{+\infty} \frac{1}{k}$ diverge.

D'après la proposition 2, il n'y a donc pas explosion du processus.

La "matrice" de transition Q de la chaîne de sauts associée à (X_t) , définie par $Q(i, j) = \mathbb{P}(X_{T_1} = j | X_0 = i)$ est irréductible.

En outre, on vérifie que la probabilité γ , définie pour tout $i \in \mathbb{N}$ par $\gamma(i) = \frac{1}{i!} \frac{\nu + i\delta}{2\nu} \left(\frac{\nu}{\delta}\right)^i e^{-\frac{\nu}{\delta}}$ est une mesure réversible finie, donc invariante.

Ainsi la chaîne de sauts est récurrente positive, donc le processus markovien (X_t) est récurrent positif. D'après le théorème 6, il converge donc vers son unique probabilité invariante m .

D'après le (b) du théorème 5, comme γ est invariante, $\gamma = \gamma Q$, et par unicité de la mesure invariante d'une chaîne de Markov irréductible récurrente à un facteur près, pour tout i , $m(i) = K\gamma(i)\mathbb{E}_i(T_1)$.

Or $\mathbb{E}_i(T_1) = \frac{1}{\nu + i\delta}$, donc $m(i) = K \frac{1}{i!} \frac{1}{2\nu} \left(\frac{\nu}{\delta}\right)^i e^{-\frac{\nu}{\delta}}$.

m est une probabilité donc $K = 2\nu$, d'où

$$m(i) = \frac{1}{i!} \left(\frac{\nu}{\delta}\right)^i e^{-\frac{\nu}{\delta}}$$

Au bout d'un temps suffisamment long, la loi du nombre de protéines peut donc être approchée par une loi de Poisson de paramètre $\frac{\nu}{\delta}$.

Équation backward de Kolmogorov :

Intéressons-nous maintenant aux équations de Kolmogorov.

On suppose dans cette partie que $X_0 = 0$ et pour tout $i \in \mathbb{N}$, pour tout $t \in \mathbb{R}_+$, $p_i(t) = \mathbb{P}(X_t = i | X_0 = 0)$.

De la relation $\frac{dP_t}{dt} = A.P_t$, on en déduit, pour tout t ,

$$\begin{aligned} p'_0(t) &= -\nu p_0(t) + \delta p_1(t) \\ p'_1(t) &= \nu p_0(t) - (\nu + \delta)p_1(t) + 2\delta p_2(t) \\ &\dots \\ p'_k(t) &= \nu p_{k-1}(t) - (\nu + k\delta)p_k(t) + (k+1)\delta p_{k+1}(t) \\ &\dots \end{aligned}$$

Afin de tirer des informations de ces équations, utilisons les fonctions génératrices.

Pour ce faire, on pose pour $r \in [-1; 1]$ et t réel, $G(r, t) = \sum_{n=0}^{\infty} r^n p_n(t)$.

En reprenant les équations établies ci-dessus, en multipliant pour tout n dans \mathbb{N} celle impliquant p'_n par r^n , on obtient :

$$\sum_{n=0}^{\infty} r^n p'_n(t) = \nu \sum_{n=1}^{\infty} r^n p_{n-1}(t) - \nu \sum_{n=0}^{\infty} r^n p_n(t) - \delta \sum_{n=1}^{\infty} n r^n p_n(t) + \delta \sum_{n=0}^{\infty} (n+1) r^n p_{n+1}(t)$$

soit

$$\frac{\partial G(r, t)}{\partial t} = \nu(r-1)G(r, t) - \delta(r-1) \frac{\partial G(r, t)}{\partial r} \quad (2)$$

Notons que, pour tout t , $G(1, t) = \sum_{n=0}^{\infty} p_n(t) = 1$.

Si $\delta = 0$, c'est-à-dire s'il n'y a pas de dégradation de protéines, l'équation 2 devient alors

$$\frac{\partial G(r, t)}{\partial t} = \nu(r - 1)G(r, t)$$

qui se résout en $G(r, t) = e^{\nu(r-1)t}$ (car $G(r, 0) = 1$ par hypothèse).

On reconnaît ici la fonction génératrice d'une loi de Poisson de paramètre νt .

La fonction génératrice caractérisant la loi, **l'évolution du nombre de protéines suit donc pour tout t une loi de Poisson de paramètre νt .**

Par conséquent, à tout instant t , $\mathbb{E}_0(X_t) = Var_0(X_t) = \nu t$.

Si $\delta \neq 0$, on va vérifier (toujours en supposant que $X_0 = 0$) que (X_t) **suit une loi de Poisson de paramètre $\gamma_t = \frac{\nu}{\delta}(1 - e^{-\delta t})$.**

En effet, dans ce cas, $G(r, t) = e^{(r-1)\gamma_t}$, $\frac{\partial G(r, t)}{\partial t} = \nu(r - 1)\delta e^{-\delta t}G(r, t)$ et $\frac{\partial G(r, t)}{\partial r} = \frac{\nu}{\delta}(1 - e^{-\delta t})G(r, t)$: on vérifie qu'il s'agit bien d'une solution de l'équation 2.

Plus directement, les équations de Kolmogorov rétrogrades sont vérifiées :

Ici, pour tout $k \in \mathbb{N}$, pour tout t , $p_k(t) = \frac{\gamma_t^k}{k!} e^{-\gamma_t}$.

Par conséquent,

$$\begin{aligned} p'_k(t) &= \frac{1}{k!} \left(\frac{\nu}{\delta}\right)^k (1 - e^{-\delta t})^{k-1} e^{-\delta t} (k\delta - \nu(1 - e^{-\delta t})) e^{-\gamma_t} \\ &= \nu \left(\frac{\gamma_t}{(k-1)!}\right)^{k-1} e^{-\gamma_t} - (1 - e^{-\delta t}) \nu \left(\frac{\gamma_t}{(k-1)!}\right)^{k-1} e^{-\gamma_t} - \nu \left(\frac{\gamma_t}{k!}\right)^k e^{-\gamma_t} + (1 - e^{-\delta t}) \nu \left(\frac{\gamma_t}{k!}\right)^k e^{-\gamma_t} \\ &= \nu p_{k-1}(t) - k\delta p_k(t) - \nu p_k(t) + (k+1)\delta p_{k+1}(t) \end{aligned}$$

Les p_k sont donc solutions des équations *backward* de Kolmogorov.

Comme X_t suit une loi de Poisson de paramètre γ_t , $\mathbb{E}_0(X_t) = Var_0(X_t) = \frac{\nu}{\delta}(1 - e^{-\delta t})$.

On souhaite maintenant étudier le comportement asymptotique du modèle.

Remarquons que pour tout r , $G(r, t)$ tend vers $e^{\frac{\nu}{\delta}(r-1)}$ lorsque t tend vers l'infini. La convergence de la fonction génératrice implique la convergence en loi, donc X_t converge en loi, vers une loi de Poisson de paramètre $\frac{\nu}{\delta}$.

En particulier, $\mathbb{E}_0(X_\infty) = Var_0(X_\infty) = \frac{\nu}{\delta}$.

On retrouve bien le résultat établi plus haut avec la détermination de la mesure invariante, à savoir que pour t assez grand **l'évolution du nombre de protéines peut être approchée par une loi de Poisson de paramètre le rapport des taux de synthèse et de dégradation.**

3 Simulations et étude du processus global

Les simulations présentées ici ont été réalisées à l'aide de la version 3.0.5 de GNU Octave, de la version 5.3.1 de Notepad++ ainsi qu'avec Matlab.

3.1 Simulations autour de l'état du gène

Le programme ci-dessus permet de simuler l'évolution de l'état du gène au cours du temps,

```
function etatdugene(t,l,m) %t est la duree de l'etude
% l correspond au parametre lambda et m au parametre mu

D=[0;changene(t,l,m)];
S=[0];
n=length(D);

for i=1:n-1
    if mod(i,2)==0
        S=[S;0];
    else S=[S;1];
    end
end

figure()
stairs(D,S)
axis([0 t -0.1 1.1])
title('Evolution de l etat du gene au cours du temps')

x=linspace(0.001,t,1000);
y=[];
for i=1:length(x)
    y=[y;aux1(x(i),D)];
end

figure()
hold on
plot(x,y)
plot(x,1/(1+m)) %limite théorique
title('Evolution du taux d activite du gene au cours du temps')
hold off

end
```

à l'aide des trois programmes auxiliaires ci-dessous.

```
1 function X =changene(t,l,m) %determine les instants de changements d'etat du gene
2 d=expo(1);
3 X=[d];
4 while d<t % le gene reste actif (resp. inactif) pendant une duree regie par
5 % une loi exponentielle de parametre m (resp. l)
6 if mod(length(X),2)==0
7 x=expo(1);
8 else x=expo(m);
9 end
10 X=[X;x+d];
11 d=x+d;
12 end
13 end
```

```

1 function[x] =expo(a) %simule une loi exponentielle de paramètre a
2 x=-1/a*log(rand);
3 end

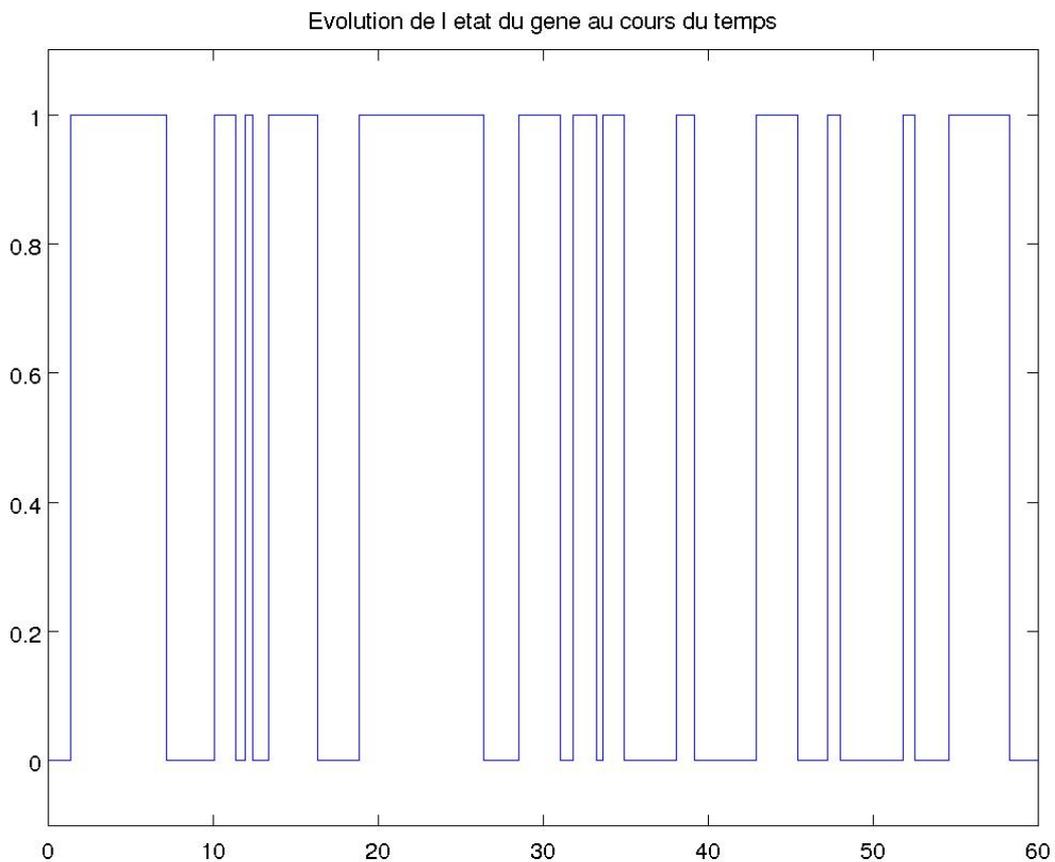
```

```

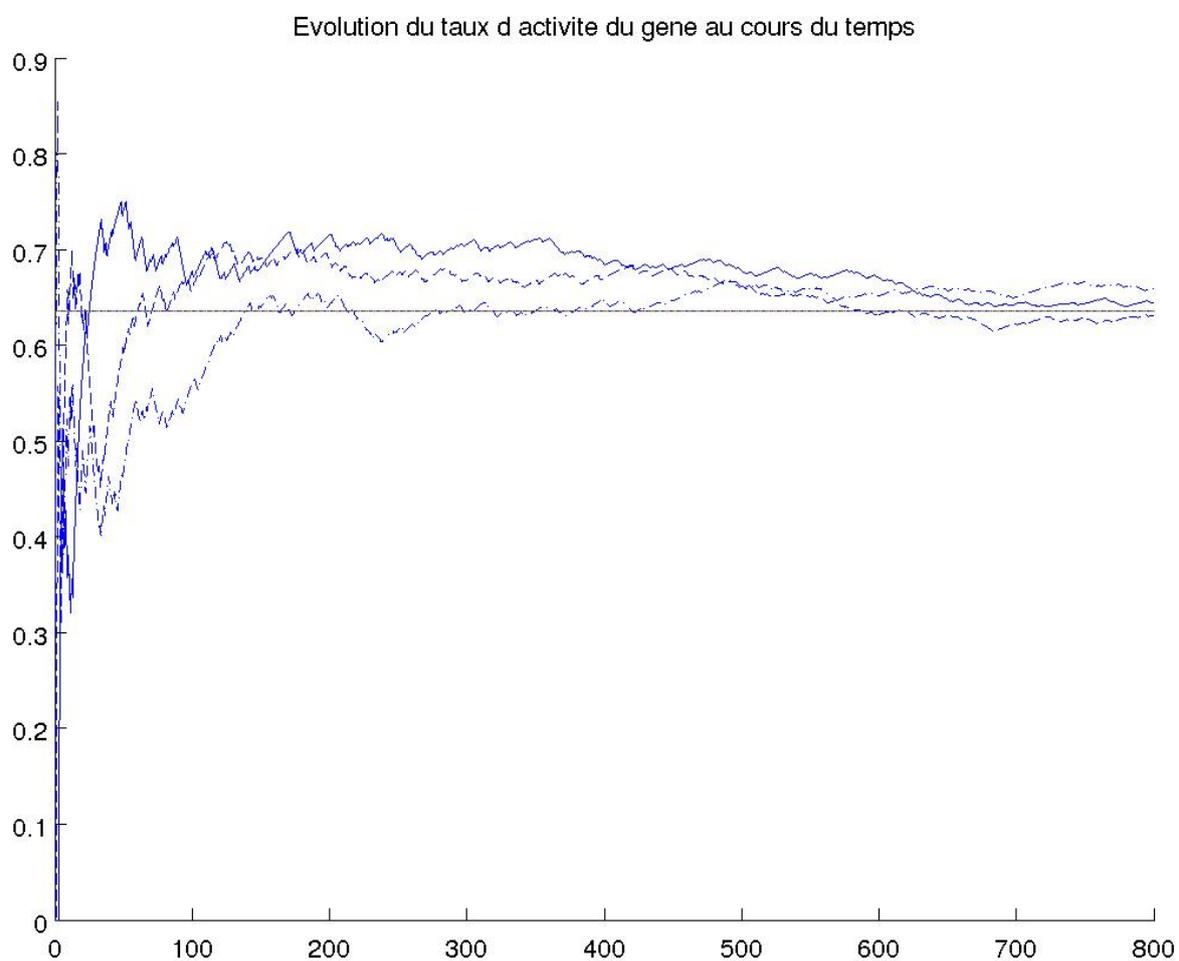
1 function y=aux1(x,V) %permet d'obtenir
2 %la fraction du temps passée à l'état 1
3
4 i=2;
5 y=0;
6 while x>V(i)
7     if mod(i,2)==1
8         y=y+V(i)-V(i-1);
9     end
10    i=i+1;
11 end
12
13 if mod(i,2)==1
14     y=y+x-V(i-1);
15 end
16 y=y./x;
17 end

```

Ci-dessous, l'évolution de l'état du gène au cours du temps obtenue par ce biais pour les paramètres $t=60$, $l=0.7$ et $m=0.4$.



Suivi de plusieurs évolutions temporelles de la fraction du temps que le gène passe à l'état actif, avec les valeurs des paramètres $t=800$, $l=0.7$ et $m=0.4$. La droite horizontale représente la valeur limite théorique.



3.2 Simulations sur l'évolution du modèle en période d'activité

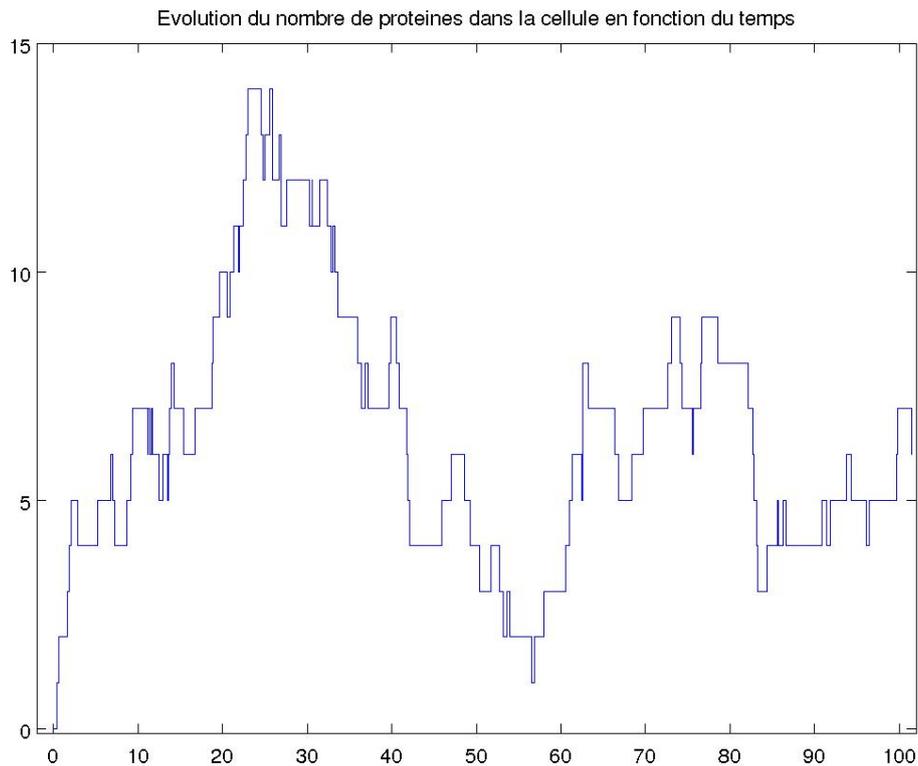
On se place dans le cas où le gène est supposé en permanence actif.

```
1  function nombreprot(t,d,u) %represente l'evolution du nb de proteines
2  % dans le gene au cours du temps
3  % t represente la duree de l'etude,
4  % d le taux de degradation (delta), u le taux de synthese (nu)
5
6  D=auxi2(t,d,u);%deux colonnes : les temps de saut et le nombre de proteines correspondant
7  D1=D(:,1);
8  D2=D(:,2);
9
10 figure()
11 stairs(D1,D2)
12 axis([-2 t+2 -0.1 max(D2)+1])
13 title('Evolution du nombre de proteines dans la cellule en fonction du temps')
14
15 end
```

Ci-dessus le programme permettant de simuler cette évolution ; ci-dessous le programme auxiliaire attaché.

```
1  function X=auxi2(t,d,u)
2  X1=[0]; %correspondance entre X1 et X2 : X2(i) est le nb de proteines entre X(i) et X(i+1).
3  X2=[0];
4  i=1;
5  x1=0; %X1 represente les temps de saut ; X2 represente le nb de proteines apres le saut.
6  while x1<t
7      if X2(i)==0 %si nb proteines=0, on a synthese d'une proteine
8          x1=x1+expo(u);
9          X1=[X1;x1];
10         X2=[X2;1];
11     else a=expo(X2(i)*d);%sinon soit synthese soit degradation
12         b=expo(u);
13         if a<b
14             x1=x1+a;
15             X1=[X1;x1];
16             X2=[X2;X2(i)-1];
17         else x1=x1+b;
18             X1=[X1;x1];
19             X2=[X2;X2(i)+1];
20         end
21     end
22     i=i+1;
23 end
24 X=[X1,X2];%on obtient deux colonnes, la premiere contenant les temps de saut,
25 %la deuxieme le nb de proteines a l'arrivee du saut
26 end
```

Voici un exemple de simulation pour $t=100$, $d=0,1$ et $u=0.6$.

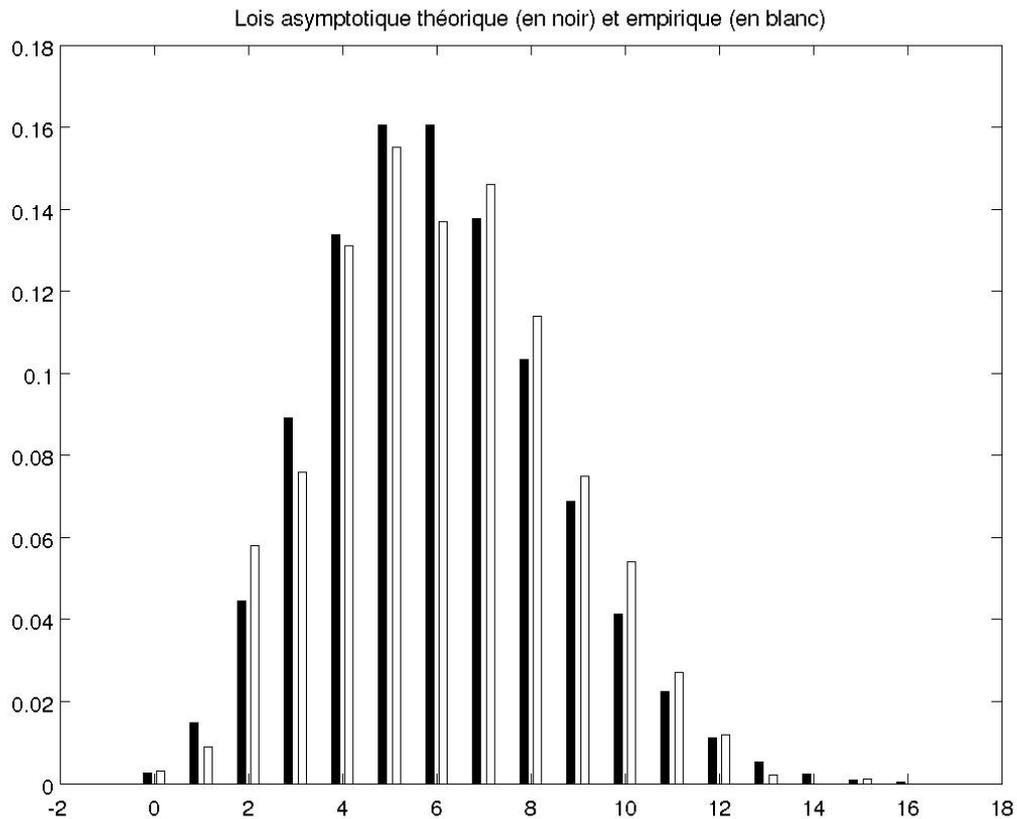


Le code ci-dessous permet quant à lui de représenter, et de comparer, les lois asymptotiques empirique et théorique, et est suivi d'un exemple, pour $t=1000$, $n=200$, $d=0,1$ et $u=0.6$.

```

1  function frae2(n,t,d,u) %renvoie la loi empirique à l'instant t sur un n-échantillon
2  - Y=[];
3  - for j=1:n
4  - X=auxi2(t,d,u);
5  - i=length(X);
6  - Y=[Y;X(i,2)];
7  - end
8
9  - P=[];
10 - for i=1:max(Y)+2 %loi d'une loi de Poisson de paramètre u/d
11 - p=exp(-u/d)*(u/d)^(i-1)/factorial(i-1);
12 - P=[P;p];
13 - end
14
15
16 - figure()
17 - m=max(Y)+1;
18 - c=0:m;
19 - h=hist(Y,c)/n;
20 - colormap('gray')
21 - bar(c,[P,h'],0.6)
22 - title('Lois asymptotique théorique (en noir) et empirique (en blanc)')
23
24
25 - end

```



3.3 Simulations dans le cas général

Les simulations suivantes sont réalisées en se basant sur le modèle tel qu'il est décrit dans l'article. Le programme ci-dessous permet d'obtenir des simulations de l'évolution du nombre de protéines dans le gène au cours du temps. Il est accompagné de ses programmes auxiliaires.

```

1  function modelisation(t,n,l,m,d,u) %evolution de l'etat du gene et
2  % du nombre de proteines au cours du temps.
3  D=auxil1(t,l,m,d,u);
4
5  X=[];
6  Y=[];
7
8  for i=1:t*n
9  x=(i-1)/n;
10 y=auxil2(x,D);
11 X=[X;x];
12 Y=[Y;y];
13 end
14
15 figure()
16 stairs(X,Y)
17 axis([0 t -1 max(Y)+1])
18 title('Evolution du nombre de proteines dans le gene en fonction du temps')
19
20 end

```

```

1 function X=auxil1(t,l,m,d,u)
2 X1=[0];%X1 represente les temps de saut
3 X2=[0];%X2 represente le nb de proteines apres le saut.
4 X3=[0];%X3 represente l'etat d'activite du gene (0=inactif ; 1=actif)
5 x1=0;
6 i=1;
7
8 while x1<t
9     if X3(i)==0
10        if X2(i)==0
11            x1=x1+expo(1);
12            x2=0;
13            x3=1;
14        else a=expo(X2(i)*d);
15            b=expo(1);
16            if a<b
17                x1=x1+a;
18                x2=X2(i)-1;
19                x3=0;
20            else x1=x1+b;
21                x2=X2(i);
22                x3=1;
23            end
24        end
25    else if X2(i)==0
26        a=expo(u);
27        b=expo(m);
28        if a<b
29            x1=x1+a;
30            x2=1;
31            x3=1;
32        else x1=x1+b;
33            x2=0;
34            x3=0;
35        end
36    else a=expo(u);
37        b=expo(X2(i)*d);
38        c=expo(m);
39        if c>max(a,b)
40            x1=x1+c;
41            x2=X2(i);
42            x3=0;
43        else if a<b
44            x1=x1+a;
45            x2=X2(i)+1;
46            x3=1;
47        else x1=x1+b;
48            x2=X2(i)-1;
49            x3=1;
50        end
51    end
52 end
53 end
54 i=i+1;
55 X1=[X1;x1];
56 X2=[X2;x2];
57 X3=[X3;x3];
58 end
59
60 X=[X1,X2,X3];
61 end

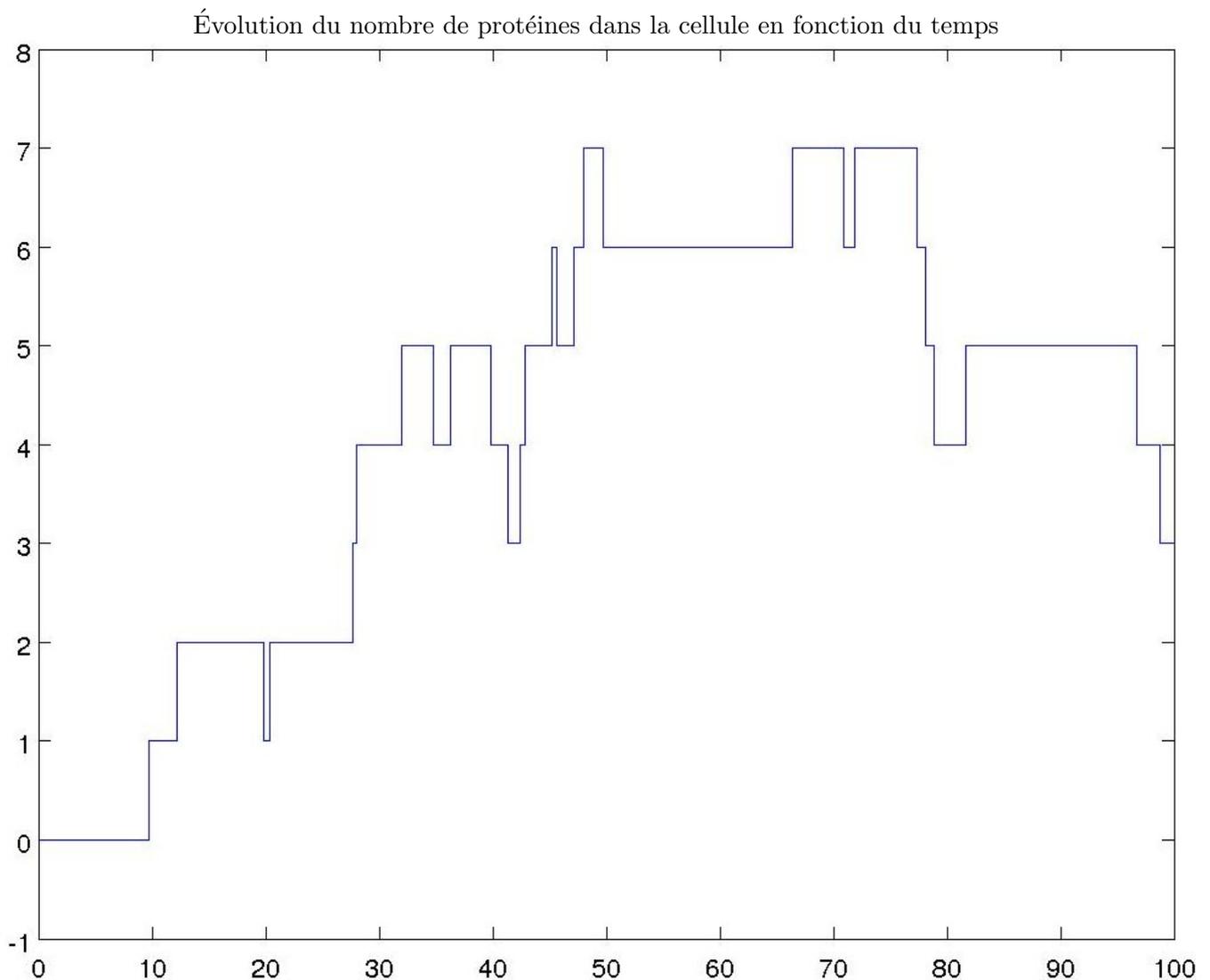
```

```

1 function[y]=auxil2(x,X) %associe a un instant x le nombre y
2 %de proteines presentes dans le gene a cet instant.
3
4 i=1;
5 while X(i,1)<x
6     i=i+1;
7 end %on determine ou se trouve l'instant x considere dans le tableau
8
9 if i==1
10     y=0;
11 else y=X(i-1,2);
12 end
13 end %en fait il s'agit de la meme fonction que auxil,
14 %correspondant au cas avec activite permanente du gene.

```

Le programme *modelisation*, lancé pour les paramètres $t=100$, $n=1000$, $l=0,7$, $m=0,4$, $d=0,1$ et $u=0,6$ donne la figure suivante.

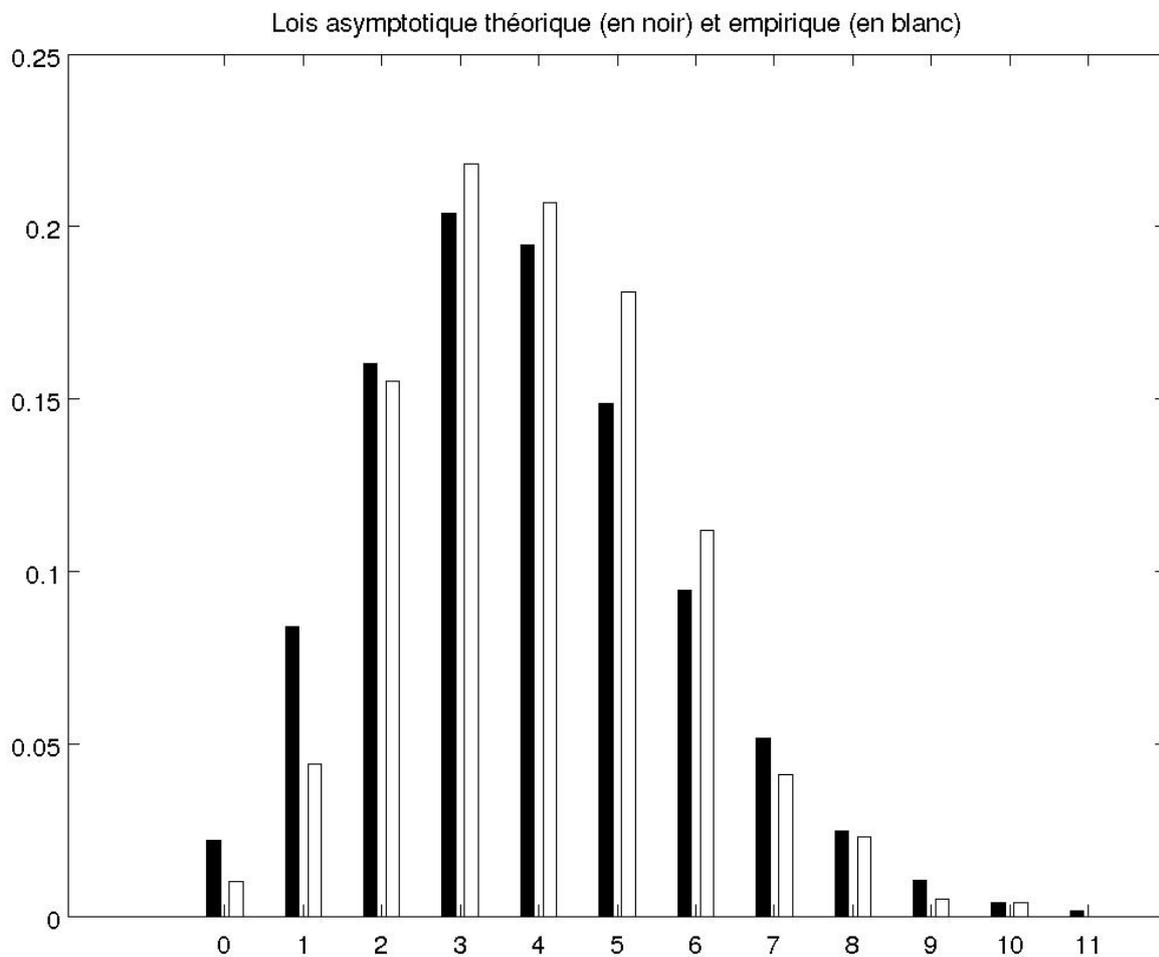


Enfin, le programme ci-dessous compare, comme dans la sous-section précédente, les lois asymptotiques théorique et empirique, et est illustré par un exemple pour $t=1000$, $n=1000$, $l=0,7$, $m=0,4$, $d=0,1$ et $u=0,6$.

```

1  function frae3(n,t,l,m,d,u) %renvoie la loi empirique à l'instant t sur un n-échantillon
2  Y=[];
3  for j=1:n
4  X=auxill(t,l,m,d,u);
5  i=length(X);
6  Y=[Y;X(i,2)];
7  end
8
9  P=[];
10 for i=1:max(Y)+2 % loi de Poisson de paramètre u/d*l/(1+m)
11 v=u/d*l/(1+m);
12 p=exp(-v)*(v)^(i-1)/factorial(i-1);
13 P=[P;p];
14 end
15
16 figure()
17 m=max(Y)+1;
18 c=0:m;
19 h=hist(Y,c)/n;
20 colormap('gray')
21 bar(c,[P,h'],0.6)
22 title('Lois asymptotique théorique (en noir) et empirique (en blanc)')
23 hold off
24
25 end

```



4 Résultats obtenus dans l'article

Le modèle considéré dans l'article est un processus markovien de sauts. L'espace d'état, \mathbb{N} en 2.3, est élargi : il devient $\{(i, n) | i \in \{0, 1\} \text{ et } n \in \mathbb{N}\}$.

De l'état $(1, n)$ (respectivement $(0, n)$) le processus peut évoluer en $(0, n)$ avec un taux μ , $(1, n - 1)$ (si $n > 0$) avec un taux $n\delta$ et $(1, n + 1)$ avec un taux ν (respectivement $(0, n - 1)$ si $n > 0$ avec taux $n\delta$ et $(1, n)$ avec taux λ).

Une fois ce générateur introduit, sont établies les équations de Kolmogorov, fort semblables à celles obtenues en 2.3, mais avec des termes en λ ou μ supplémentaires, dus à la possibilité d'activation/désactivation du gène au cours du temps. L'espace d'état, \mathbb{N} en 2.3, est par conséquent modifié : il devient $\{(i, n) | i \in \{0, 1\} \text{ et } n \in \mathbb{N}\}$, et de l'état $(1, n)$ (respectivement $(0, n)$) le processus peut évoluer en $(0, n)$, $(1, n - 1)$ (si $n > 0$) et $(1, n + 1)$ (respectivement $(0, n - 1)$ si $n > 0$ et $(1, n)$). On note $p_{0,n}$ (respectivement $p_{1,n}$) la probabilité que le processus soit en l'état $(0, n)$ (respectivement $(1, n)$) à l'instant t . Afin de résoudre, au moins partiellement, les équations de Kolmogorov, et d'en tirer des renseignements sur l'évolution du nombre de protéines présentes dans la cellule au fil du temps, sont introduites les fonctions génératrices correspondant à la probabilité qu'il y ait n protéines présentes dans la cellule et que le gène soit actif (respectivement inactif). Cela aboutit ainsi à des équations similaires à celles obtenues au 2.3, même si plus complexes :

$$\begin{cases} \frac{\partial G_0}{\partial t}(z, t) = -\lambda G_0(z, t) + \mu G_1(z, t) + \delta(1 - z) \frac{\partial G_0}{\partial z}(z, t) \\ \frac{\partial G_1}{\partial t}(z, t) = \lambda G_0(z, t) - \mu G_1(z, t) - \nu(1 - z) G_1(z, t) + \delta(1 - z) \frac{\partial G_0}{\partial z}(z, t) \end{cases}$$

avec

$$\begin{cases} G_0(z, t) = \sum_{n=0}^{\infty} z^n p_{0,n}(t) \\ G_1(z, t) = \sum_{n=0}^{\infty} z^n p_{1,n}(t) \end{cases}$$

Après le calcul de l'évolution de l'activité du gène (semblable au 2.1), sont différenciés deux cas selon la valeur du taux de dégradation des protéines δ .

S'il est nul, la population de protéines croît selon un processus de Poisson de paramètre ν lorsque le gène est actif, c'est-à-dire pendant une proportion moyenne de $\frac{\lambda}{\lambda + \mu}$ du temps.

On obtient alors

$$G(z, t) = \frac{1}{2\beta(z)} (\alpha(z) + \beta(z)) e^{(\alpha(z) - \beta(z))t} + (\beta(z) - \alpha(z)) e^{(\alpha(z) + \beta(z))t}$$

avec

$$\begin{cases} \alpha(z) = \frac{1}{2}(\nu(z - 1) - (\lambda + \mu)) \\ \beta(z) = \frac{1}{2}(\nu^2(z - 1)^2 + 2\nu(\lambda - \mu)(z - 1) + (\lambda + \mu))^{\frac{1}{2}} \end{cases}$$

Dans ce cas, l'espérance vaut

$$\mathbb{E}(t) = \frac{\lambda}{\lambda + \mu} \nu t - \frac{\nu}{\lambda + \mu} (1 - e^{-(\lambda + \mu)t}),$$

qui est pour t grand, de l'ordre $\frac{\lambda}{\lambda + \mu} \nu t$, ce qui correspond à l'espérance d'un processus de Poisson de paramètre ν , pondérée par le taux d'activité moyen $\frac{\lambda}{\lambda + \mu}$.

La variance asymptotique fait également état d'un terme correspondant à la variance d'un tel processus. Ces résultats recourent largement ceux établis plus haut dans le cas d'un gène toujours actif, le facteur correspondant à la proportion d'activité du gène étant dans ce cas omis.

Lorsque le taux de dégradation des protéines est non nul, la situation est plus complexe. Il en ressort néanmoins des interprétations analogues à celles du cas précédent, notamment avec la présence de processus de Poisson. L'espérance, qui vaut

$$\mathbb{E}(t) = \frac{\lambda\nu}{(\lambda + \mu)\delta} + \frac{\lambda\nu}{(\lambda + \mu)(\lambda + \mu - \delta)}e^{-(\lambda + \mu)t} - \frac{\lambda\nu}{\delta(\lambda + \mu - \delta)}e^{-\delta t}$$

converge, quand t tend vers l'infini vers $\frac{\lambda\nu}{(\lambda + \mu)\delta}$, où l'on voit apparaître le rapport $\frac{\nu}{\delta}$, qui jouait un rôle prépondérant dans les résultats du 2.3, comme quantité significative multiplié par le taux asymptotique d'activité.

Ce terme $\frac{\lambda\nu}{(\lambda + \mu)\delta}$ est également part de la variance limite quand t tend vers l'infini.

Si l'on compare avec l'espérance obtenue au 2.3 dans le cas où le gène est toujours actif, à savoir $\frac{\nu}{\delta}(1 - e^{-\delta t})$, on remarque qu'en faisant abstraction du terme en $e^{-(\lambda + \mu)t}$ dans l'espérance du cas général, les deux expressions sont assez voisines avec qu'une partie principale en $\frac{\nu}{\delta}$ et un terme négatif en $\frac{\nu}{\delta}e^{-\delta t}$. L'introduction de la possibilité d'inactivité du gène influe ainsi dans l'espérance du processus principalement via le terme $\frac{\lambda\nu}{(\lambda + \mu)(\lambda + \mu - \delta)}e^{-(\lambda + \mu)t}$.

Les auteurs s'intéressent ensuite au comportement asymptotique du modèle : le processus étudié converge en loi vers son unique probabilité invariante.

Via des manipulations sur des équations différentielles (issues des équations de Kolmogorov initiales), il vient que la fonction génératrice de la distribution asymptotique est une fonction hypergéométrique confluyente, un cas particulier de fonction hypergéométrique dégénérée (une fonction hypergéométrique étant une série convergente dont le quotient de deux termes successifs est une fonction rationnelle de l'indice).

Ainsi, la fonction génératrice g vaut

$$g(z) = 1 + \sum_{n=1}^{\infty} \frac{1}{n!} \frac{c(c+b)\dots(c+b(n-1))}{(a-1)a\dots(a+n-2)} (z-1)^n$$

avec

$$\begin{cases} a = \frac{\lambda + \mu + \delta}{\delta} \\ b = \frac{\nu}{\delta} \\ c = \frac{\lambda\nu}{\delta^2} \end{cases}$$

De cette fonction génératrice se déduisent les moments, et l'on retrouve les valeurs limites de l'espérance et de la variance précédemment établies.

Les moments de la distribution asymptotique évoqués ci-dessus sont fonction des quatre paramètres du modèle, λ , μ , ν et δ .

En les estimant grâce à la méthode des moments, il devrait être possible d'obtenir une estimation des paramètres. Néanmoins, comme le modèle est homogène par rapport au temps, il faut en fixer un (dans l'article, $\delta = 1$) pour pouvoir évaluer les trois autres.

Pour finir, on peut s'interroger sur une éventuelle poursuite de l'étude menée dans l'article. Comme on l'a vu, le taux de synthèse y est indépendant du nombre de protéines présents dans la protéine : peut-être serait-il possible d'y inclure une dépendance à ce niveau qui existe certainement en pratique. En revanche, cela rendrait probablement les calculs plus complexes.

En outre, il serait peut-être intéressant de prendre en compte les aléas pouvant intervenir dans la synthèse de protéines, à l'instar d'une copie défectueuse de l'ARNm entraînant la synthèse d'une protéine différente de ses congénères.

Références

- [1] S. Asmussen. *Applied Probability and Queues*. Springer, 2003.
- [2] Ph. Bougerol. Processus de saut et files d'attente. <http://www.proba.jussieu.fr/cours/sauts.pdf>, 2001.
- [3] P. Bremaud. *Markov Chains, Gibbs fields, Monte Carlo simulation and queue*. Springer, 1999.
- [4] E. Pardoux. *Processus de Markov et applications*. Dunod, 2007.
- [5] J. Peccoud and B. Ycart. Markovian modelling of gene product synthesis. *Theoretical Population Biology*, (48) :222–34, 1995.

3.3 Troisième année de Magistère - M2 MSV (2013-2014)

3.3.1 Etude de l'article *An adaptative version for the MALA with truncated drift*

Ci-dessous, l'étude d'un article sur une version du *Metropolis Adjusted Langevin Algorithm*, avec Cosmin Burtea, lors du premier semestre de M2, dans le cadre de l'UE *Optimisation et simulation numérique*.

An adaptive version for the MALA with truncated drift Review

Burtea Cosmin and Pédèches Laure

20th January 2014

1 Introduction

Metropolis Adjusted Langevin Algorithm (MALA) is a Markov Chain Monte Carlo (MCMC) probabilistic tool designed to sample from probability distributions with help from a Markov chain whose invariant measure is the wanted distribution.

It was first introduced by Roberts and Tweedie back in 1996, and was inspired by stochastic models coming from molecular dynamics.

In this review we take a look at Yves Atchadé's article [1] from 2005. Its main results lie in an adaptive algorithm, with an automatic solution to the parameter-tuning problem and its results concerning ergodicity.

We first briefly present the standard MALA, before turning our attention to the adaptive algorithm. Next, we look at the ergodicity, and we finish with a few comments about the main algorithm of the article.

2 Standard Metropolis Adjusted Langevin Algorithm

Let us consider χ an open subset of \mathbb{R}^d and π a continuously differentiable density. Let us denote by $D : \chi \rightarrow \chi$ a bounded function. We will refer to it as being the drift function of the algorithm.

For a positive definite matrix Λ and a scale parameter $\sigma > 0$, let us denote by $q_{\sigma, \Lambda}(x, y)$ the density with respect to the Lebesgue measure on χ of the Gaussian distribution $\mathcal{N}\left(x + \frac{\sigma^2}{2} \Lambda D(x), \sigma^2 \Lambda\right)$.

The Metropolis-Hastings algorithm with drift function D_{MALA} ,

$$D_{MALA}(x) = \frac{\delta \nabla \log \pi(x)}{\max(\delta, |\nabla \log \pi(x)|)}$$

and proposal density $Q_{\sigma,\Lambda}(x, dy) = q_{\sigma,\Lambda}(x, y)dy$ consists in the generation of a Markov chain $(X_n)_n$ which has π as a stationary distribution. Above, δ is a fixed positive constant. This kind of proposal tends to move the chain in the direction $\nabla \pi(X_n)$ thus towards larger values of π which helps the chain converge faster to π . Of course, the numerical price one has to pay consists in the computation, at each accepted value, of a gradient.

The acceptance probability is defined as being:

$$\alpha_{\sigma,\Lambda}(x, y) = \min\left(1, \frac{\pi(y)q_{\sigma,\Lambda}(y, x)}{\pi(x)q_{\sigma,\Lambda}(x, y)}\right),$$

In order to build the desired Markov chain one proceeds as it follows: given X_n we generate Y_{n+1} according to $q_{\sigma,\Lambda}(X_n, y)dy$. Then, with probability $\alpha_{\sigma,\Lambda}(X_n, Y_{n+1})$ we set $X_{n+1} = Y_{n+1}$ and with probability $1 - \alpha_{\sigma,\Lambda}(X_n, Y_{n+1})$ we set $X_{n+1} = X_n$.

Thus, we end up with a Markov chain generated by the transition kernel:

$$P_{\sigma,\Lambda}(x, A) = \int_A \alpha_{\sigma,\Lambda}(x, y)q(x, y)dy + \mathbf{1}_A(x) \int (1 - \alpha_{\sigma,\Lambda}(x, y))q(x, y)dy,$$

for all $x \in \chi$ and for any measurable set A .

The algorithm in pseudocode reads:

Algorithm 1 (MALA)

1. Start with $x_0 \in \chi$, and fixed parameters σ and Λ .
2. Given $X_n \in \chi$:
 - (a) Generate $Y_{n+1} \sim \mathcal{N}\left(X_n + \frac{\sigma^2}{2}\Lambda D_{MALA}(X_n), \sigma^2\Lambda\right)$.
Generate $U \sim \mathcal{U}(0, 1)$.
 - (b) If $U \leq \alpha_{\sigma,\Lambda}(X_n, Y_{n+1})$, set $X_{n+1} = Y_{n+1}$
else set $X_{n+1} = X_n$.

The following scripts allow us to compute this algorithm with Matlab (version R2012a) :

```

1  function X=standMALA(x0,s,L,N,del)
2  -   x=x0;
3  -   X=[x];
4
5  -   for i=1:N
6  -       y=x+1/2*s^2*L*D(x,del)+s*sqrtm(L)*randn(length(L),1);
7  -       u=rand;
8  -       if u<=alp(s,L,x,y,del)
9  -           x=y;
10 -        end
11 -        X=[X,x];
12 -    end
13 -    plot(X)
14 - end

```

```

function y=p(x) %probabilité cible pi
%cas où pi suit une loi N(m,S)
m=:
S=:
y=1/((2*pi)^(s/2)*sqrt(det(S)))*exp(-0.5*transpose(x)*S^(-1)*x);

```

```

1  function s=gradlogp(z,m,S) %calcul of grad(log(p(x))) pour pi~N(m,S)
2  -   r=length(z);
3  -   s=[];
4  -   A1=S^(-1)*(z-m);
5  -   A2=transpose((z-m))*S^(-1);
6  -   for i=1:r
7  -       dpi=-0.5*(A1(i)+A2(i));
8  -       s=[s;dpi];
9  -   end
10
11 - end
12

```

```

1  function y=D(x,del) %drift function
2  -   %case of pi~N(m,S)
3  -   m=:
4  -   S=:
5
6  -   y=del/max(del,norm(gradlogp(x,m,S)))*gradlogp(x,m,S); %case of D_MALA
7
8  - end

```

```

1  □ function z=q(s,L,x,y,del) %densité de la loi normale N(x+s^2/2*L*D(x),s^2*L)
2
3  -   mu=x+s^2/2*L*D(x,del);
4  -   var=s^2*L;
5  -   r=length(var);
6  -   z=1/((2*pi)^(r/2)*sqrt(det(var)))*exp(-1/2*transpose(y-mu)*var^(-1)*(y-mu));
7
8  -   end

```

```

1  □ function z=alp(s,L,x,y,del)%fonction alpha
2
3  -   temp=(p(y)*q(s,L,y,x,del))/(p(x)*q(s,L,x,y,del));
4  -   z=min(1,temp);
5
6  -   end

```

3 The parameter-tuning problem and the adaptive Metropolis Adjusted Langevin Algorithm

In order to run such an algorithm one needs to specify σ and Λ . This is a delicate matter as the choosing of these parameters has a great impact on the efficiency of the algorithm. The problem of choosing the best parameters is referred as the *parameter tuning problem*. In [2] there are presented some theoretical results that link the efficiency of the algorithm with the acceptance rate¹ when the dimension d is large. The acceptance rate is defined as:

$$\tau(\sigma, \Lambda) = \int \pi(dx) \int \alpha_{\sigma, \Lambda}(x, y) q_{\sigma, \Lambda}(x, y) dy.$$

Thus, assuming that there exists such a optimal value τ_{opt} ², one possibility to handle the parameter tuning problem is to run a second process (σ_n, Λ_n) that will converge to the desired value of $(\sigma_{opt}, \Lambda_{opt})$ which gives us the optimal acceptance rate, that is $\tau_{opt} = \tau(\sigma_{opt}, \Lambda_{opt})$. In all that it follows we will describe the algorithm given in [1] along with the main assumptions made in order to assure ergodicity.

Let there be $\varepsilon_1, \varepsilon_2, A$ given constants such that:

$$\begin{aligned} 0 < \varepsilon_1 < A_1 < \infty, \\ \varepsilon_2 > 0. \end{aligned}$$

Let us denote by $\Theta_\sigma = [\varepsilon_1, A]$, $B_d(0, r)$ the ball of center 0 and radius r of \mathbb{R}^d and by Θ_Γ the convex set of all semipositive definite matrices Γ , with $\|\Gamma\|_F \leq A^3$

¹Under certain assumptions on d and on the form and regularity of π , it seems that a candidate for the optimal acceptance rate is $\tau_{opt} = 0.574$. See [2], Theorem 3, page 358.

²Optimal with respect to the efficiency of the algorithm.

³Here we denote by $\|\cdot\|_F$ the Frobenius norm of a matrix

and $\Theta := B_d(0, r) \times \Theta_\Gamma \times \Theta_\sigma$. Furthermore, let us consider p_1, p_2 and p_3 the projection maps from $\mathbb{R}, \mathcal{M}_{d \times d}(\mathbb{R})$ respectively \mathbb{R}^d to $\Theta_\sigma, \Theta_\Gamma$ respectively $B_d(0, r)$. Finally let us consider a sequence of positive numbers $(\gamma_n)_n$ and $\bar{\tau}$ the optimal acceptance rate. The algorithm is the following:

Algorithm 2 (Adaptive MALA)

1. Start with $x_0 \in \chi$ and with $(\mu_0, \Gamma_0, \sigma_0) \in B(0, A_1) \times \Theta_\Gamma \times \Theta_\sigma$.
2. Given $X_n \in \chi$ and with $(\mu_n, \Gamma_n, \sigma_n) \in B(0, A_1) \times \Theta_\Gamma \times \Theta_\sigma$ set $\Lambda_n = \Gamma_n + \varepsilon_2 I_d$.
 - (a) Generate $Y_{n+1} \sim \mathcal{N}\left(X_n + \frac{\sigma_n^2}{2} \Lambda_n D(X_n), \sigma_n^2 \Lambda_n\right)$. Generate $U \sim \mathcal{U}(0, 1)$.
 - (b) If $U \leq \alpha_{\sigma_n, \Lambda_n}(X_n, Y_{n+1})$, set $X_{n+1} = Y_{n+1}$ else set $X_{n+1} = X_n$.
 - (c) Set

$$\begin{aligned} \mu_{n+1} &= p_3(\mu_n + \gamma_n(X_{n+1} - \mu_n)), \\ \Gamma_{n+1} &= p_2(\Gamma_n + \gamma_n((X_{n+1} - \mu_{n+1})(X_{n+1} - \mu_{n+1})^t - \Gamma_n)), \\ \sigma_{n+1} &= p_1(\sigma_n + \gamma_n(\alpha_{\sigma_n, \Lambda_n}(X_n, Y_{n+1}) - \bar{\tau})). \end{aligned}$$

Let us denote by $(X_n)_n$ the stochastic process generated by the above algorithm on some probability space $(\Omega, \mathcal{F}, \mathbb{P})$.

Remark 3.1 1. Because at each step we run a Metropolis Hastings algorithm with parameters $(\sigma_n, \mu_n, \Gamma_n)$ that are updated, the obtained process is no longer Markovian. However, it will have the target density as stationary distribution.

2. The parameter μ_n is used to approximate the mean of π , $\mu_\pi = \int x d\pi(x)$. Thus one expects $\mu_n \rightarrow \mu_\pi$.

3. The parameter Γ_n is used to approximate the covariance

$$\Sigma_\pi := \left(\int xy d\pi(x) - \mu_\pi\right) \left(\int xy d\pi(x) - \mu_\pi\right)^t. \text{ Thus we expect } \Gamma_n \rightarrow \Sigma_\pi.$$

4. The scaling parameters σ_n are used to estimate the optimal acceptance rate. One expects that $\tau(\sigma_n, \Lambda_n) \rightarrow \tau_{opt}$

5. The diagonal matrix that is added to Γ_n offers better conditioning to the matrix and thus provides the algorithm with better numerical stability.

In addition to the scripts presented in part 2, the following code corresponds to the sampling from a 20-dimensional gaussian distribution example provided in the article.

```
1      %script correspondant à l'exemple 3.1
2
3      %valeur des paramètres imposés par l'article
4 -     n=50000;
5 -     g=[];
6 -     for i=1:n
7 -         g=[g;10/i];
8 -     end
9 -     x0=5*ones(20,1);
10 -    del=1000;
11 -    e1=10^(-7);
12 -    e2=10^(-6);
13 -    A1=10^7;
14 -    t1=0.2;
15 -    t2=0.5;
16
17     %autres valeurs initiales
18 -    m0=ones(20,1);
19 -    G0=0.1*(rand(20)>0.8)+eye(20);
20 -    s0=1;
21
22
23     %lancement des six algos
24 -    rwm1=RWM1(n,x0,m0,G0,s0,e1,A1,g,t1,del)
25 -    rwm2=RWM2(n,x0,m0,G0,s0,e1,e2,A1,g,t1,del)
26 -    rwmopt=RWMOpt(n,x0,m0,G0,A1,del,g);
27 -    mala1=MALA1(n,x0,m0,G0,s0,e1,A1,del,g,t2)
28 -    mala2=MALA2(n,x0,m0,G0,s0,e1,e2,A1,del,g,t2)
29 -    malaopt=MALAOpt(n,x0,m0,G0,A1,del,g)
30 -    plot(rwmopt)
31
```

```

1  function X=RWM1(n,x0,m0,G0,s0,e1,A1,g,t,del)%algorithme RWM1
2  %Ici D(x)=0 et Lambda_n=I_20
3  X=x0;
4  m=m0;
5  G=G0;
6  s=s0;
7
8  XX=[X];
9  mm=[m];
10 GG=[G];
11 ss=[s];
12 YY=[];
13
14 L=eye(20); %Lambda_n est constant.
15
16 for i=1:n
17     Y=X+s*sqrtm(L)*randn(20,1);
18     U=rand;
19     if U<=alp(s,L,X,Y,del)
20         X=Y;
21     end
22
23     m=p3(m+g(i)*(X-m),A1);
24     G=p2(G+g(i)*((X-m)*(X-m)'+G),A1);
25     s=p1(s+g(i)*(alp(s,L,X,Y,del)-t),e1,A1);
26
27     XX=[XX;X];
28     mm=[mm;m];
29     GG=[GG;G];
30     ss=[ss;s];
31     YY=[YY;Y];
32
33 end
34
35 end

```

```

1  function X=RWMOpt(n,x0,m0,G0,A1,del,g)%algo RWMOpt
2  %sigma=0.59
3  %Lambda est grossematrice
4  d=20;
5  X=x0; %initialisation des paramètres;
6  m=m0;
7  G=G0;
8  s=0.59;
9
10 XX=[X];
11 mm=[m];
12 GG=[G];
13 YY=[];
14
15 L=grossematrice;
16
17 for i=1:n
18     Y=X+1/2*s^2*L*D(X,del)+s*sqrtm(L)*randn(d,1);%Y_(n+1)
19     U=rand;
20
21     if U<=alp(s,L,X,Y,del)
22         X=Y;
23     end
24
25     m=p3(m+g(i)*(X-m),A1);
26     G=p2(G+g(i)*((X-m)*(X-m)'+G),A1);
27
28     XX=[XX;X];
29     mm=[mm;m];
30     GG=[GG;G];
31     YY=[YY;Y];
32
33 end
34
35 end

```

```

1 - function X=MALA2(n,x0,m0,G0,s0,e1,e2,A1,del,g,t) %algorithme MALA2 présenté dans l'exemple 3.1
2 - d=20;
3 - X=x0; %initialisation des paramètres;
4 - m=m0;
5 - G=G0;
6 - s=s0;
7 -
8 - XX=[X];
9 - mm=[m];
10 - GG=[G];
11 - ss=[s];
12 - LL=[];
13 - YY=[];
14 -
15 - for i=1:n
16 -     L=G+e2*eye(d); %Lambda_n
17 -     Y=X+1/2*s^2*L*D(X,del)+s*sqrtm(L)*randn(d,1); %Y_(n+1)
18 -     U=rand;
19 -
20 -     if U<=alp(s,L,X,Y,del)
21 -         X=Y;
22 -     end
23 -
24 -     m=p3(m+g(i)*(X-m),A1);
25 -     G=p2(G+g(i)*((X-m)*(X-m)'+G),A1);
26 -     s=p1(s+g(i)*(alp(s,L,X,Y,del)-t),e1,A1);
27 -
28 -     XX=[XX;X];
29 -     mm=[mm;m];
30 -     GG=[GG;G];
31 -     ss=[ss;s];
32 -     LL=[LL;L];
33 -     YY=[YY;Y];
34 -
35 - end
36 - end

```

Scripts for RWM2, MALA1 and MALAOpt are analogs to those presented here.

```
>> grossematrice
```

```
ans =
```

```
Columns 1 through 8
```

```
|
  9.7569    6.0262    7.0506    8.2175    6.8204    8.5559    5.1806    6.5191
  6.0262   10.5907   10.0342   11.2432    6.7988    8.6318    6.3502   11.7160
  7.0506   10.0342   12.1335   12.5740    6.3094    9.4029    6.9108   11.5941
  8.2175   11.2432   12.5740   17.7593    9.5901   12.2153   12.1053   13.3087
  6.8204    6.7988    6.3094    9.5901    9.2867    5.5851    6.8056    7.0447
  8.5559    8.6318    9.4029   12.2153    5.5851   14.2336    8.7592   11.2890
  5.1806    6.3502    6.9108   12.1053    6.8056    8.7592   11.2681    8.6697
  6.5191   11.7160   11.5941   13.3087    7.0447   11.2890    8.6697   16.0840
  8.2968    9.9643   10.3760   12.6599    8.2292    9.7627    8.3546   10.1131
 10.6633   10.1122    9.7987   10.2989    8.7575   11.2782    5.6174   11.6530
  7.8299   11.0338   10.7551   13.3517    8.7741   10.3499    7.7137   11.4911
  9.9612   10.8870   12.3625   12.4200    7.8469   11.7929    8.2230   13.7739
  1.8485    7.7688    6.9435   10.0754    3.8315    7.1989    6.7852   10.0274
  4.2173    8.8360    8.6525    8.3272    4.6117    5.7898    2.7217    9.3525
  8.0030    9.0903    9.2502    8.5788    5.7444    9.7243    5.2603   11.4095
  8.9660   12.5411   13.6973   14.8926    7.2503   13.5932    8.3503   14.6266
  5.9512    9.7778   10.1467   14.0675    8.6662    9.5474   10.1724   11.5600
  9.8988   12.6566   13.6098   15.6194    9.7963   11.9971   10.4896   15.7250
  9.4728   12.1184   13.1698   13.8839    7.2621   13.1554    7.7846   15.3881
  9.2129   10.6449   11.4666   14.5409    8.5987   12.0543    9.9571   12.3675
```

```
Columns 9 through 16
```

```
  8.2968   10.6633    7.8299    9.9612    1.8485    4.2173    8.0030    8.9660
  9.9643   10.1122   11.0338   10.8870    7.7688    8.8360    9.0903   12.5411
 10.3760    9.7987   10.7551   12.3625    6.9435    8.6525    9.2502   13.6973
 12.6599   10.2989   13.3517   12.4200   10.0754    8.3272    8.5788   14.8926
  8.2292    8.7575    8.7741    7.8469    3.8315    4.6117    5.7444    7.2503
  9.7627   11.2782   10.3499   11.7929    7.1989    5.7898    9.7243   13.5932
  8.3546    5.6174    7.7137    8.2230    6.7852    2.7217    5.2603    8.3503
 10.1131   11.6530   11.4911   13.7739   10.0274    9.3525   11.4095   14.6266
 13.5289   11.9964   11.3263   12.4057    6.7786    7.9225    7.8799   13.6973
 11.9964   18.5787   13.5343   13.7224    4.7891    8.8299   11.0538   13.9801
 11.3263   13.5343   15.9453   10.2092    7.6531    9.3186    9.6596   11.6216
```

```
 12.4057   13.7224   10.2092   17.0104    6.3012    8.2361   12.2762   16.2689
  6.7786    4.7891    7.6531    6.3012    9.3500    6.3543    4.7689    9.2021
  7.9225    8.8299    9.3186    8.2361    6.3543    9.1479    6.7087   10.7987
  7.8799   11.0538    9.6596   12.2762    4.7689    6.7087   12.3885   10.2338
 13.6973   13.9801   11.6216   16.2689    9.2021   10.7987   10.2338   23.1863
  9.6759    9.8193   12.8458    9.9935    7.8779    6.9012    7.8662   12.6767
 13.0831   14.2631   13.5186   16.3533    8.5694    9.7367   12.4892   17.6121
 12.1687   14.7517   12.5028   15.8151    8.6680   10.4325   12.2084   18.1210
 12.4324   11.5822   11.2274   13.7582    7.8363    7.7413    9.6180   16.1552
```

```
Columns 17 through 20
```

```
  5.9512    9.8988    9.4728    9.2129
  9.7778   12.6566   12.1184   10.6449
 10.1467   13.6098   13.1698   11.4666
 14.0675   15.6194   13.8839   14.5409
  8.6662    9.7963    7.2621    8.5987
  9.5474   11.9971   13.1554   12.0543
 10.1724   10.4896    7.7846    9.9571
 11.5600   15.7250   15.3881   12.3675
  9.6759   13.0831   12.1687   12.4324
  9.8193   14.2631   14.7517   11.5822
 12.8458   13.5186   12.5028   11.2274
  9.9935   16.3533   15.8151   13.7582
  7.8779    8.5694    8.6680    7.8363
  6.9012    9.7367   10.4325    7.7413
  7.8662   12.4892   12.2084    9.6180
 12.6767   17.6121   18.1210   16.1552
 14.9175   14.2673   11.2904   11.7119
 14.2673   19.6969   17.0389   15.4160
 11.2904   17.0389   17.8024   14.1957
 11.7119   15.4160   14.1957   14.4187
```

```
>> |
```

```

1  function y=p1(x,e1,A1) %projection p1 sur [e1,A1]
2
3  -   if x<e1
4  -       y=e1;
5  -   elseif x>A1
6  -       y=A1;
7  -   else y=x;
8  -   end
9
10 - end

```

```

1  function Y=p2(S,A1) %projection p2 sur les matrices semi-définies
2  %positives de norme de Frobenius plus petites que A1.
3  -   f=sqrt(trace(S*S'));
4
5  -   if f>A1
6  -       Y=A1/f*S;
7  -   else Y=S;
8
9  - end

```

```

1  function y=p3(x,A1) %projection p3 sur B_d(0,A1)
2
3  -   N=norm(x);
4
5  -   if N>A1
6  -       y=A1/N*x;
7  -   else y=x;
8  -   end
9
10 - end

```

4 Ergodicity of the algorithm, and discussion about the presented assumptions

What we want here is to know under which conditions this algorithm will work, id est when the ergodic theorem will be verified.

In order to prove the convergence of the algorithm, the following assumptions are made:

Assumption 1 (A1) *The density π is positive with continuous first derivative such that:*

$$\lim_{|x| \rightarrow \infty} \frac{x}{|x|} \cdot \nabla \log \pi(x) = -\infty$$

and:

$$\lim_{|x| \rightarrow \infty} \sup \frac{x}{|x|} \cdot \frac{\nabla \pi(x)}{|\nabla \pi(x)|} < 0.$$

Assumption 2 (A2) (i) $|\mu_\pi| \leq A_1$ and $|\Sigma_\pi| \leq A_1$.

(ii) There exists $\tilde{\delta} > 0$, $\sigma_{opt} \in \Theta_\sigma$ such that:

$$\tau(\sigma_{opt}, \Lambda_\pi) = \tau_{opt} \quad (4.1)$$

and such that:

$$(\sigma - \sigma_{opt})(\tau(\sigma, \Lambda_\pi) - \tau_{opt}) < -\tilde{\delta}|\sigma - \sigma_{opt}|^2. \quad (4.2)$$

Assumption 3 (A3) The sequence with positive terms $(\gamma_n)_n$ is such that:

$$\sum \gamma_n = \infty \text{ and } \gamma_n = \mathcal{O}(n^{-\lambda})$$

with $\lambda \in (1/2, 1]$.

The main result of [1] is stated in the following theorem.

Theorem 4.1 Let $(X_n)_n$ be the stochastic process generated by the adaptive MALA algorithm. Let us set $V(x) = c\pi^{1/4}(x)$, with c chosen such that $V \geq 1$.

(i) Let us assume that A1 and A2 hold true. Then we have:

$$\|\mathcal{L}(X_n) - \pi\|_V = \mathcal{O}\left(\frac{\log(n+1)}{n^\lambda}\right),$$

where $\mathcal{L}(X_n)$ is the distribution of X_n and for all signed measure μ , we have:

$$\|\mu\|_V := \sup_{|f| \leq V} |\mu(f)|.$$

Also, for any measurable function $f : \chi \rightarrow \mathbb{R}$ with $|f| \leq V$, the following holds true \mathbb{P} -a.s. :

$$\lim_{n \rightarrow \infty} \frac{1}{n} \sum_{i=0}^{n-1} f(X_i) \rightarrow \pi(f).$$

(ii) Moreover, if we also assume A2, we have that:

$$\lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{E} \left[|\Lambda_n - \Lambda_\pi|^2 \right] = \lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{E} \left[|\sigma_n - \sigma_{opt}|^2 \right] = 0.$$

Theorem 4.1 is a consequence of Theorem 4.1. [1] page 14. First of all A1 is necessary in proving that the family of transition kernel $(P_{\sigma, \Lambda})_{(\sigma, \Lambda)}$ is uniformly geometrically ergodic (Proposition 2.1. page 8) i.e. there exists $\rho < 1$, $R < \infty$ such that for any $n \geq 0$ and $x \in \chi$, we have:

$$\sup_{(\sigma, \Lambda)} \|P_{\sigma, \Lambda}(X_n, \cdot) - \pi\|_V \leq R\rho^n V(x).$$

Also it assures us that $(\sigma, \Lambda) \mapsto P_{(\sigma, \Lambda)}f$ is a smooth function of its parameters. We obtain that A1, A3 assure that the process generated by the algorithm satisfies the assumptions B1 – B4 from [1], pages 13 – 14 and thus Theorem 4.1. can

be applied. The second part of 4.1 consists in finding a superior bound of the expectation of the differences of the parameters that fits in the framework of Lemma 6.3.,[1], page 22.

The conditions *A1* and *A3* are reasonable in the context of parameter-tuning problem and are somehow classical in the literature. However, condition *A2* is hard to check in practice because computing τ is essentially the computation of an integral with respect to the target distribution.

5 Discussion about the adaptive MALA

It appears that the algorithm introduced in this article performs better than its non adaptive counterpart. Indeed it avoids the need of determining the adequate parameters by taking care automatically of the parameter tuning problem, even though, as explained in [1], Section 3.1, page 9, the simulation tends to be unreliable in its early stages. Furthermore, this algorithm performs, according to the author, almost as well as the standard one with optimal parameters and much better than an adaptive algorithm which only updates the scale parameter, leaving unchanged the covariance matrix. We emphasize that the performance of the algorithm heavily depends on how efficiency is defined. The algorithm is designed assuming that the efficiency depends on the scaling parameter σ and on the acceptance rate. If somehow the efficiency problem could be formulated as a convex optimization problem of σ and τ resulting in two unique values σ_{opt} respectively τ_{opt} , then the algorithm would be most fitted. Thus, in order to better employ the ergodic properties that it enjoys a next step could be the theoretical development of a framework in which the notion of efficiency could be defined clearly and some strategies of tracking down the optimal parameters. An alternative adaptive version, proposed by Shaby and Wells in 2010 intends to take care of the necessity of different tunings for the transient and stationary phases.

References

- [1] (2005) *An adaptive version for the Metropolis adjusted Langevin algorithm with a truncated drift*. Methodology and Computing in Applied Probability **8**.
- [2] (2001) *Optimal scaling of various Metropolis-Hastings algorithms*. Statistical Science **16**.

3.3.2 Projet : Recherche de nourriture par un pollinisateur

Le rapport suivant est issu d'un projet de deuxième année de master, avec Julie Fournier, ayant été encadré par Vincent Bansaye et Emmanuelle Porcher, qui se focalise sur la modélisation du déplacement d'un pollinisateur à la recherche de nourriture.

Le mouvement brownien y est prédominant et on y trouve de nombreuses simulations, pour compenser l'absence quasi totale de résultats théoriques.

Recherche de nourriture par un pollinisateur

Julie FOURNIER - Laure PEDECHES

RAPPORT DE PROJET

Encadrants : Vincent BANSAYE - Emmanuelle PORCHER

Mars 2014

1 Introduction

Les plantes et les pollinisateurs entretiennent des relations à bénéfices réciproques : les seconds recueillent le pollen des premières tout en permettant sa propagation. Les pollinisateurs sont sélectionnés pour optimiser leur gain d'énergie par unité de temps : il s'agit pour eux de repérer les espèces de plantes ou les individus fournissant le maximum de ressources (nectar ou pollen) et d'effectuer le trajet le plus efficacement possible entre ces plantes.

Pendant notre projet, nous nous sommes concentrées sur le problème suivant : en modélisant le mouvement d'un pollinisateur ainsi que la répartition d'une ou plusieurs fleurs dans un domaine borné, nous avons cherché à déterminer l'impact des paramètres du modèle sur « l'efficacité » d'une abeille partant d'un point donné - sa ruche. Les quantités choisies pour mesurer cette « efficacité » vont bientôt être présentées.

Nous avons tenté de répondre à cette question grâce à la théorie mais, comme cela s'est avéré assez difficile, des simulations nous ont quand même permis d'obtenir des résultats et de pointer les problèmes qu'il serait intéressant d'approfondir.

Notre travail a été encadré par Vincent BANSAYE, chercheur au Centre de Mathématiques Appliquées de l'école Polytechnique et par Emmanuelle PORCHER, chercheuse au Museum National d'Histoire Naturelle ; nous les remercions pour leur aide et leur disponibilité.

Nous commençons par présenter plus en détail le cadre de l'étude et le modèle stochastique choisi pour représenter le mouvement d'un pollinisateur - appelé aussi abeille dans la suite -, du moins celui sur lequel nous nous sommes le plus attardés : un mouvement brownien plan dilaté avec dérive (ou *drift*).

Nous présentons ensuite les principaux résultats obtenus qui sont des éléments de réponse à deux questions principales :

- on ne considère qu'une fleur dans le domaine, dont les coordonnées sont soit déterministes, soit aléatoires. Quelle est la probabilité que le pollinisateur visite cette fleur avant un temps fixé ?
- on considère que le domaine est parsemé de plusieurs fleurs, suivant une répartition aléatoire. Quel est le nombre moyen de fleurs visitées avant un temps fixé ?

Ces deux questions sont respectivement traitées dans les deuxième et troisième parties. Dans la dernière partie, nous présentons quelques pistes de recherche qu'il serait intéressant d'approfondir. Nous y évoquons également des améliorations envisageables de notre modèle ainsi que d'autres modèles possibles.

Nos simulations ont été effectuées sur les logiciels `Matlab` (version R2012a) ou son équivalent libre `Scilab` (version 5.3.3). Nous n'avons pas jugé nécessaire de faire figurer nos programmes dans le cœur de ce rapport ; certains, représentatifs des types de simulation fréquemment employés lors de notre travail, peuvent être trouvés en annexe.

Table des matières

1	Introduction	1
2	Modélisation	4
2.1	Cadre de l'étude	4
2.2	Mouvement de l'abeille	4
2.3	Ordre de grandeur des paramètres	6
3	Recherche d'une fleur	7
3.1	Impact des paramètres	7
3.1.1	Évolution temporelle	7
3.1.2	Impact du rayon de détection de la fleur	7
3.1.3	Impact de la distance entre fleur et ruche	8
3.1.4	Impact de la variance de l'abeille pour une fleur fixe	9
3.1.5	Impact de la distribution de la fleur	10
3.2	Quelques résultats théoriques dans le cas d'une dérive nulle	15
3.2.1	Espérance du temps de sortie du domaine	15
3.2.2	Probabilité d'atteindre la frontière du domaine avant de visiter la fleur	15
3.2.3	Espérance de T_{inf}	16
3.2.4	Exploitation des résultats portant sur la densité approchée	16
4	Nombre de fleurs visitées avant un temps fixé	21
4.1	Modèle pour la répartition des fleurs	21
4.2	Influence des paramètres	21
4.2.1	Influence de la durée du mouvement	22
4.2.2	Influence du nombre moyen de fleurs	22
4.2.3	Influence de la variance	24
4.2.4	Influence de la dérive	25
4.3	Problème de temps de calcul	26
5	Autres esquisses de recherche	27
5.1	Complexification du modèle relatif aux fleurs	27
5.2	Modélisation du mouvement du pollinisateur par une marche aléatoire	27
5.3	Trajectoire et spirale archimédienne	28
5.4	<i>Drift</i> et équation différentielle stochastique	30
5.5	Le processus d'Ornstein-Uhlenbeck	31
6	Conclusion	32
7	Annexe	33
8	Bibliographie	39

2 Modélisation

2.1 Cadre de l'étude

Les pollinisateurs jouent un rôle crucial dans de nombreux phénomènes écologiques, particulièrement dans la... pollinisation, même si cette dernière peut s'effectuer, dans une moindre mesure, avec l'assistance du vent ou de l'eau ; leur déclin actuel, dû entre autres à un emploi excessif de pesticides, pourrait avoir des conséquences drastiques sur les productions agricoles dont ils sont des acteurs majeurs.

On s'intéressera ici, en se plaçant dans un espace à deux dimensions, au mouvement d'un pollinisateur partant de sa ruche et cherchant des fleurs, sans prendre en considération sa mémoire, fût-elle à court ou à long terme, ou la nature du terrain.

2.2 Mouvement de l'abeille

Nous avons modélisé le mouvement de l'abeille $(A_t)_{t>0}$ par un mouvement brownien dilaté par un écart-type σ , partant d'un point $x = (x_1, x_2)$ du plan, avec un *drift* (ou dérive) dans la direction $u = (u_1, u_2)$. Ainsi, on suppose qu'il existe un mouvement brownien standard $(B_t)_{t>0}$ tel que :

$$\forall t > 0, A_t = \sigma B_t + tu + x.$$

D'un point de vue écologique, le *drift* peut être interprété comme un vent constant dans une direction u particulière, ou comme une direction privilégiée par l'abeille pour tout autre raison. Pour t grand, cela a tendance à éloigner l'abeille de son point de départ plus que cela semble raisonnable.

Instinctivement, la variance σ^2 pourrait être vue comme codant la "vitesse du mouvement brownien" si cela voulait dire quelque chose.

La présence du *drift* a souvent beaucoup compliqué nos recherches théoriques. Il semble que des propriétés du mouvement brownien ne se généralisent pas facilement lorsque l'on ajoute une dérive au mouvement.

Le point de départ, la variance et le *drift* sont les paramètres du mouvement. On s'intéressera aux dépendances entre les probabilités évaluées et ces paramètres.

Le pollinisateur évolue dans un domaine Ω qui peut être le plan tout entier, ou borné (rectangulaire ou circulaire).

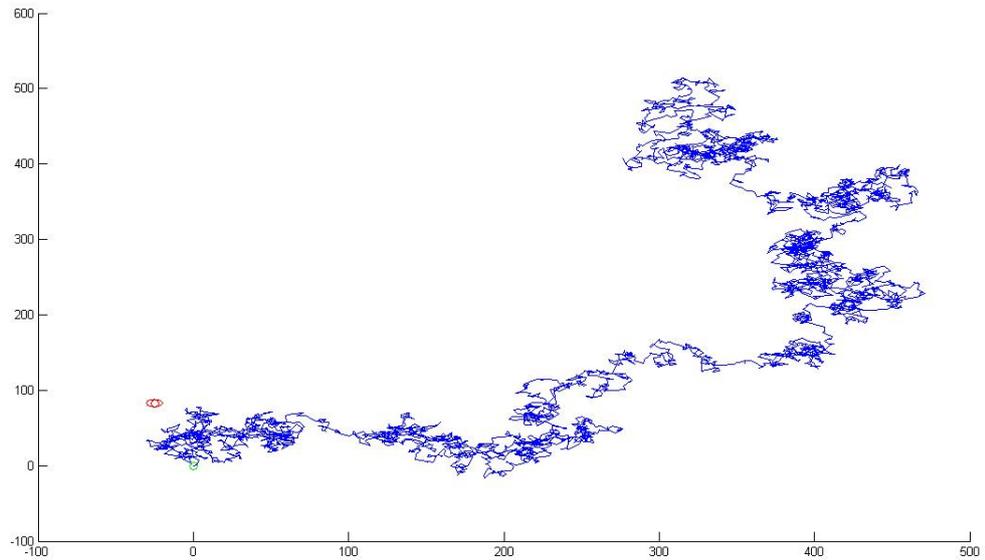
Le domaine contient une ou plusieurs fleurs, chacune entourée d'un « disque d'attraction » centré en la fleur et de rayon r , constante identique quelle que soit la fleur. D'un point de vue biologique, le rayon de ce disque modélise la distance à laquelle le pollinisateur constate la présence d'une fleur. D'un point de vue mathématique, presque sûrement, un mouvement brownien plan atteint presque sûrement tout ouvert et avec probabilité nulle un point donné. Il fallait donc placer chaque fleur dans un ouvert pour qu'elle puisse être « repérée » par le pollinisateur, à cause de notre choix de modèle (et cela correspond en outre davantage à la réalité : une abeille repère une fleur à une certaine distance).

On dira que le pollinisateur « visite » une fleur dès que sa trajectoire entre dans le disque d'attraction de cette fleur. Le temps auquel on décide d'arrêter la simulation est appelé durée du mouvement, et est aussi un paramètre de notre modèle.

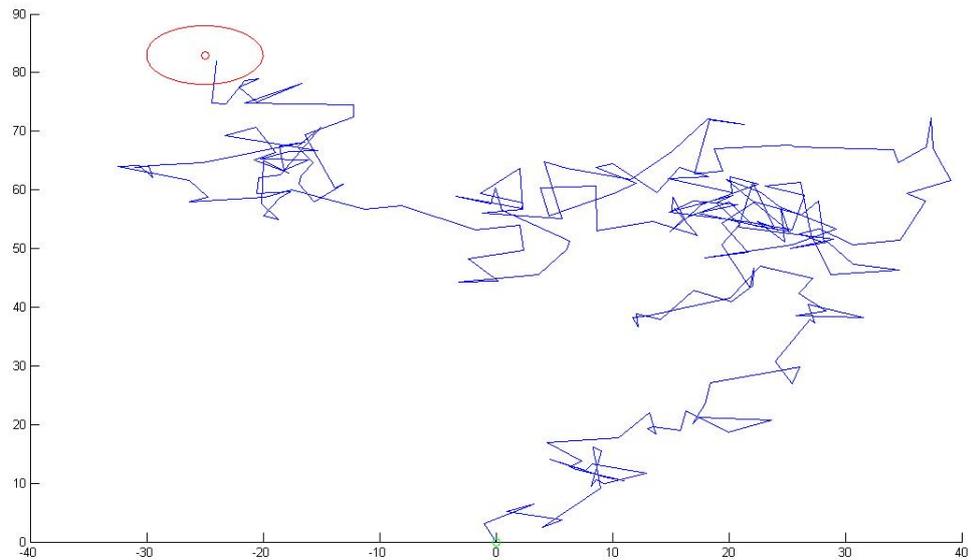
Les simulations du mouvement d'un pollinisateur ont été effectuées en discrétisant le temps avec un pas très petit. Il faut remarquer que cette simulation est imparfaite : en effet, elle ne simule pas le processus choisi pour modéliser le phénomène voulu, puisque celui-ci est continu, et peut donc induire des erreurs dans les probabilités

calculées par simulations, en plus de celles liées au nombre fini de simulations (en particulier pour le calcul de probabilités empiriques ou de temps moyen).

Ci-dessous, la simulation d'une trajectoire qui atteint la fleur (en rouge) en partant de la ruche (en vert), et d'une trajectoire qui y échoue (au temps $t = 500$). Ici, la ruche est à l'origine ($x = 0$), le pas vaut 0.1, la fleur est en $(-25, 83)$, $r = 5$, $\sigma = 10$ et $u = (0.5, 1.4)$.



Document 1 – Trajectoire n'atteignant pas la fleur située en $(-25, 83)$, pour $r = 5$, $\sigma = 10$ et $u = (0.5, 1.4)$



Document 2 – Trajectoire atteignant la fleur située en $(-25, 83)$, pour $r = 5$, $\sigma = 10$ et $u = (0.5, 1.4)$

2.3 Ordre de grandeur des paramètres

Rayon du disque d'attraction Un pollinisateur peut repérer une fleur grâce à son odorat ou à sa vue. Dans le premier cas, des expériences ont permis de constater que la détection pouvait se faire à plusieurs centaines de mètres de distance, si le vent soufflait dans la bonne direction. Nous n'avons pas considéré ce type de détection et nous avons seulement pris en compte la détection par la vue qui se fait à quelques centimètres de distance. Ainsi, r est de l'ordre du mètre (NB : nombre des simulations présentés par la suite ont été effectués avec des paramètres plus importants, d'une part par souci de lisibilité des graphiques et d'autre part par ignorance de ce fait (même si les paramètres n'ont pas d'unité ici)).

Durée du mouvement Un pollinisateur, pour butiner, peut quitter son lieu d'habitation pour une durée allant d'une vingtaine de minutes à une heure (voir la figure 1 de [?]). On peut considérer que la durée de mouvement est de cet ordre de grandeur, même si notre modèle ne modélise pas le retour au point de départ.

Rayon du domaine Il peut être de l'ordre du kilomètre.

3 Recherche d'une fleur

3.1 Impact des paramètres

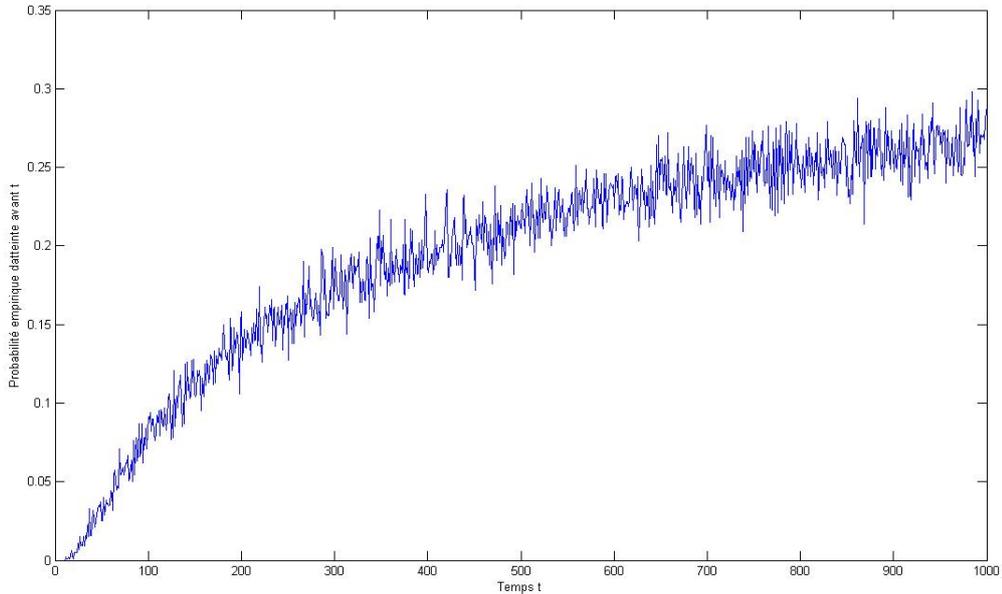
On s'intéresse ici à l'évolution de la probabilité $\mathbb{P}_x(T_r \leq t)$ pour un processus $A_t = \sigma B_t + u$, en fonction des paramètres du modèle, et de la distribution de fleur.

3.1.1 Évolution temporelle

On considère ici un processus sans *drift* ($u = 0$), partant de la ruche située à l'origine.

La fleur est fixe, en $(f_1, f_2) = (100, 50)$.

Pour $r = 10$ et $\sigma = 10$, on obtient la courbe suivante (les scripts correspondant sont placés en annexe) :



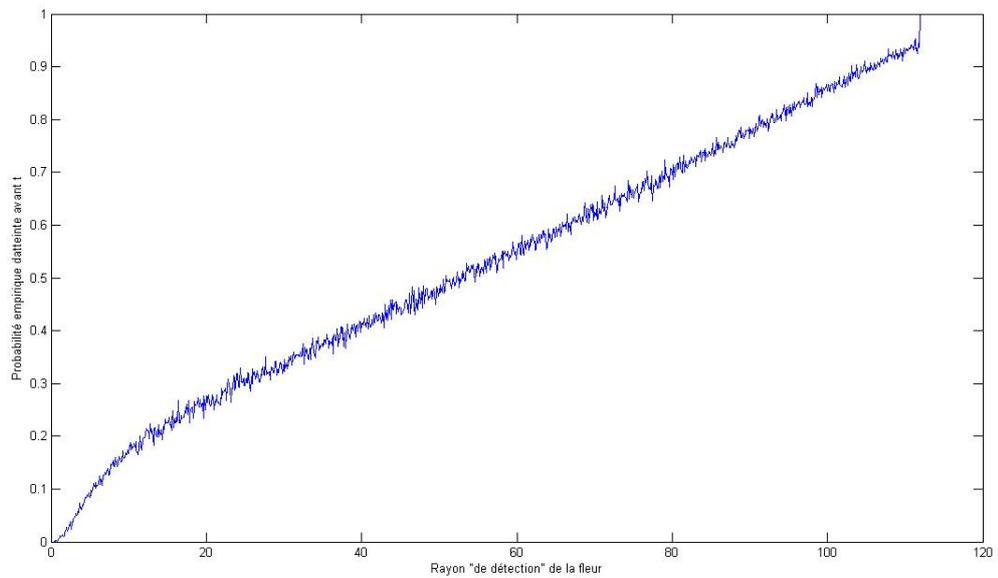
Document 3 – Evolution temporelle de la probabilité d'atteinte pour $r = 10$, $\sigma = 10$ et la fleur en $(100, 50)$

Sans surprise, $\mathbb{P}_x(T_r \leq t)$ croît avec le temps, de moins en moins rapidement.

D'autres simulations en introduisant un *drift* ou une distribution aléatoire pour la fleur (uniforme ou normale, par exemple) produisent des résultats similaires.

3.1.2 Impact du rayon de détection de la fleur

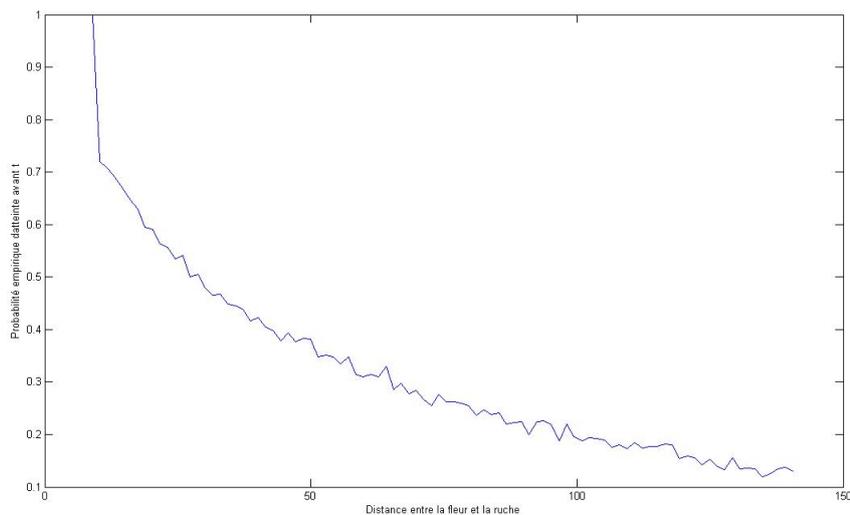
Sous les mêmes conditions, on étudie le lien entre la distance r à laquelle la fleur est détectée par l'abeille et la probabilité d'atteinte de cette fleur.



Document 4 – Evolution de la probabilité d’atteinte en fonction de r pour $\sigma = 10$, $t = 300$ et la fleur en $(100, 50)$

Ci-dessus, la fleur est située en $f = (100, 50)$, pour $\sigma = 10$, $t = 300$ et la courbe est réalisée à partir de 2000 itérations pour le calcul de la probabilité empirique, avec un incrément de r de 0.1 pour chaque nouveau point. L’évolution semble pseudo-linéaire pour r compris entre 10 et 110 (au-delà, on a atteinte presque sûre, car $\|f\| \approx 112$).

3.1.3 Impact de la distance entre fleur et ruche



Document 5 – Evolution de la probabilité d’atteinte en fonction de la distance entre la fleur et la ruche, pour $r = 10$ et $\sigma = 10$

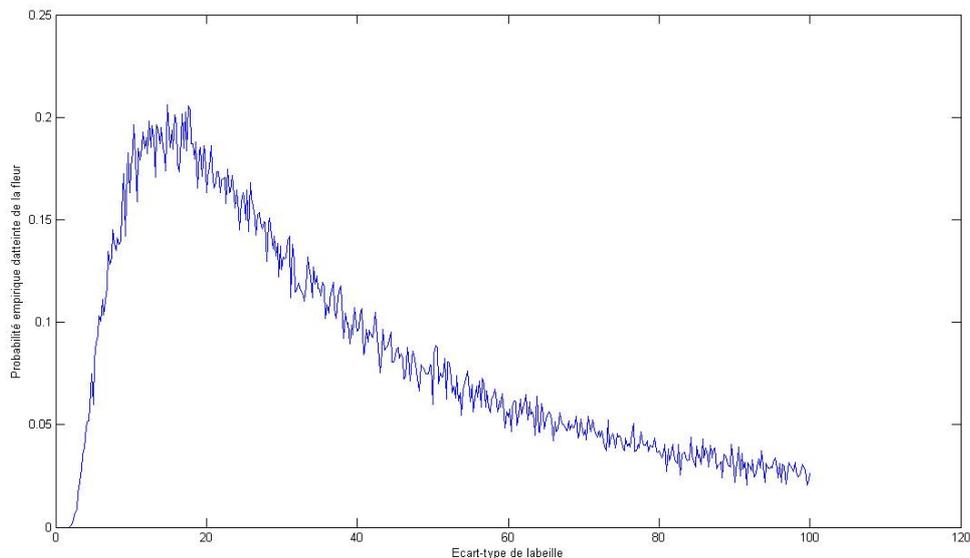
Comme précédemment, le processus est de la forme $A_t = \sigma B_t$ et la fleur est fixe. On fait varier la distance entre l'origine et la position de la fleur, pour un rayon de détection et un instant fixé, à savoir $r = 10$ et $t = 300$.

La courbe ci-dessus est obtenue pour $\sigma = 10$, pour une probabilité empirique obtenue à partir de 2000 itérations.

Là encore, l'intuition est confirmée : plus la distance est importante plus la probabilité que l'abeille atteigne la fleur est faible, avec une diminution rapide dès que la fleur sort du rayon de détection initial de l'abeille.

3.1.4 Impact de la variance de l'abeille pour une fleur fixe

Dans un premier temps, on reste dans le cadre d'un mouvement sans dérive ($u = 0$), avec une fleur à position fixe. On s'intéresse à l'évolution de la probabilité d'atteinte de la fleur avant l'instant test choisi en fonction de l'écart-type σ associée au mouvement de l'abeille.

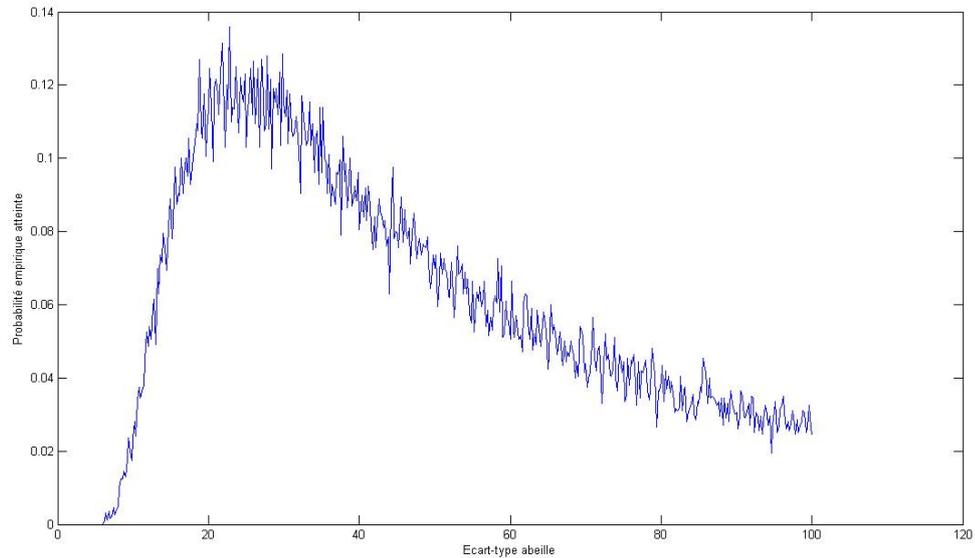


Document 6 – Evolution de la probabilité d'atteinte en fonction de la variance de l'abeille pour $t = 300$, $r = 10$ et la fleur en $(100, 50)$

Ici on observe un résultat davantage inattendu, une augmentation violente avec la variance jusqu'à un maximum (ici atteint pour σ entre 15 et 20) après lequel on a une décroissance progressive ; pour des jeux de paramètres différents, l'allure des courbes obtenues reste identique.

Ainsi il y aurait une valeur optimale pour la variance du mouvement de l'abeille pour la détection d'une fleur fixe lorsqu'il n'y a pas de *drift*.

L'introduction d'un *drift*, $u = (1, -2)$, entraîne une altération de la probabilité d'atteinte, selon les directions relatives du *drift* et de la fleur, ainsi qu'un brouillage des données collectées, mais le pic, pour une valeur relativement faible de la variance, reste nettement visible (les paramètres sont les mêmes que lors de la simulation précédente).



Document 7 – Evolution de la probabilité d'atteinte en fonction de la variance de l'abeille pour $t = 300$, $r = 10$, $u = (1, -2)$ et la fleur en $(100, 50)$

Dans ce cas précis, on remarque que le pic est atteint pour un écart-type de l'ordre de 25 et que la probabilité d'atteinte maximale est environ réduite de moitié.

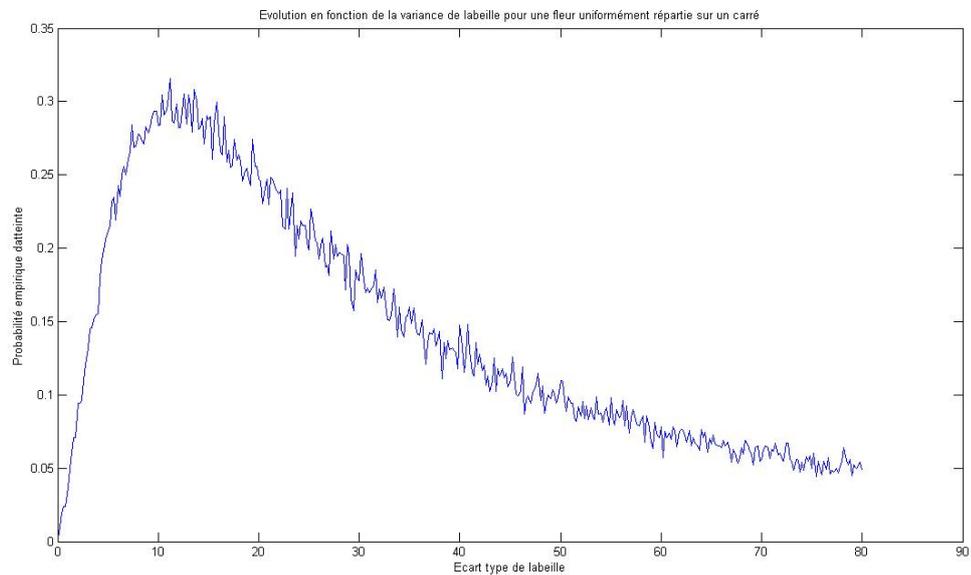
3.1.5 Impact de la distribution de la fleur

Jusqu'ici, on a supposé largement que la fleur était fixée. On va dorénavant lui accoler une distribution aléatoire.

En particulier, on considérera deux cadres, celui d'une répartition uniforme sur un carré centré en l'origine, et celui d'une répartition gaussienne avec indépendance entre les deux axes.

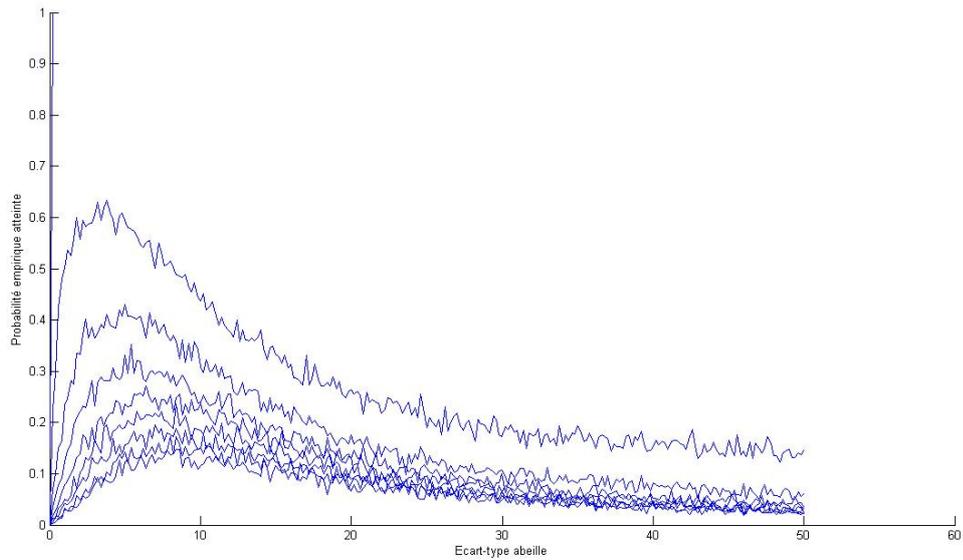
Les évolutions en fonction du temps ou de la distance de détection de la fleur restent semblables aux représentations obtenues plus tôt, tout comme l'allure générale de l'évolution en fonction de la variance de l'abeille, dont on donne un exemple ci-après.

Ici, $u = 0$, $t = 300$, $r = 10$ et la position de la fleur suit une loi uniforme sur le carré de côté $10r$ centré en l'origine.



Document 8 – Evolution en fonction de la variance de l'abeille de la probabilité d'atteinte pour une distribution uniforme de la fleur et $r = 10$, $t = 300$ et la fleur en $(100, 50)$

Ce mystérieux pic est toujours présent et on le retrouve également lorsque la distribution de la fleur suit une loi gaussienne $\mathcal{N}(0, \varphi^2 I_2)$, à l'instar des courbes superposées ci-dessous, chacune pour une valeur de φ variant par incrément de 10 entre 0 et 80 : plus la variance de la fleur est grande plus la probabilité empirique d'atteinte est faible, ce qui ne contredit pas l'intuition.

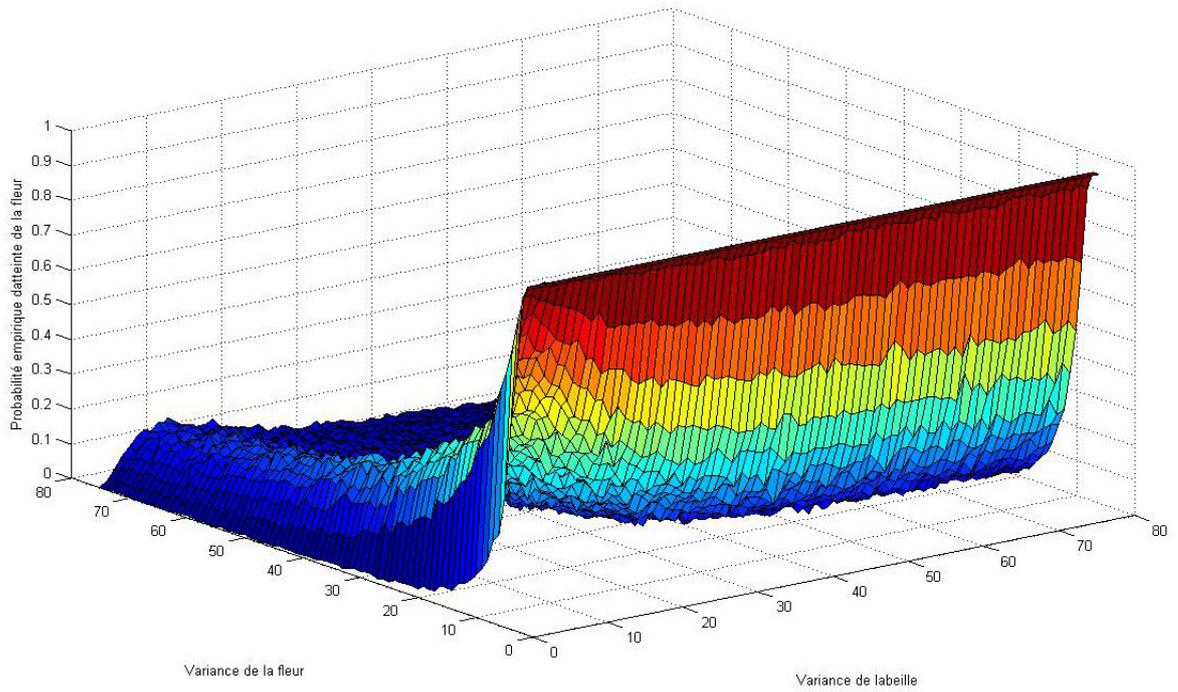


Document 9 – Evolution en fonction de la variance de l’abeille de la probabilité d’atteinte pour plusieurs valeurs de la variance de la fleur et $r = 10$, $t = 300$ et la fleur en $(100, 50)$

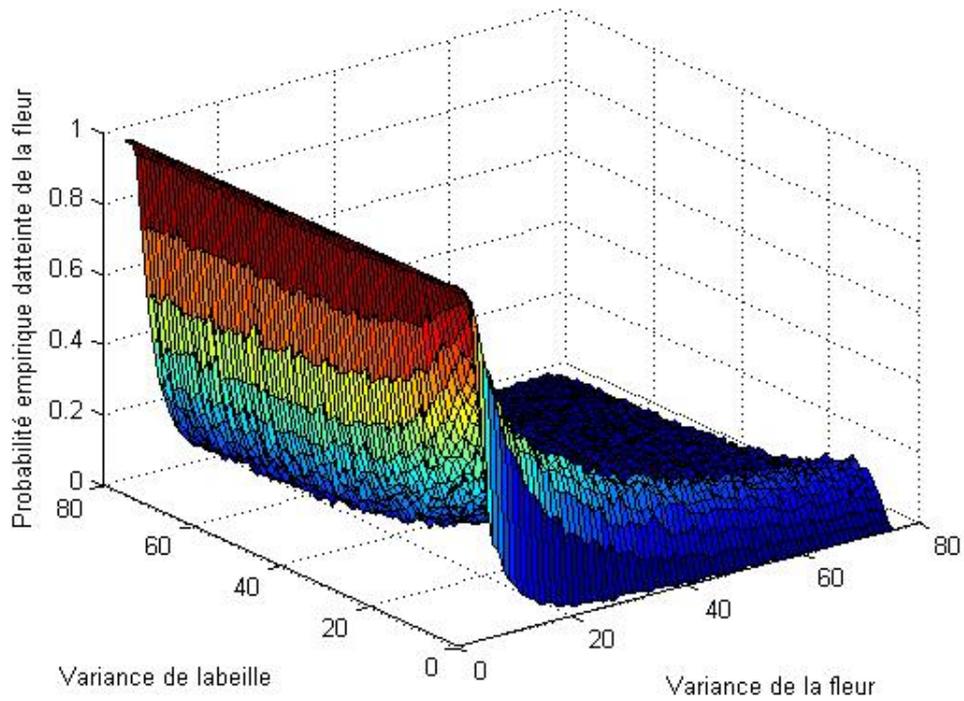
Alternativement, le graphique suivant (le second est la vue transposée, pour une meilleure clarté), présente la probabilité empirique en fonction des valeurs des écarts-types σ et φ pour $r = 5$, $t = 300$ et 1000 itérations pour le calcul de chaque point.

Les scripts permettant sa réalisation se trouvent en annexe.

Pour chaque valeur de φ un maximum semble être atteint pour une certaine valeur de σ , située dans ce cas précis entre 10 et 20. Il ne semble pas y avoir de corrélation entre les valeurs de variances σ^2 et φ^2 , et donc pas de valeur optimale pour l’une connaissant l’autre.

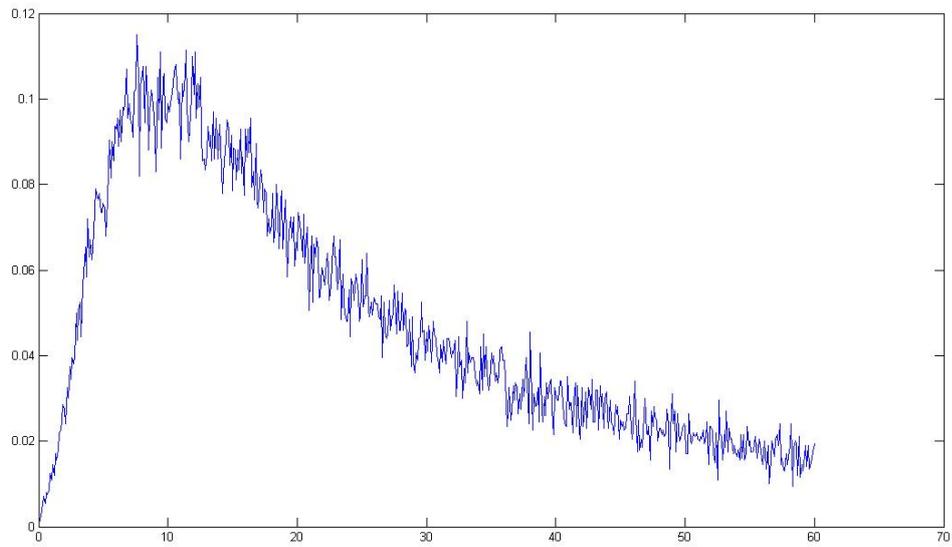


Document 10 – Evolution en fonction de la variance de l'abeille et de la variance de la fleur pour $r = 5$ et $t = 300$



Document 11 – Evolution en fonction de la variance de l'abeille et de la variance de la fleur pour $r = 5$ et $t = 300$

Pour une loi normale non centrée, $\mathcal{N}(m, \varphi^2 I_2)$, avec ici $m = (20, -15)$:



Document 12 – Evolution en fonction de la variance de l'abeille pour une fleur suivant une loi normale non centrée, de moyenne $(20, -15)$

3.2 Quelques résultats théoriques dans le cas d'une dérive nulle

Cette partie regroupe quelques résultats théoriques sur les temps d'atteinte du processus stochastique de notre modèle. Dans un premier temps, on établit quelques résultats dans le cas d'une dérive nulle. Dans un second temps, on exploite les résultats d'un article proposant l'expression d'une densité approchée pour le temps d'arrêt T_1 .

Dans les trois paragraphes suivants, les paramètres de notre processus (A_t) sont une dérive $u = (0, 0)$ et une variance σ^2 quelconque. On fait également des hypothèses sur le domaine et la position de la fleur, située en 0 , au centre d'un disque d'attraction de rayon r , et au centre du domaine $D(0, R)$. Le point de départ x de l'insecte vérifie $r < \|x\| < R$.

En plus de T_r , on introduit les temps d'arrêt suivants : $T_R := \inf \{t \geq 0 \mid \|A_t\| = R\}$ le temps d'atteinte de la frontière du domaine et $T_{inf} = \inf(T_R, T_r)$.

3.2.1 Espérance du temps de sortie du domaine

On note encore B_t le mouvement brownien standard en dimension 2 intervenant dans la définition de notre modèle. Commençons par donner une expression du temps moyen de sortie du domaine.

Soit $W_t = \|A_t\|^2 - 2\sigma^2 t$. Montrons que $(W_t)_{t \geq 0}$ est une martingale. On décompose notre mouvement brownien à deux dimensions selon ses coordonnées dans la base canonique de \mathbb{R}^2 : $(B_t) = ((B_1)_t, (B_2)_t)$. $(B_1)_t$ et $(B_2)_t$ sont deux mouvements browniens standards indépendants.

$$\begin{aligned} W_t &= (A_1)_t^2 + (A_2)_t^2 - 2\sigma^2 t \\ &= (\sigma(B_1)_t + x_1)^2 + (\sigma(B_2)_t + x_2)^2 - 2\sigma^2 t \\ &= \sigma^2(B_1)_t^2 + 2\sigma x_1(B_1)_t + x_1^2 + \sigma^2(B_2)_t^2 + 2\sigma x_2(B_2)_t + x_2^2 - 2\sigma^2 t \\ &= \sigma^2((B_1)_t^2 - t) + \sigma^2((B_2)_t^2 - t) + 2\sigma x_1(B_1)_t + 2\sigma x_2(B_2)_t + x_1^2 + x_2^2 \end{aligned}$$

On reconnaît ici une somme de martingales : $(B_1)_t$ et $(B_2)_t$ sont bien sûr des martingales et on montre facilement que $((B_1)_t^2 - t)$ et $((B_2)_t^2 - t)$ aussi. On en déduit que (W_t) est une martingale et on lui applique le théorème d'arrêt. T_R est fini presque sûrement, par propriété de récurrence du mouvement brownien en dimension 2. On obtient :

$$\mathbb{E} [W_{T_R}^2 - 2T_R] = \mathbb{E} [W_0]$$

ce qui donne :

$$\mathbb{E} [T_R] = \frac{R^2 - \|x\|^2}{2}.$$

3.2.2 Probabilité d'atteindre la frontière du domaine avant de visiter la fleur

Les démonstrations des résultats suivants sont basées sur l'utilisation du potentiel d'un processus de Bessel. La formule d'Itô montre que la norme $(\rho_t)_{t \geq 0}$ de $(B_t)_{t \geq 0}$, où $(B_t)_{t \geq 0}$ est un mouvement brownien standard en dimension 2, vérifie l'équation différentielle stochastique suivante :

$$\forall t \geq 0, \quad d\rho_t = d\beta_t + \frac{1}{2} \frac{dt}{\rho_t},$$

où (β_t) est un mouvement brownien standard.

Une nouvelle application de la formule d'Itô permet de calculer le générateur de $(\rho_t)_{t \geq 0}$: pour toute fonction f de classe \mathcal{C}^2 bornée et aux dérivées bornées :

$$\forall x > 0, \quad Af(x) = \frac{1}{x}f'(x) + \frac{1}{2}f''(x) = \frac{1}{2x^2} \frac{d}{dx} \left[x^2 \frac{df}{dx} \right]$$

Par définition du générateur appliqué à une fonction f ,

$$\forall t \geq 0, \quad \mathbb{E}[f(\rho_t)] = f(\|x\|) + \int_0^t Af(\rho_u) du$$

La fonction \ln est solution de l'équation différentielle :

$$\frac{d}{dx} \left[x^2 \frac{df}{dx} \right] = 0$$

On déduit de que $(U_t) := (\ln(\rho_t))$ est une martingale. On lui applique le théorème d'arrêt, T_{\inf} étant un temps d'arrêt borné p.s. :

$$\mathbb{E}[U_T] = \mathbb{E}[U_0],$$

$$\text{soit } P(T_r < T_R) \ln(r) + P(T_r \geq T_R) \ln(R) = \ln(\|x\|),$$

$$\text{et donc } P(T_r < T_R) = \frac{\ln(\|x\|/R)}{\ln(r/R)}.$$

3.2.3 Espérance de T_{\inf}

Cette fois, remarquons que la fonction $h : y \mapsto -\frac{y^2}{2} + r^2 \ln(R/\|x\|) + R^2 \frac{\ln(\|x\|/r)}{2 \ln(R/r)}$ est solution de l'équation différentielle :

$$\frac{d}{dx} \left[x^2 \frac{df}{dx} \right] = -1 \quad \text{avec les conditions } h(r) = h(R) = 0.$$

Cela permet d'exhiber une autre martingale fonction de notre processus d'intérêt : $(V_t) = (h(\rho_t) + t)$. En appliquant le théorème d'arrêt à (V_t) pour le temps d'arrêt T_{\inf} , on obtient :

$$\mathbb{E}[T_{\inf}] = -\frac{\|x\|^2}{2},$$

3.2.4 Exploitation des résultats portant sur la densité approchée

Dans [?], les auteurs proposent une approximation de la densité du temps d'atteinte de la boule unité par un processus de Bessel standard en dimension 2.

Ceci équivaudrait, dans la situation que nous intéresse, à avoir une fleur à l'origine, au centre d'un cercle de rayon 1.

En partant d'une distance $u > 1$ de l'origine, pour tout $t > 0$,

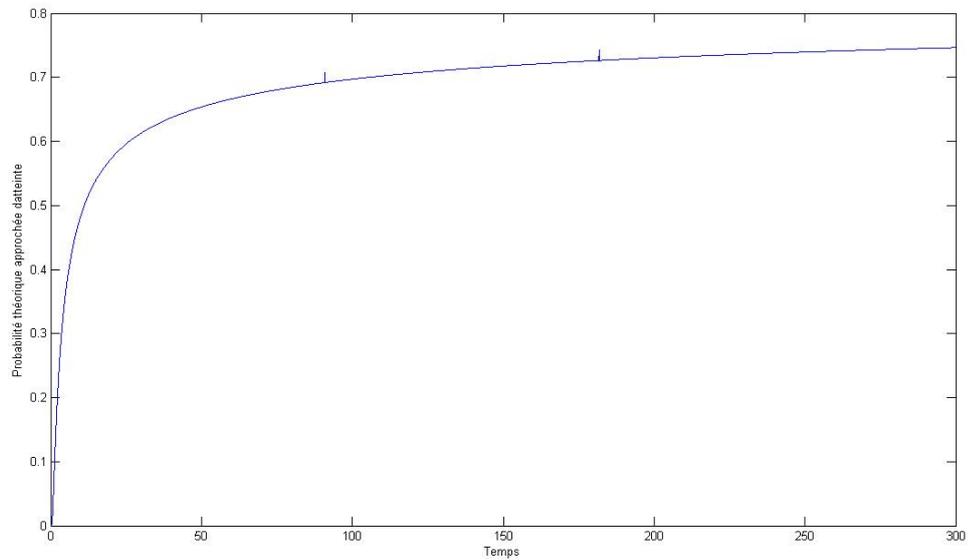
$$q_u(t) \approx \frac{\sqrt{u+t}(u-1)(1+u)e^{-(u-1)^2/2t}}{ut^{3/2}(1+\ln(1+t/u))(1+\ln(t+u))}$$

où $f \approx g$ signifie qu'il existe deux constantes c_1 et c_2 strictement positives telles que $c_1 \leq f/g \leq c_2$.

En notant T_a le temps d'atteinte du cercle de centre l'origine et de rayon a , on obtient pour un processus de Bessel issu d'un mouvement brownien standard,

$$\mathbb{P}_u(T_1 \leq t) \approx \int_0^t q_u(s) ds$$

On peut alors tracer l'évolution de la quantité ci-dessus en fonction du temps (ici, $u = 3$).



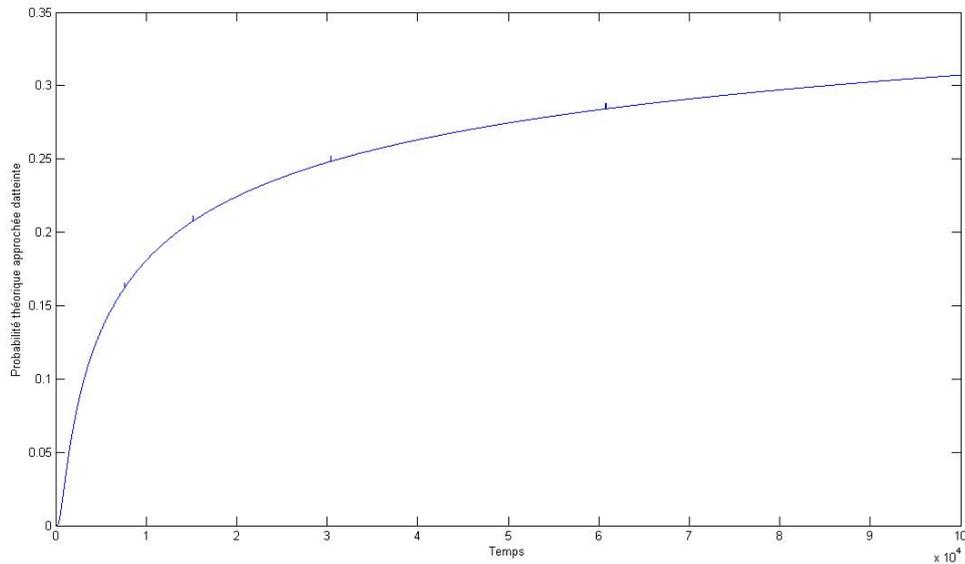
Document 13 – Evolution temporelle de la probabilité d'atteinte théorique approchée, pour $u = 3$

En utilisant la propriété d'échelle du processus de Bessel, rappelée dans [?], on obtient une formule adaptée pour un processus de Bessel issu d'un mouvement brownien de variance σ^2 et une boule centrée à l'origine de rayon r .

Ainsi,

$$\mathbb{P}_u(T_r \leq t) \approx \int_0^{t\sigma^2/r^2} q_{u\sigma/r}(s) ds$$

L'évolution temporelle de la probabilité d'atteinte a une allure similaire :



Document 14 – Evolution temporelle de la probabilité d'atteinte théorique approchée, pour $u = 50$, $r = 10$ et $\sigma = 10$

A partir de ce résultat, des tentatives d'étude d'impact de la variance du mouvement brownien sur la probabilité d'atteinte se sont avérées infructueuses ; il est possible que les constantes validant l'approximation varient avec des paramètres tels que l'écart-type σ ou le rayon r du cercle de "détection de la fleur".

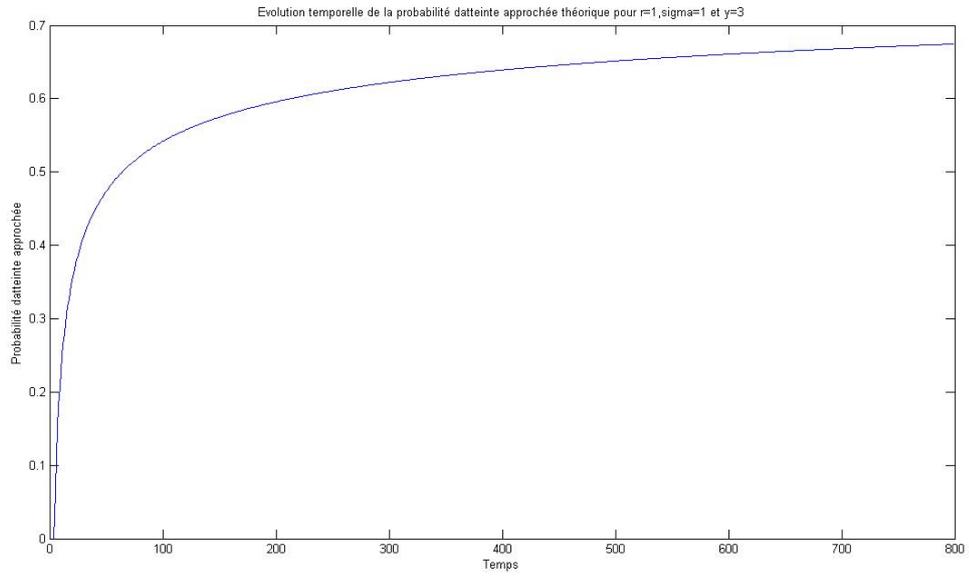
Un autre résultat, conséquence du premier, est donné plus loin dans l'article [?], à propos de la probabilité de l'événement complémentaire : pour un mouvement brownien standard, et la boule unité,

$$\mathbb{P}_u(T_1 > t) \approx \min\left(1, \frac{\ln(u)}{\ln(1 + \sqrt{t})}\right)$$

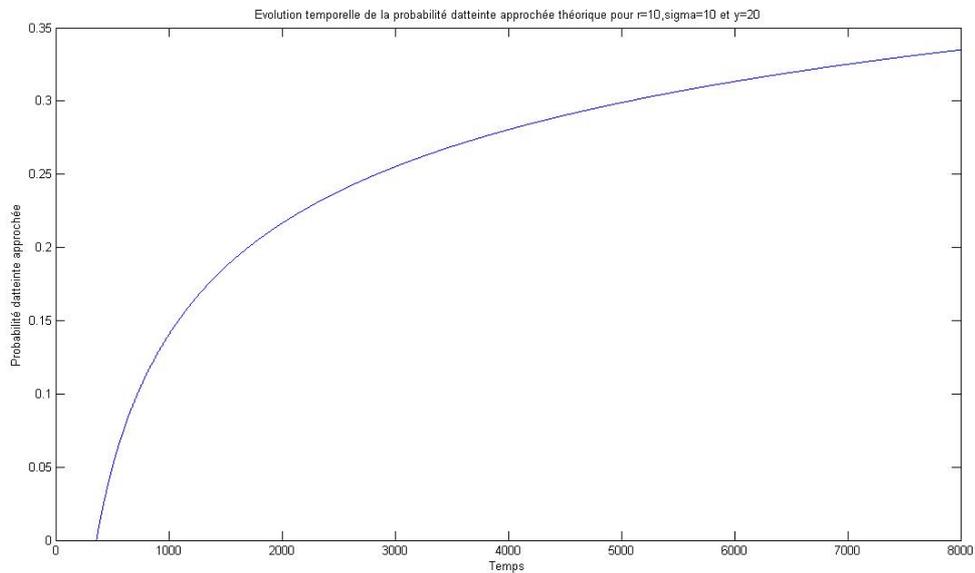
Comme précédemment, ce résultat s'étend pour σ et r positifs quelconques :

$$\mathbb{P}_u(T_r > t) \approx \min\left(1, \frac{\ln(u\sigma/r)}{\ln(1 + \sigma/r\sqrt{t})}\right)$$

Les courbes obtenus sont comparables, si ce n'est que pour une variance et un rayon différents de 1, pour t petit, la probabilité d'atteinte obtenue est nulle ; en fait la probabilité approchée est nulle si $\sqrt{t} < x - r/\sigma$.

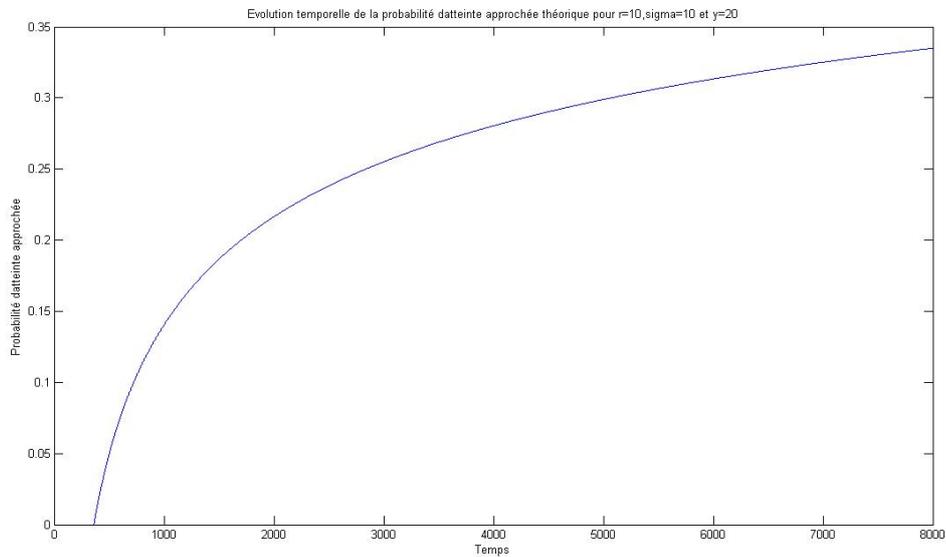


Document 15 – Evolution temporelle de la probabilité d'atteinte théorique approchée, pour $u = 3$, $r = 1$ et $\sigma = 1$



Document 16 – Evolution temporelle de la probabilité d'atteinte théorique approchée, pour $u = 20$, $r = 10$ et $\sigma = 10$

L'évolution de cette "probabilité approchée" en fonction de l'écart-type donne le graphe suivant.



Document 17 – Evolution de la probabilité d'atteinte théorique approchée en fonction de l'écart-type de l'abeille, pour $u = 20$ et $r = 10$

Par ailleurs, il ne semble pas évident d'obtenir une approximation analogue dans le cas d'un brownien avec *drift* pour un des deux résultats précédents.

Le pic caractéristique observé dans l'évolution de la probabilité d'atteinte $\mathbb{P}_x(T_r \leq t)$ en fonction de la variance du processus modélisant le déplacement de l'abeille reste inexpliqué; peut-être est-il dû à une erreur de programmation dans un des scripts.

4 Nombre de fleurs visitées avant un temps fixé

4.1 Modèle pour la répartition des fleurs

Dans cette partie, nous considérons un domaine qui contient non plus une seule fleur mais plusieurs. Les coordonnées des fleurs dans $\Omega = D(0, R)$ sont la réalisation d'un processus de Poisson homogène d'intensité λ sur Ω . La trajectoire du pollinisateur part du point $x = 0$.

Pour la simulation des fleurs dans Ω , la technique habituelle, mise en œuvre dans le programme `domaine_poisson` figurant au document 31 en annexe, consiste à simuler la réalisation d'une variable de Poisson de paramètre λ . On obtient un entier N et on simule ensuite par acceptation-rejet la réalisation de N variables aléatoires de loi uniforme sur Ω .

Le programme `volplusieurs` figurant au document 32 en annexe admet pour arguments d'entrée les coordonnées de fleurs localisées dans $D(0, R)$ ainsi que les paramètres du mouvement du pollinisateur puis simule une trajectoire du pollinisateur et compte le nombre de fleurs visitées. Cela est fait en stockant les indices des fleurs non visitées dans un vecteur. À chaque itération, si le pollinisateur se retrouve dans le disque d'attraction d'une fleur dont l'indice figure dans le vecteur, celui-ci est supprimé du vecteur. Une fleur visitée strictement plus d'une fois n'est comptée qu'une seule fois. Cela se justifie d'un point de vue biologique car on constate que les pollinisateurs évitent de visiter deux fois la même fleur - stratégie effectivement plus efficace puisqu'après un passage, une fleur à nectar est vidée de son nectar et une fleur à pollen est au moins partiellement vidée de son pollen.

En ajoutant quelques lignes à ce programme, on obtient le tracé de la trajectoire simulée sur un domaine de rayon choisi.

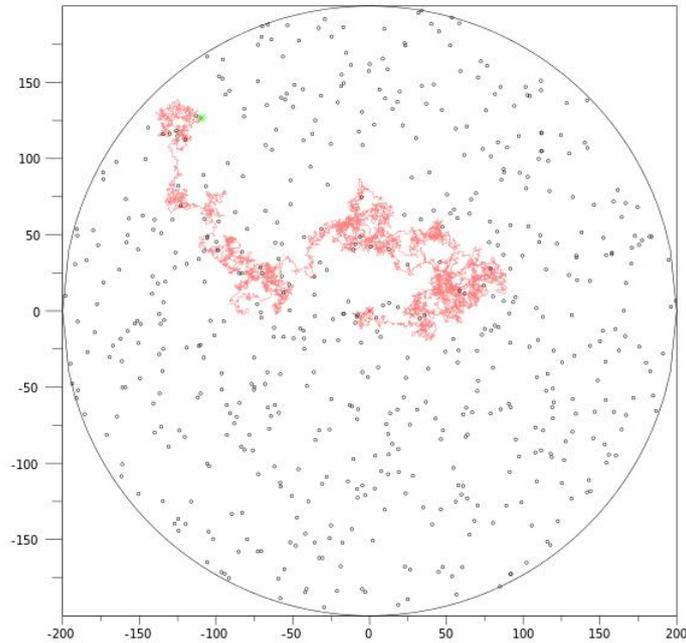
Sur la simulation du document 18, les coordonnées des fleurs sont la réalisation d'un processus de Poisson d'intensité $\lambda = 600$ sur un domaine de rayon $R = 200$, le rayon d'attraction est $r = 1$. Le processus décrivant le mouvement a un écart-type $\sigma = 10$ et une dérive dans la direction $u = (1, 1)$. La durée du mouvement est fixée à $t = 100$. Sur cette simulation, le nombre de fleurs visitées est de 75 sur un nombre total qui se trouve être $N = 600$, soit une proportion de 12,5 pour cent.

Le modèle choisi pour le mouvement du pollinisateur ne contraint pas la trajectoire à rester dans le disque $D(0, R)$ où se trouvent les fleurs - ce qui n'est sans doute pas très réaliste. Voir par exemple la simulation du document 19, lancée avec les paramètres d'entrée $R = 100$, $r = 1$, $\lambda = 300$, $\sigma = 10$, $u = (5, 0)$ et $t = 100$.

Enfin, un dernier programme combine les deux précédents. Les arguments d'entrée sont le rayon du domaine, l'intensité du processus de Poisson pour la répartition des fleurs, les paramètres du mouvement du pollinisateur et la durée du mouvement. A chacune des 100 itérations, on simule grâce au programme `domaine_poisson` un domaine comportant un certain nombre de fleurs, puis on simule la trajectoire du pollinisateur sur ce domaine et on compte la proportion de fleurs visitées grâce au programme `volplusieurs`. On obtient ainsi en sortie l'espérance empirique de la proportion de fleurs visitées avant un temps fixé.

4.2 Influence des paramètres

On cherche à évaluer l'influence de l'intensité λ du processus de répartition des fleurs, des paramètres du mouvement (variance et dérive) et de la durée du mouvement.



Document 18 – Un exemple de simulation. Les paramètres choisis sont : $R = 200$, $r = 1$, $\lambda = 600$, $\sigma = 10$, $u = (1, 1)$, $t = 100$. 75 fleurs sont visitées sur les $N = 600$ présentes.

4.2.1 Influence de la durée du mouvement

Les paramètres choisis pour le tracé du document 20 sont les suivants :

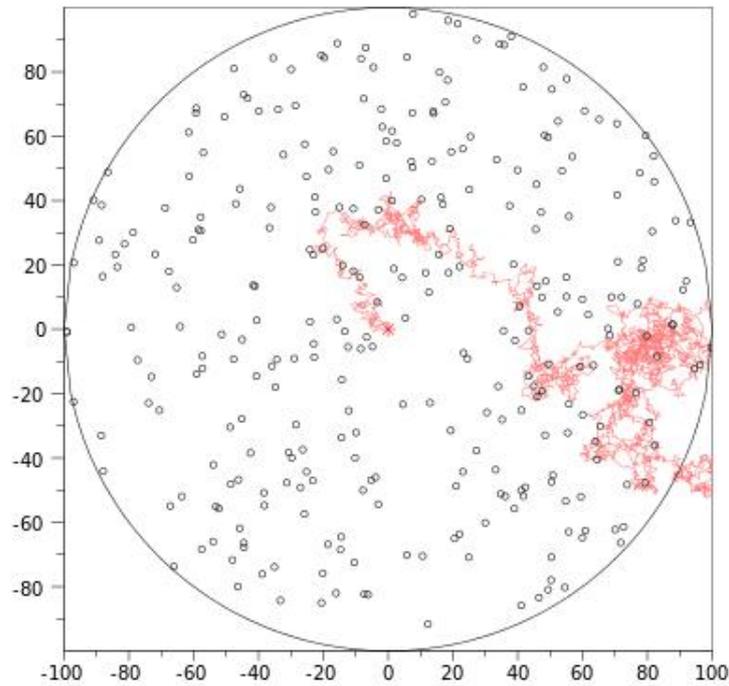
- paramètres liés au domaine : un rayon $R = 50$, un rayon d'attraction $r = 2$, un nombre moyen de fleurs $\lambda = 100$,
- paramètres liés au mouvement : un écart-type $\sigma = 10$ et une dérive $u = (-0.3, -0.5)$;

On sait avant d'effectuer ce tracé que la version théorique de cette courbe est croissante, donc l'allure de la courbe empirique n'est pas étonnante. Lorsque t tend vers $+\infty$ on sait également que la limite de la version théorique de cette courbe doit être 1, mais la plage choisie pour le tracé de la courbe empirique ne permet pas de le voir. L'espérance empirique de la proportion de fleurs visitées semble augmenter plus rapidement au voisinage de 0 que pour des valeurs de la variable t plus élevées, et semble être une fonction concave.

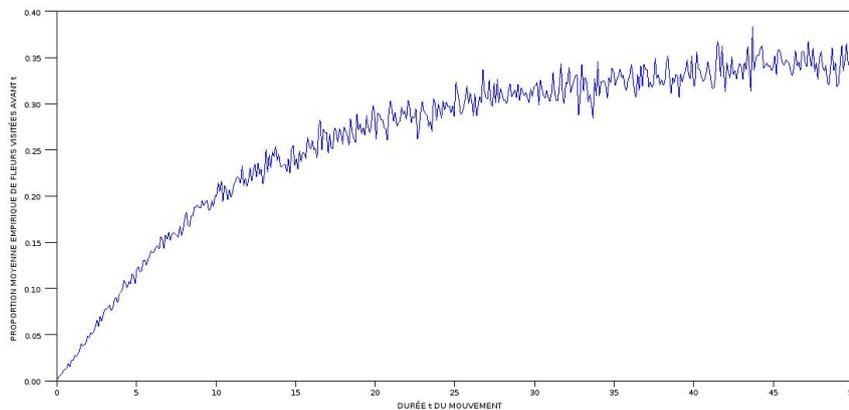
4.2.2 Influence du nombre moyen de fleurs

Les paramètres choisis pour le tracé du document 21 sont les suivants :

- paramètres liés au domaine : un rayon $R = 1000$, un rayon d'attraction $r = 1$
- paramètres liés au mouvement : un écart-type $\sigma = 10$ et une dérive $u = (0, 0)$;
- durée du mouvement : $t = 100$.



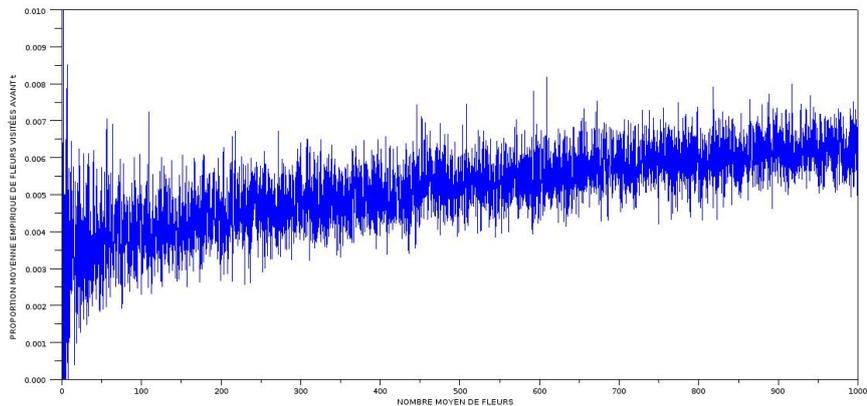
Document 19 – Un autre exemple de simulation. Les paramètres choisis sont : $R = 100$, $r = 1$, $\lambda = 300$, $\sigma = 10$, $u = (5, 0)$ et $t = 100$.



Document 20 – L'espérance empirique de la proportion de fleurs visitées en fonction de la durée du mouvement. Les paramètres choisis sont : $u = (-0.3, -0.5)$, $\sigma = 10$, $R = 50$, $r = 2$, $\lambda = 100$.

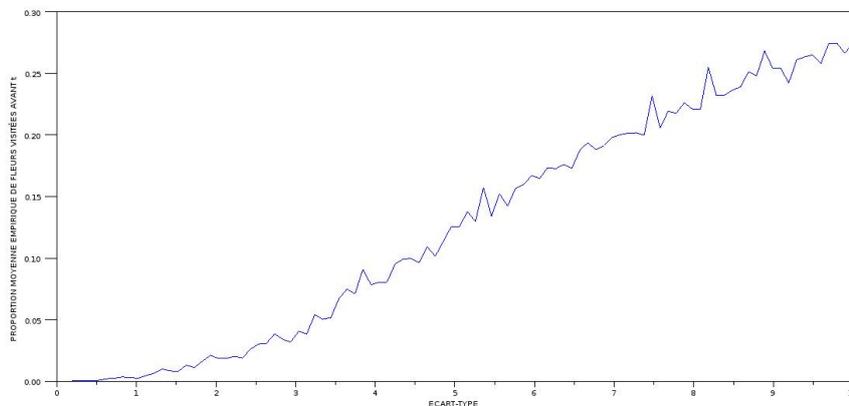
On voit que l'espérance de la proportion de fleurs visitées a tendance à croître avec le nombre moyen de fleurs dans le domaine, ce qui est tout à fait attendu. La croissance est relativement rapide quand la variable λ est proche de 0, et ralentit quand λ augmente. On peut supposer que la version théorique de cette courbe est

concave.



Document 21 – L'espérance empirique de la proportion de fleurs visitées en fonction du nombre moyen de fleurs. Les paramètres choisis sont : $u = (0, 0)$, $\sigma = 10$, $R = 1000$, $r = 1$, $t = 100$.

4.2.3 Influence de la variance



Document 22 – L'espérance empirique de la proportion de fleurs visitées en fonction de l'écart-type. Les paramètres choisis sont : $u = (0, 0)$, $R = 100$, $r = 1$, $\lambda = 100$, $t = 100$.

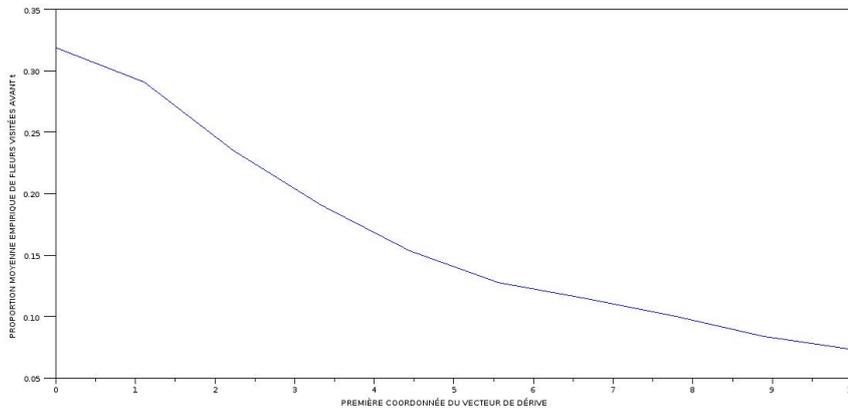
Les paramètres choisis pour le tracé du document 22 sont les suivants :

- paramètres liés au domaine : un rayon $R = 100$, un rayon d'attraction $r = 1$ et une intensité du processus ponctuel de Poisson de répartition des fleurs $\lambda = 100$;
- paramètres liés au mouvement : une dérive $u = (0, 0)$;
- durée du mouvement : $t = 100$.

La courbe a une tendance croissante. On imagine bien, en effet, qu'une variance plus grande, en augmentant l'amplitude du mouvement, permet l'exploration d'un plus grand domaine et donc la découverte de davantage de fleurs.

On peut faire l'hypothèse que la version théorique de la courbe aurait une tangente horizontale en l'origine et qu'elle présenterait en point d'inflexion en un point d'abscisse $a \in]0, 10[$ (dérivée seconde positive sur $[0, a]$, négative sur $[0, 10]$).

4.2.4 Influence de la dérive



Document 23 – L'espérance empirique de la proportion de fleurs visitées en fonction de la composante horizontale du vecteur de dérive. Les paramètres choisis sont : $\sigma = 10$, $R = 100$, $r = 1$, $\lambda = 1000$, $t = 100$.

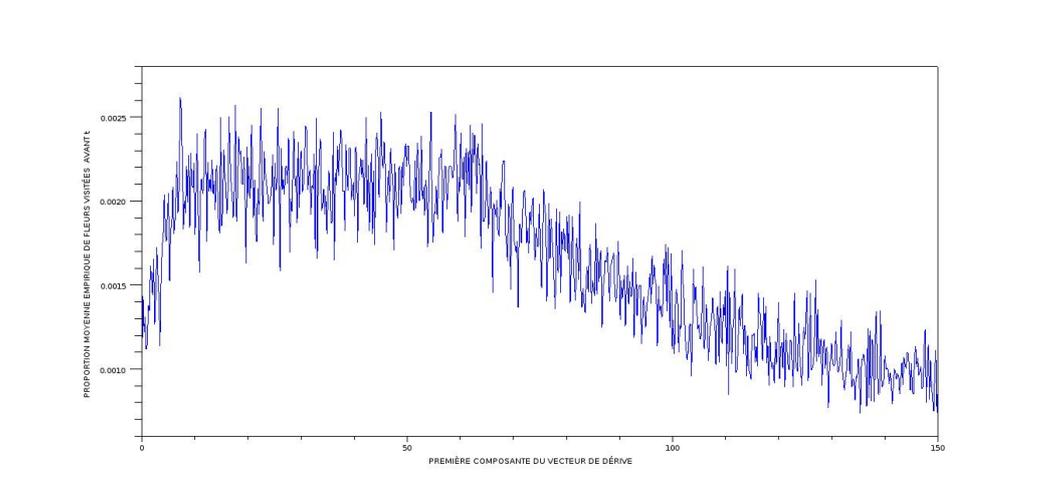
Les paramètres choisis pour le tracé du document 23 sont les suivants :

- paramètres liés au domaine : un rayon $R = 100$, un rayon d'attraction $r = 1$ et une intensité du processus ponctuel de Poisson de répartition des fleurs $\lambda = 1000$;
- paramètres liés au mouvement : un écart-type $\sigma = 10$ et une composante verticale nulle du vecteur de dérive : $u_2 = 0$;
- durée du mouvement : $t = 100$.

On obtient une courbe décroissante. Cela peut s'expliquer par le fait qu'une dérive importante entraîne le pollinisateur à l'extérieur du domaine où se trouvent les fleurs. Ce résultat n'est pas très intéressant et est lié au choix du modèle. Pour éviter ce problème de sortie du domaine d'intérêt, il faudrait augmenter le rayon du domaine et le nombre moyen de fleurs mais cela entraîne une augmentation importante du nombre de calculs demandés à l'ordinateur.

Pour pallier ce problème : on change la forme du domaine : Ω est maintenant un rectangle symétrique par rapport à l'axe des abscisses et dans le cas que l'on va présenter ci-dessous, « couché sur sa longueur » ; sa longueur est notée b , sa largeur est a et un troisième paramètre, d , décrit son décalage algébrique par rapport à l'axe des ordonnées. Ce domaine semble plus propice à l'étude de l'impact d'un *drift* ayant pour direction l'axe des abscisses qu'un domaine circulaire centré en zéro. En effet, le *drift* privilégiant une certaine direction et un sens pour la trajectoire, une trajectoire avec dérive n'explore qu'une partie réduite du disque et même, comme on l'a vu, risque de sortir du disque dans un endroit où il n'y a plus de fleurs. En outre, la simulation d'un grand nombre de fleurs étant coûteuse en temps de calcul, il est préférable qu'elles soient simulées dans un domaine susceptible d'être visité.

On lance donc le même programme que précédemment, sauf que le domaine de simulation de processus de Poisson est maintenant un rectangle caractérisé par les paramètres a , b , d présentés précédemment.



Document 24 – L’espérance empirique de la proportion de fleurs visitées en fonction de la composante horizontale du vecteur de dérive. Les paramètres choisis sont : $\sigma = 3$, $a = 200$, $b = 1000$, $d = -100$, $r = 3$, $\lambda = 500$, $t = 15$.

Les paramètres choisis pour le tracé du document 24 sont les suivants :

- paramètres liés au domaine : une largeur $a = 200$, une longueur $b = 1000$, un décalage algébrique par rapport à l’axe des ordonnées $d = -100$ et un rayon d’attraction $r = 3$; une intensité du processus ponctuel de Poisson de répartition des fleurs $\lambda = 500$;
- paramètres liés au mouvement : un écart-type $\sigma = 3$ et une composante verticale nulle du vecteur de dérive : $u_2 = 0$;
- durée du mouvement : $t = 15$.

Le choix d’un nouveau domaine permet en effet d’obtenir des résultats plus intéressants. La courbe croît fortement au voisinage de 0 pour ensuite stagner autour d’un même niveau, puis décroître, à partir de $u_1 = 65$ (approximativement). On peut supposer, comme précédemment, qu’à partir de cette valeur de la dérive, le pollinisateur sort du domaine où se trouvent les fleurs. Si on ne prend pas en compte ce phénomène, on peut affirmer que la présence d’une dérive favorise la découverte de fleurs. Néanmoins, la proportion de fleurs visitées atteint visiblement un optimum ne dépendant pas de la dérive sur l’intervalle $[10, 65]$. On ne peut visiblement affirmer : « plus on dérive dans une certaine direction, plus on découvre de fleurs » par rapport à une dérive proche de zéro.

4.3 Problème de temps de calcul

Le tracé de certaines des courbes précédentes demande plusieurs heures de calculs. En effet, il requiert pour chacune des centaines d’appels à la fonction `volplusieurs` figurant au document 32 qui, elle-même, à chaque itération correspondant à l’incrément de la variable temporelle, parcourt un vecteur dont la taille est de l’ordre de λ . Cela a limité la possibilité de tracer ces courbes avec une grande variété de jeux de paramètres.

5 Autres esquisses de recherche

Ici se trouvent quelques pistes qui ont été envisagées mais pas réellement exploitées.

5.1 Complexification du modèle relatif aux fleurs

La répartition des fleurs dans le domaine aurait pu être modélisée par un processus ponctuel agrégé ou régulier et on aurait pu évaluer l'influence de la variance du mouvement sur la probabilité d'atteindre une fleur avant un temps fixé ou le nombre de fleurs visitées avant un temps fixé.

Dans notre modèle, les différentes variétés de fleurs ne sont pas distinguées. Or, des biologistes ont constaté chez certaines espèces de pollinisateurs un phénomène de « constance florale », également appelé « fidélité florale ». Ces expressions désignent la tendance d'un pollinisateur à se concentrer, lors d'une sortie, sur une ou seulement quelques espèces de plantes. Sa raison biologique est encore soumise à débat. On aurait ainsi pu modéliser par différents processus ponctuels divers types de fleurs, et choisir de ne comptabiliser dans la catégorie « fleurs visitées » que les fleurs d'un type fixé .

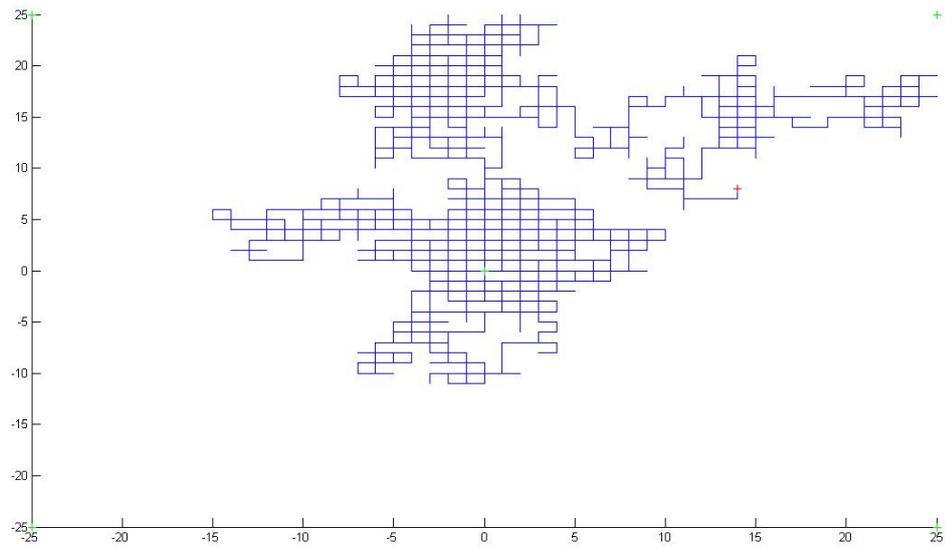
Par ailleurs, nous n'avons pas pris en compte le fait que les plantes ne possèdent pas toutes la même quantité de pollen (et elles possèdent souvent plus d'une fleur). Au lieu de mesurer l'efficacité du pollinisateur en comptant le nombre de fleurs visitées, il aurait été pertinent d'attribuer un poids à chaque plante - mesure de sa quantité de pollen - et de mesurer la quantité de pollen accumulée par l'abeille au cours de son mouvement.

5.2 Modélisation du mouvement du pollinisateur par une marche aléatoire

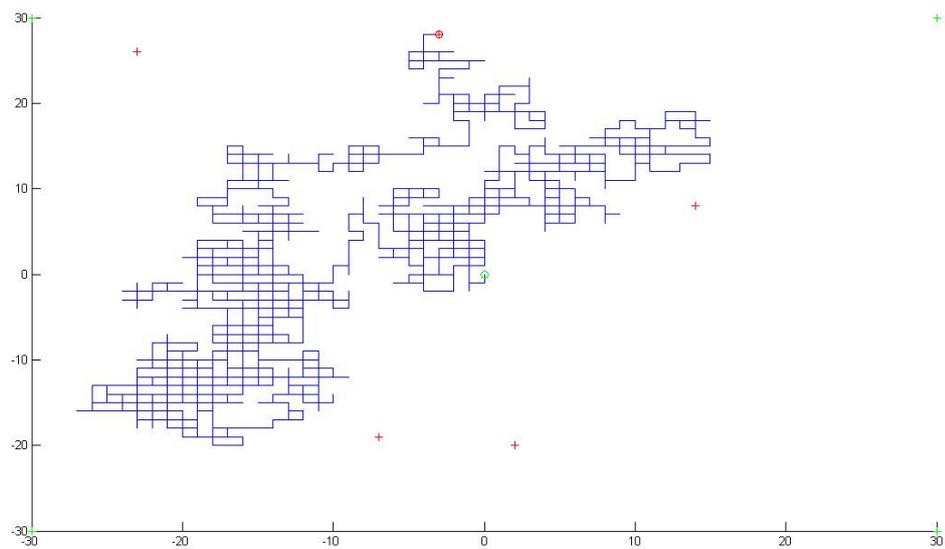
La modélisation du mouvement du pollinisateur par un processus continu semblait plus intuitive que celle par un processus discret comme une marche aléatoire, qui est cependant possible. Nous aurions alors placé les fleurs sur les nœuds d'un réseau et n'aurions pas eu recours aux disques d'attraction.

Nous n'avons pas choisi d'explorer cette possibilité de modélisation au-delà des simples tracés de trajectoires ci-dessous, avec départ de l'origine (en vert).

Il s'agit de simulations pour des marches aléatoires simples symétriques ; il eût été possible d'imaginer des marches aléatoires empêchant la sortie d'un domaine carré et tendant à ramener l'abeille vers le centre, c'est-à-dire la ruche.



Document 25 – Evolution selon une marche aléatoire



Document 26 – Evolution selon une marche aléatoire pour plusieurs fleurs

5.3 Trajectoire et spirale archimédienne

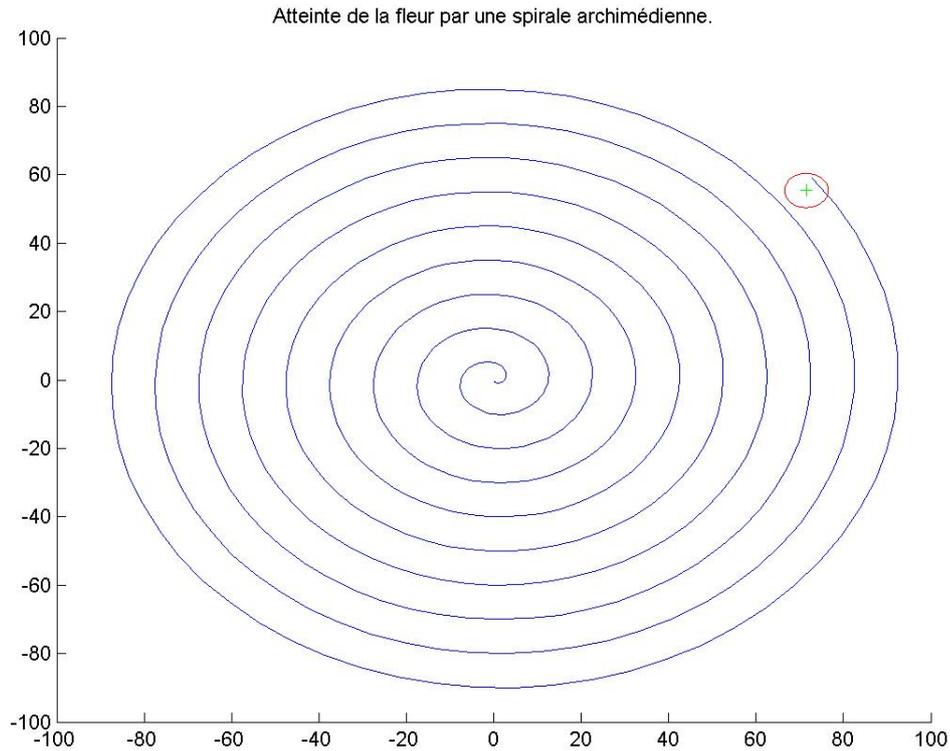
A quoi ressemblerait la trajectoire idéale pour une abeille, celle lui permettant le plus efficacement de détecter les fleurs ?

L'idée s'imposant naturellement est celle d'une spirale dont chacune des spires serait à distance $2r$, deux fois la distance de détection de la fleur, de la précédente.

On essaie donc de modéliser le mouvement de l'abeille par une spirale archimédienne de paramètre r/π ; une équation paramétrique est

$$\begin{cases} x_1(t) = \frac{r}{\pi} t \sin(t) \\ x_2(t) = -\frac{r}{\pi} t \cos(t) \end{cases}$$

Voilà une simulation de trajectoire avec une fleur suivant une loi normale centrée d'écart-type $\varphi = 20$, pour $r = 5$:



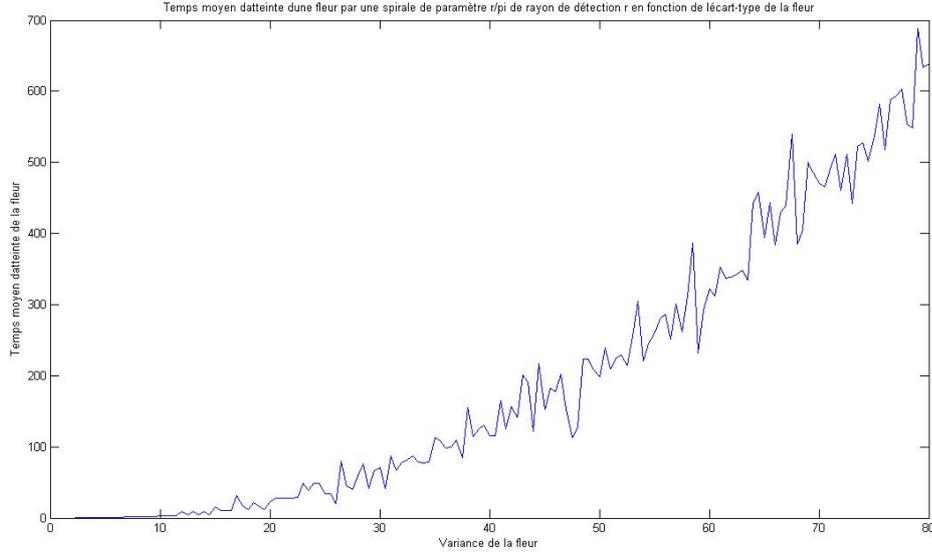
Document 27 – Evolution selon une spirale pour $r = 5$ et $\varphi = 20$

On peut aussi s'intéresser au temps moyen d'atteinte de la fleur en fonction de l'écart-type de la trajectoire de l'abeille, ici pour $r = 10$, pas de *drift* et une moyenne calculée sur 2000 itérations.

Il semble naturel de comparer l'efficacité de la détection par spirale avec celle par mouvement brownien - éventuellement avec *drift* ; cependant, cela s'avère difficile car il faudrait pour cela pouvoir harmoniser "la vitesse de parcours", c'est-à-dire que dans les deux cas la distance parcourue par l'abeille avant un temps donné est approximation identique.

Or, sur un intervalle de temps fini quelconque, le mouvement brownien est de longueur infinie, ce qui est assez problématique.

Une solution consisterait à mesurer la longueur de la trajectoire pseudo-brownienne simulée comme précédemment en additionnant les distances entre les pas successifs. Malheureusement, nos efforts en ce sens ont échoué à produire un résultant probant.



Document 28 – Temps moyen d’atteinte par une spirale pour $r = 10$

Un changement d’approche nous conduit à étudier la différence dans l’évolution temporelle de $\mathbb{P}_x(T_r \leq t)$ pour la spirale précédemment évoquée et pour cette même spirale bruitée par un mouvement brownien.

Malheureusement, en dépit de nos efforts nous n’avons pas réussi à obtenir des simulations probantes.

5.4 *Drift* et équation différentielle stochastique

Nous avons cherché à généraliser les résultats du **3.2.1** pour un mouvement brownien plan avec *drift* ; nous n’avons pas réussi à obtenir une équation différentielle stochastique fermée vérifiée par le processus de Bessel (la norme euclidienne) associé.

En notant $\rho_t^2 = (\sigma B_t^1 + u_1 t)^2 + (\sigma B_t^2 + u_2 t)^2$, on arrive à

$$dX_t = \frac{1}{2X_t} dt + dW_t + \frac{v \cdot (B_t + ut)}{X_t} dt$$

où $(W_t)_{t \in \mathbb{R}_+}$ est un mouvement brownien plan standard.

En appliquant la formule d’Itô,

$$f(x_t) = \left(\frac{1}{2X_t} + \frac{v \cdot (B_t + ut)}{X_t} \right) f'(X_t) + \frac{1}{2} f''(X_t) + M_t$$

où M est une martingale nulle en 0.

On pourrait ensuite chercher f telle que

$$(u_1 x_1 + u_1^2 t + u_2 x_2 + v_2^2 t) f'(\sqrt{x_1^2 + x_2^2}) + \sqrt{x_1^2 + x_2^2} f''(\sqrt{x_1^2 + x_2^2}) = 0$$

5.5 Le processus d'Ornstein-Uhlenbeck

Les abeilles ont une durée de vol finie et tendance à ne pas trop s'éloigner de leur ruche. Il semble donc judicieux de modéliser leur mouvement par un processus qui incite à revenir vers l'origine comme la distance et le temps augmentent, avec un *drift* de rappel.

On introduit le processus d'Ornstein-Uhlenbeck comme la solution de l'équation différentielle stochastique $dX_t = dB_t - \lambda X_t dt$ où $(B_t)_{t \in \mathbb{R}_+}$ est un mouvement brownien standard et λ un paramètre strictement positif.

Lorsque l'on applique la formule d'Itô à $e^{\lambda t} X_t$, on obtient :

$$X_t = X_0 e^{-\lambda t} + \int_0^t e^{-\lambda(t-s)} dB_s$$

En particulier, pour $X_0 = x$, $\mathbb{E}_x[X_t] = x e^{-\lambda t}$: pour un départ en une valeur non nulle, il y a en moyenne convergence exponentielle vers 0.

On aurait pu essayer d'adapter ce processus dans le plan, utiliser la structure du processus et le simuler, par exemple avec un schéma d'Euler, pour comparer avec les résultats obtenus dans le cas d'un mouvement brownien simple.

6 Conclusion

À cause de la durée limitée de ce projet, nous nous sommes focalisés sur un modèle possible mais bien d'autres angles d'approche auraient pu être choisis. Nous aurions pu envisager une étude dans l'espace et non dans le plan, prenant en compte un retour à la ruche dans un temps imparti. Nous aurions pu améliorer le modèle en distinguant différents types de fleurs, en leur attribuant un poids et un rayon d'attraction propres, et introduire un quota de pollen par abeille, une quantité maximale au-delà de laquelle l'abeille rentrerait à sa ruche. Nous aurions pu prendre en compte le fait que certaines espèces de pollinisateurs se concentrent lors d'une sortie sur un seul type de fleur (phénomène lié à leurs différents types de mémoire, comme évoqué dans [?]). En introduisant plusieurs abeilles, nous aurions pu nous aventurer dans des processus bien plus complexes de coopération, *et caetera*.

Néanmoins, des questions d'apparence bien plus simples se sont révélées complexes, avec peu de résultats théoriques pour essayer d'expliquer les simulations obtenues. La plupart correspondent à nos intuitions mais au moins une suscite plus d'interrogations : l'évolution en fonction de l'écart-type de l'abeille de la probabilité d'atteinte d'une fleur avant un temps fixé, présentant un "pic" assez étonnant.

A l'issue de ce travail, une question qui se pose naturellement est la suivante : en réalité, quel mouvement suit un pollinisateur ? À quel degré notre modèle est adapté à la réalité ? On peut suspecter qu'il n'existe pas une réponse mais plusieurs, de même qu'il existe plusieurs espèces de pollinisateurs.

7 Annexe

Code de la section 3.1.1 :

```
1 function B=vol(s,r,x1,x2,t,p)
2 %fonction booléenne qui retourne 1 si la fleur située en (x1,x2)
3 % de rayon d'attraction r a été atteinte au bout du temps t par l'abeille
4 % ayant un vol modélisé par  $s \cdot Bt$  où  $Bt$  est un mouvement brownien standard
5 % incrémenté avec pas p
6
7 %initialisation de la variable booléenne
8 if norm([x1,x2])<r %cas trivial
9     B=1;
10 else B=0; %cas non trivial
11 end
12
13 %initialisation du compteur temporel et de la position de l'abeille (qui
14 %part ici de l'origine)
15 c=0;
16 a1=0;
17 a2=0;
18
19 %incrémentatoin du mouvement de l'abeille tant que la fleur et le temps t
20 %n'ont pas été atteints
21 while (norm([x1,x2]-[a1,a2])>r)*(c<t)==1
22     a1=a1+s*sqrt(p)*randn;
23     a2=a2+s*sqrt(p)*randn;
24     c=c+p;
25 end
26
27 %détermination de B en fonction du critère qui n'était plus respecté
28 if norm([x1,x2]-[a1,a2])<=r
29     B=1;
30 end
31
32 end
```

```

1  function p=empirique(N,s,r,x1,x2,t,p)
2  %fonction qui calcule la probabilité empirique d'atteinte de la fleur
3  %située en (x1,x2) avant le temps t, avec l'aide d'un N-échantillon de la
4  %fonction vol(s,r,x1,x2,t,p)
5
6  %initialisation du stockage
7  P=[];
8
9  %création du N-échantillon de vol
10 for i=1:N
11     b=vol(s,r,x1,x2,t,p);
12     P=[P;b];
13 end
14
15 %calcul de la probabilité empirique
16 p=1/N*sum(P);
17
18 end

```

```

1  %étude de l'impact de t avec une fleur fixe sans drift pour une variance v
2  %de l'abeille
3
4  %mise en place des paramètres
5  fleur=[100,50];%position de la fleur
6  f1=100;
7  f2=50;
8  r=10; %rayon d'attraction de la fleur
9  t_min=10;
10 t_max=5000;
11 inc_t=1;
12 pas=1; %pas d'incrémentatoin de la trajectoire de l'abeille
13 N=1000; %nombre d'itérations pour le calcul de la probabilité empirique
14 v=10; %variance de l'abeille
15
16 %initialisation des paramètres
17 t=t_min;
18 T=[];
19 P=[];
20
21 while t<=t_max
22     p=empirique(N,v,r,f1,f2,t,pas);
23     T=[T;t];
24     P=[P;p];
25     t=t+inc_t;
26 end
27
28 %tracé du graphe de l'évolution de la probabilité empirique
29 %d'atteinte en fonction de la variance
30
31 figure ()
32 plot(T,P)
33 xlabel('Temps t')
34 ylabel('Probabilité empirique d'atteinte avant t')

```

Document 29 – Scripts pour étude de l'évolution temporelle (voir Document 3)

Code de la section 2.1.5 :

```
1 function B=volmouvant(s,r,t,p,h)
2 %fonction booléenne qui retourne 1 si la fleur qui suit  $N(0,h*I_2)$ 
3 % de rayon d'attraction r a été atteinte au bout du temps t par l'abeille
4 % ayant un vol modélisé par  $s*Bt$  où  $Bt$  est un mouvement brownien standard
5 % incrémenté avec pas p
6 %tirage de la position de la fleur (avec le problème de la "taille de la
7 %ruche", ici ignoré)
8 x1=h*randn;
9 x2=h*randn;
10 %initialisation de la variable booléenne
11 if norm([x1,x2])<r %cas trivial
12     B=1;
13 else B=0; %cas non trivial
14 end
15 %initialisation du compteur temporel et de la position de l'abeille (qui
16 %part ici de l'origine)
17 c=0;
18 a1=0;
19 a2=0;
20
21 %incrémentement du mouvement de l'abeille tant que la fleur et le temps t
22 %n'ont pas été atteints
23 while (norm([x1,x2]-[a1,a2])>r)*(c<t)==1
24     a1=a1+s*sqrt(p)*randn;
25     a2=a2+s*sqrt(p)*randn;
26     c=c+p;
27 end
28
29 %détermination de B en fonction du critère qui n'était plus respecté
30 if norm([x1,x2]-[a1,a2])<=r
31     B=1;
32 end
33
34 end
```

```

1  function p=empiriquemouvant(N,s,r,t,p,h)
2  %fonction qui calcule la probabilité empirique d'atteinte de la fleur
3  %qui suit une loi  $N(0,h*I_2)$  avant le temps t, avec l'aide d'un
4  %N-échantillon de la fonction volmouvant(s,r,x1,x2,t,p)
5
6  %initialisation du stockage
7  P=[];
8
9  %création du N-échantillon de vol
10 for i=1:N
11     b=volmouvant(s,r,t,p,h);
12     P=[P;b];
13 end
14
15 %calcul de la probabilité empirique
16 p=1/N*sum(P);
17
18 end

```

```

1  %étude de l'impact de sigma et de h sur la probabilité empirique d'atteinte
2  function [S,H,PP]=impacttotalmouvant
3  %mise en place des paramètres
4  r=5; %rayon d'attraction de la fleur
5  t=300; %instant test
6  pas=1; %pas d'incrément de la trajectoire de l'abeille
7  N=1000; %nombre d'itérations pour le calcul de la probabilité empirique
8  var_min=0; %intervalle de variabilité de la variance de l'abeille
9  var_max=75;
10 inc=1; %incrément pour la variance de l'abeille
11 v_fleur_min=0;%intervelle de variabilité de la variance de la fleur
12 v_fleur_max=75;
13 incf=1; %incrément pour la variance de la fleur
14 vf=v_fleur_min; %initialisation de la valeur actuelle de la v_fleur
15 PP=[]; %recueillera la matrice des résultats.
16
17 while vf<=v_fleur_max
18     %probabilité empirique en fonction de sigma
19     v=var_min; %initialisation de la valeur actuelle de la var_abeille
20     P=[];%initialisation de la liste de stockage
21
22     while v<=var_max
23         p=empiriquemouvant(N,v,r,t,pas,vf);
24         P=[P;p];
25         v=v+inc;
26     end
27
28     PP=[PP,P]; %on rajoute la colonne de valeurs de p pour les différents v
29             %correspondant à vf
30     vf=vf+incf; %incrément de vf
31 end
32 S=var_min:inc:var_max;
33 H=v_fleur_min:incf:v_fleur_max;
34 end

```

Document 30 – Scripts pour l'évolution en fonction des variances de la fleur et de l'abeille (voir Documents 10 et 11)

Code de la section 4.1 :

```
0001 function [N, X, Y]=domaine_poisson(R, lambda)
0002     // Entrées :
0003     // R : rayon du domaine;
0004     // lambda : intensité du processus de Poisson.
0005     // Sortie :
0006     // N : nombre de fleurs simulées, suivant une mesure
0007     //ponctuelle de Poisson d'intensité lambda mu, où mu
0008     //est la mesure uniforme sur le disque de centre 0 et
0009     //de rayon R ;
0010     // (X,Y) : matrice Nx2 des coordonnées des fleurs.
0011
0012     N=grand(1,1,'poi',lambda)
0013     X=zeros(1,N)
0014     Y=zeros(1,N)
0015     k=1
0016
0017     //Simulations de variables iid de loi uniforme sur le disque
0018     //par la méthode d'acceptation-rejet.
0019     while k<=N
0020         u = -R+2*R*rand(1)
0021         v = -R+2*R*rand(1)
0022         if u^2+v^2<R^2 then
0023             X(k)=u
0024             Y(k)=v
0025             k=k+1
0026         end
0027     end
0028
0029     endfunction
```

Document 31 – Programme domaine_poisson permettant la simulation d'un domaine circulaire comportant des fleurs.

```

0001 function cpt=volplusieurs(s, u1, u2, r, N, X1, X2, t)
0002 //Entrées :
0003 //s : écart-type du mouvement ;
0004 //(u1,u2) : dérive du mouvement ;
0005 //r : rayon d'attraction d'une fleur ;
0006 //R : rayon du domaine ;
0007 //N : nombre de fleurs dans D(0,R) ;
0008 //(X1,X2) : matrice Nx2 des coordonnées des fleurs ;
0009 //t : durée du mouvement.
0010 //Sortie :
0011 //cpt : nombre de fleurs ayant été visitées par le
0012 //pollinisateur entre le temps initial 0 et le temps final t.
0013
0014 a1=0
0015 a2=0 //(a1,a2) : position du pollinisateur à l'instant
0016 //initial.
0017 p = r^2/s^2 //pas pour le calcul par incrémentation du
0018 //processus.
0019 X11 = X1
0020 X22 = X2 //(X11,X22) : contiendra les coordonnées des fleurs
0021 //non visitées par le pollinisateur entre l'instant initial
0022 //et l'instant courant.
0023 F=[1:N]//Initialisation du vecteur contenant les indices des
0024 //fleurs non visitées au temps courant.
0025 f=N
0026 c=0 //c : compteur temporel initialisé à 0.
0027
0028 while (c<t)
0029     M=zeros(f,1)
0030     for k=1:f
0031         M(k)=((X11(k)-a1)^2+(X22(k)-a2)^2)^(1/2) //M(k) :
0032             //distance du pollinisateur à la fleur d'indice k,
0033             //au temps c.
0034     end
0035     E=find(M<=r) //vecteur contenant les indices des fleurs
0036     //visitées par le pollinisateur à l'instant courant.
0037     F=setdiff(F,E) //vecteur contenant les indices des fleurs
0038     //non visitées par le pollinisateur entre l'instant initial
0039     //et l'instant courant.
0040     //Incrémentation du mouvement du pollinisateur :
0041     a1=a1+s*sqrt(p)*rand(1,"normal")+p*u1
0042     a2=a2+s*sqrt(p)*rand(1,"normal")+p*u2
0043     c=c+p
0044     X11=X1(F)
0045     X22=X2(F)
0046     f=length(F)//Nombre de fleurs n'ayant pas été visitées
0047     //entre l'instant initial et l'instant courant.
0048     ,

```

Document 32 – Programme volplusieurs simulant une trajectoire et comptant le nombre de fleurs visitées.

8 Bibliographie

3.3.3 Rapport de stage de M2 : étude de modèles stochastiques de Cucker-Smale

Finalement, le rapport du stage de M2 effectué durant l'été 2014 à l'Institut Mathématiques de Toulouse sous la supervision de Patrick Cattiaux, sur l'étude de modèles stochastiques de Cucker-Smale.

M2 MATHÉMATIQUES POUR LES SCIENCES DU VIVANT

Étude de modèles de Cucker-Smale stochastiques

Laure PÉDÈCHES

RAPPORT DE STAGE

Stage effectué à l'Institut Mathématiques de Toulouse (Université Paul
Sabatier) du 1er avril au 31 juillet 2014 sous la
direction de Patrick CATTIAUX.

Des phénomènes d'atteinte de consensus sans direction centrale au sein d'un large groupe d'individus sont susceptibles de survenir dans des domaines aussi variés que la linguistique (émergence d'un langage), la finance (croyance en la valeur d'une monnaie) ou la zoologie (vols d'oiseaux).

Nous nous intéressons ici aux mouvements collectifs de population, qui peuvent avoir diverses incarnations : qui n'a jamais levé les yeux et observé une organisation en "V" d'un groupe d'oiseaux, se déplaçant apparemment tous à la même vitesse ou vu des images de bancs de poissons évoluant de manière visiblement synchronisée dans un documentaire animalier ? De tels phénomènes interviennent également chez les bactéries et peuvent apparaître en physique.

Une notion qui nous sera d'un intérêt particulier sera celle de *flocking*, faute d'un meilleur terme, phénomène par lequel des individus ou particules auto-propulsés s'organisent en un ensemble de mouvement ordonné, et que l'on tentera de définir rigoureusement d'un point de vue mathématique dans le cadre stochastique qui sera le nôtre.

Il existe de nombreux modèles dans ce domaine, en particulier des modèles cinétiques, impliquant la position et la vitesse des particules ; nous concentrerons largement notre attention sur celui connu sous le nom de modèle de Cucker-Smale ([5] et [4]), que nous présenterons en compagnie des résultats principaux qui lui sont associés.

Dans un environnement aussi imprévisible et volatile que celui de notre planète, il semble indispensable, pour coller davantage à la "réalité", de prendre en compte l'interaction des particules avec le milieu extérieur (des rafales de vent par exemple) ; notre travail se concentrera sur l'introduction de bruit aléatoire, *via* l'intervention de mouvements browniens, reprenant le modèle présenté par Ha, Lee et Levy [7] que nous étudierons en détails dans une deuxième partie pour le cas où le taux de communication entre individus est constant ; on s'intéressera en particulier au comportement en temps long de particules régies par un tel système différentiel.

Dans la section suivante, nous modifierons légèrement le modèle, avec l'insertion d'un terme de position dans l'équation régissant la vitesse. L'utilisation de fonctions de Lyapunov nous permettra d'obtenir des informations sur la vitesse de convergence vers la mesure invariante en utilisant des résultats de [6] et [1].

Un retour au modèle stochastique originel nous amènera à considérer des résultats dits de propagation du chaos, lorsque la taille de la population tend vers l'infini, inspirés de [3], [9] et [10] dans le cas d'un taux de communication plus général.

Le tout sera agrémenté de quelques simulations correspondant à ces modèles dans certains cas particuliers, et en annexe seront présentés les résultats les plus techniques, à l'instar de ceux sur les fonctions de Lyapunov ou de chaotité.

Je remercie mon maître de stage, monsieur Patrick Cattiaux, pour son aide et sa disponibilité.

Table des matières

1	Modèle de Cucker-Smale, <i>flocking</i> et perturbation aléatoire	4
1.1	Mouvement collectif/coordonné, ou <i>flocking</i>	4
1.2	Le modèle déterministe de Cucker et Smale	4
1.3	Introduction de bruit brownien et <i>flocking</i> stochastique	5
2	Le modèle SCS avec un taux de communication constant	6
2.1	Décomposition micro/macro ; explicitation de la partie macroscopique.	6
2.2	Étude du comportement du système microscopique	7
2.2.1	Dynamique des \hat{x}_i et \hat{v}_i	7
2.2.2	<i>Flockings</i>	11
2.2.3	Mesure invariante	12
2.2.4	Comportement asymptotique de la position relative	14
2.3	Retour au système global	16
2.3.1	N=2 and d=1	16
2.3.2	Cas général	17
3	Exemple d'une modification du modèle SCS : ajout d'un terme de position	20
3.1	Présentation basique du modèle	20
3.2	Mesures invariantes	21
3.2.1	Système auxiliaire	21
3.2.2	Système global	22
3.2.3	Système microscopique	22
3.3	Résultats d'ergodicité	24
3.3.1	Recherche de fonctions de Lyapunov	24
3.3.2	De l'intérêt des fonctions de Lyapunov	26
3.4	Une simulation dans le plan	26
4	Taux de communication non constant. Propagation du chaos.	29
4.1	Les résultats de [7]	30
4.2	Chaoticité	32
4.2.1	Contrôles des moments	33
4.2.2	Propagation du chaos	37
4.2.3	Spécificités pour $\psi = 1$	39
5	Annexe	41
5.1	Mesures invariantes, réversibles	41
5.2	A propos des simulations	42
5.3	Propagation du chaos	44
5.3.1	Démonstration du théorème 3	44
5.3.2	Démonstration du théorème 4	46

1 Modèle de Cucker-Smale, *flocking* et perturbation aléatoire

Le modèle qui constitue le point de départ de notre travail a été présenté en 2007 par Felipe Cucker, de l'Université de Hong Kong, et Steve Smale, du Toyota Technical Institute de Chicago, dans deux articles, [5] et [4], afin de représenter le mouvement d'un groupe d'oiseaux, ou de poissons, dans l'espace en trois dimensions.

Il est basé sur une description particulière de chaque individu, dans lequel le facteur principalement pris en compte est la distance entre les individus, deux à deux; on recherche alors l'attente d'un consensus en moyennant la vitesse par rapport à celles des autres, selon leur écartement relatif.

1.1 Mouvement collectif/coordonné, ou *flocking*

Dans l'intégralité de ce rapport, nous considérerons N particules ou individus numéroté(e)s de 1 à N évoluant dans \mathbb{R}^d ; la position (respectivement la vitesse) à l'instant t de la particule i sera notée $x_i(t)$ (respectivement $v_i(t)$). Pour $\alpha \in \{1, \dots, d\}$, on désignera par x_i^α (respectivement v_i^α) la α -ième composante de la position (respectivement de la vitesse) de la particule i .

Dans un contexte purement déterministe, le *flocking* correspond à la fois à l'alignement des vitesses et à la formation d'un groupe (les individus restent relativement proches les uns des autres).

Plus spécifiquement, nous pouvons par exemple le définir de la manière suivante :

Définition 1. Il y a *flocking* pour les particules de position (x_1, \dots, x_N) et de vitesse (v_1, \dots, v_N) si

— Il existe $v_\infty \in \mathbb{R}^d$ tel que $\lim_{t \rightarrow \infty} \sum_{i=1}^N \|v_i(t) - v_\infty\|^2 = 0$;

— $\sup_{0 \leq t < \infty} \sum_{i=1}^N \left\| x_i(t) - \frac{1}{N} \sum_{j=1}^N x_j(t) \right\|^2 < \infty$.

1.2 Le modèle déterministe de Cucker et Smale

Le modèle de Cucker-Smale est défini par le système différentiel, qui admet une unique solution,

Pour tout $i \in \{1, \dots, N\}$

$$\begin{cases} x_i'(t) &= v_i(t) \\ v_i'(t) &= -\frac{\lambda}{N} \sum_{j=1}^N \psi(x_j(t), x_i(t))(v_i(t) - v_j(t)) \end{cases} \quad (1)$$

où λ est un réel positif, représentant la force moyenne de l'interaction entre deux particules et ψ , une fonction positive et symétrique, est appelée taux de communication et fournit l'intensité de l'interaction entre deux particules selon leur position.

Cucker et Smale se focalisent sur un taux de communication de la forme

$$\psi(x, y) = \bar{\psi}(\|x - y\|^2) \text{ avec } \bar{\psi}(u) = \frac{C_1}{(C_2 + u)^r}$$

et montrent qu'il y a *flocking* inconditionnel si $r < \frac{1}{2}$ (ce qui reste encore vrai pour $r = \frac{1}{2}$, comme démontré dans [8]) et soumis, si non, à des hypothèses supplémentaires visant uniquement les conditions initiales de position et de vitesse.

1.3 Introduction de bruit brownien et *flocking* stochastique

Le modèle classique de Cucker-Smale ne prend pas en compte les interactions entre l'environnement et le système de particules ; une façon d'y remédier est d'incorporer un bruit stochastique, tel un mouvement brownien, qui modéliserait par exemple le vent dans le cas des oiseaux ou des variations des courants pour les bancs de poissons.

C'est ce qui a été fait dans le seul article, à notre connaissance, introduisant des fluctuations aléatoires ; publié par Ha, Lee et Levy en 2009, il s'intitule *Emergence of time-asymptotic flocking in a stochastic Cucker-Smale system* et présente le modèle de Cucker-Smale stochastique ci-dessous, dénommé SCS dans la suite :

Pour tout $i \in \{1, \dots, N\}$

$$\begin{cases} dx_i &= v_i dt \\ dv_i &= -\frac{\lambda}{N} \sum_{j=1}^N \psi(x_j, x_i)(v_i - v_j) dt + \sqrt{D} dW_i \end{cases} \quad (2)$$

où λ est un réel positif, ψ le taux de communication entre deux particules, supposé positif, symétrique et invariant par translation, et W_1, \dots, W_N sont des mouvements browniens standards de dimension d , indépendants et identiquement distribués.

La plupart des résultats, relativement décevants, hormis, comme nous le verrons, dans le cas d'un taux de communication constant, de cet article sont disséminés dans la suite de ce rapport ; cependant, nous commençons par nous interroger sur la notion de (et la définition à donner au) *flocking* stochastique.

La définition proposée dans [7] pourrait être qualifiée de "*flocking* en moyenne" : il s'agit d'avoir l'alignement de l'espérance des vitesses et de la formation d'un groupe par l'espérance des positions :

Définition 2. Il y a *flocking* pour les particules de position (x_1, \dots, x_N) et de vitesse (v_1, \dots, v_N) si pour tous i, j , $\lim_{t \rightarrow \infty} \|\mathbb{E}[v_i(t) - v_j(t)]\| = 0$ et $\sup_{0 \leq t < \infty} \|\mathbb{E}[x_i(t) - x_j(t)]\| < \infty$.

Or une telle définition compare les valeurs moyennes des positions et vitesses des deux particules, pas les réalisations qui se produisent réellement ; idéalement on voudrait que pour tous i et j , $\|v_i(t) - v_j(t)\|$ converge vers 0 presque sûrement quand t tend vers l'infini, ce qui est quasiment impossible dans un cadre stochastique.

Un compromis pourrait être la définition du *flocking* comme la convergence en loi, pour chaque couple i et j , de la différence des vitesses v_i et v_j vers une certaine distribution γ à l'instar de l'énoncé ci-dessous ; la concentration autour de 0 de ces distributions limites permettrait de quantifier l'intensité du *flocking*. Il reste à déterminer des conditions judicieuses sur les positions.

Définition 3. Pour tous réels strictement positifs t et ϵ , pour tous i, j dans $\{1, \dots, N\}$, on pose $\gamma_{i,j}(t, \epsilon) = \mathbb{P}(\|v_i(t) - v_j(t)\| > \epsilon)$. Il y a *flocking* s'il existe γ , tel que $1 - \gamma$ est la fonction de répartition d'une distribution de probabilité, vérifiant, pour tous $i, j \in \{1, \dots, N\}$, $\lim_{t \rightarrow \infty} \gamma_{i,j}(t, \epsilon) = \gamma(\epsilon)$. L'intensité de ce *flocking* correspond alors à la vitesse de convergence de $\gamma(\epsilon)$ vers 0 quand ϵ tend vers l'infini.

Une autre façon de quantifier cette convergence vers une limite commune sera vue plus loin, avec la notion de propagation du chaos. On s'intéresse alors au comportement sur un intervalle $[0, T]$, avec T grand, mais fini.

2 Le modèle SCS avec un taux de communication constant

Dans l'intégralité de cette section, le taux de communication est constant ; plus exactement, pour tous réels x et y , $\psi(x, y) = 1$. Ainsi, l'interaction entre deux individus ou particules est indépendante de leur localisation, et en particulier de la distance les séparant ; l'intérêt ici réside davantage dans la simplification des calculs (et la possibilité d'obtention de résultats exploitables) que dans la pertinence biologique d'une telle situation.

2.1 Décomposition micro/macro ; explicitation de la partie macroscopique.

Le système (2) devient alors :

$$\begin{cases} dx_i &= v_i dt \\ dv_i &= \frac{\lambda}{N} \sum_{j=1}^N (v_j - v_i) dt + \sqrt{D} dW_i \end{cases} \quad (3)$$

On effectue une division du modèle en deux parties :

- une partie macroscopique, représentée par le centre de masse du système, (x_c, v_c) ;
- une partie microscopique, décrivant les fluctuations relatives, avec pour tout i ,

$$\begin{cases} \hat{x}_i &= x_i - x_c \\ \hat{v}_i &= v_i - v_c \end{cases} \quad (4)$$

Intéressons-nous brièvement à la composante macroscopique :

$x_c = \sum_{i=1}^N x_i$ et $v_c = \sum_{i=1}^N v_i$ vérifient le système différentiel

$$\begin{cases} dx_c &= v_c dt \\ dv_c &= \frac{\sqrt{D}}{N} \sum_{i=1}^N dW_i \end{cases} \quad (5)$$

que nous pouvons résoudre en explicitant la vitesse

$$v_c(t) = v_c(0) + \frac{\sqrt{D}}{N} \sum_{i=1}^N W_i(t)$$

puis la position

$$x_c(t) = x_c(0) + t v_c(0) + \frac{\sqrt{D}}{N} \sum_{i=1}^N \int_0^t W_i(s) ds$$

Remarquons que la vitesse moyenne v_c est un mouvement brownien dont il est possible de déterminer la variance ; c'est, entre autres, l'objet de la proposition ci-dessous qui traite des moments d'ordre un et deux des variables macroscopiques.

Sa démonstration ne fait intervenir que des propriétés élémentaires du mouvement brownien et peut être trouvée dans [7].

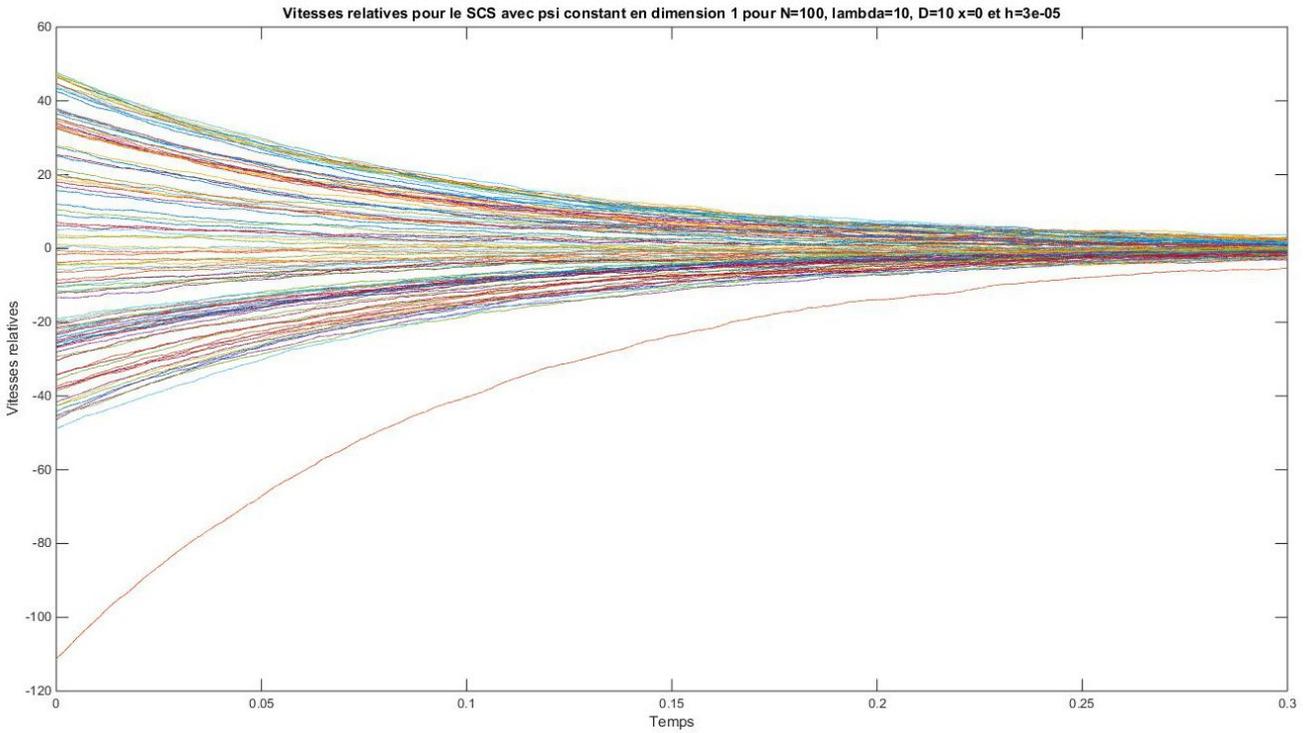
- Proposition 1.** (i) $\mathbb{E}[v_c(t)] = \mathbb{E}[v_c(0)]$
(ii) $\forall \alpha \in \{1, \dots, d\}, \text{var}(v_c^\alpha(t)) = \text{var}(v_c^\alpha(0)) + \frac{Dt}{N}$
(iii) $\mathbb{E}[x_c(t)] = \mathbb{E}[x_c(0)] + t\mathbb{E}[v_c(0)]$
(iv) $\forall \alpha \in \{1, \dots, d\}, \text{var}(v_c^\alpha(t)) = \text{var}(v_c^\alpha(0) + tv_c^\alpha(0)) + \frac{Dt^2}{2N}$

Achevons ce paragraphe en notant, avec l'aide de la loi forte des grands nombres, qu'à t fixé, $v_c(t) - v_c(0)$ converge vers 0 presque sûrement quand N tend vers l'infini.

2.2 Étude du comportement du système microscopique

Ayant rapidement traité la composante macroscopique, nous focalisons dorénavant notre attention sur l'évolution des \hat{x}_i et \hat{v}_i pour $i \in \{1, \dots, N\}$.

Nous commençons par les expliciter, avant de s'intéresser à la loi de la vitesse microscopique, et à son évolution temporelle. Nous montrons que la notion de *flocking* présentée dans la définition 2 est satisfaite et, pour aller plus loin, nous déterminons une mesure invariante pour le système microscopique. Enfin, nous étudions le comportement asymptotique de la position relative.



Document 1 – Évolution des vitesses microscopiques \hat{v}_i en dimension 1 pour $N = 100$ individus, avec pour paramètres $\lambda = 10$ et $D = 10$ avec les 99 premières conditions initiales aléatoirement et uniformément distribuées sur $[-50, 50]$ et la dernière telle que la somme soit nulle.

2.2.1 Dynamique des \hat{x}_i et \hat{v}_i

Il est immédiat, mais fondamental, de constater que pour tout t positif, $\sum_{i=1}^N \hat{x}_i(t) = \sum_{i=1}^N \hat{v}_i(t) = 0$.

En outre, pour tous i et j , $v_i - v_j = \hat{v}_i - \hat{v}_j$; ainsi pour tout $i \in \{1, \dots, N\}$, le couple (\hat{x}_i, \hat{v}_i) vérifie :

$$\begin{cases} d\hat{x}_i &= \hat{v}_i dt \\ d\hat{v}_i &= -\lambda \hat{v}_i dt + \sqrt{D} \left(1 - \frac{1}{N}\right) dW_i - \frac{\sqrt{D}}{N} \sum_{j \neq i} dW_j \end{cases} \quad (6)$$

La deuxième équation, qui ne fait pas intervenir les variables de position, révèle que \hat{v}_i est un processus de type Ornstein-Uhlenbeck; on peut grâce au calcul stochastique, et à la formule d'Itô, en donner une expression explicite.

Proposition 2. *Pour tout $t \geq 0$, et pour tout $i \in \{1, \dots, N\}$,*

$$\hat{v}_i(t) = e^{-\lambda t} \hat{v}_i(0) + \int_0^t e^{-\lambda(t-s)} \left[\sqrt{D} \left(1 - \frac{1}{N}\right) dW_i(s) - \frac{\sqrt{D}}{N} \sum_{j \neq i} dW_j(s) \right] \quad (7)$$

Démonstration. Appliquons la formule d'Itô à $t \mapsto f(t, \hat{v}_i(t)) = e^{\lambda t} \hat{v}_i(t)$. Alors,

$$e^{\lambda t} \hat{v}_i(t) = \hat{v}_i(0) + \int_0^t e^{\lambda s} \left[\sqrt{D} \left(1 - \frac{1}{N}\right) dW_i(s) - \frac{\sqrt{D}}{N} \sum_{j \neq i} dW_j(s) \right] + \int_0^t \left(\lambda e^{\lambda s} \hat{v}_i(s) - e^{\lambda s} \lambda \hat{v}_i(s) \right) ds$$

ce qui permet de conclure la preuve. \square

L'expression ci-dessus permet d'une part d'explicitier \hat{x}_i , par intégration, et d'autre part d'obtenir relativement aisément les égalités suivantes sur les moments :

Proposition 3. *Pour tous $t \geq 0$, $i, j \in \{1, \dots, N\}$, avec $i \neq j$, et $\alpha \in \{1, \dots, d\}$,*

$$(i) \quad \mathbb{E}[\hat{v}_i(t)] = e^{-\lambda t} \mathbb{E}[\hat{v}_i(0)];$$

$$(ii) \quad \mathbb{E}[\hat{v}_i^\alpha(t) - \hat{v}_j^\alpha(t)] = e^{-\lambda t} \mathbb{E}[\hat{v}_i^\alpha(0) - \hat{v}_j^\alpha(0)];$$

$$(iii) \quad \text{var}(\hat{v}_i^\alpha(t)) = e^{-2\lambda t} \text{var}(\hat{v}_i^\alpha(0)) + \frac{D}{2\lambda} \left(1 - \frac{1}{N}\right) (1 - e^{-2\lambda t});$$

$$(iv) \quad \text{cov}(\hat{v}_i^\alpha(t), \hat{v}_j^\alpha(t)) = e^{-2\lambda t} \text{cov}(\hat{v}_i^\alpha(0), \hat{v}_j^\alpha(0)) - \frac{D}{2\lambda N} (1 - e^{-2\lambda t}).$$

Démonstration. Les affirmations (i) and (ii) sont évidentes.

Les preuves de (iii) et (iv) suivent un raisonnement similaire; nous nous contenterons de démontrer (iv), en utilisant les propriétés de l'intégrale stochastique, notamment l'isométrie fondamentale vérifiée par l'espérance du carré d'un processus stochastique, et du mouvement brownien, en particulier la nullité de son espérance.

$$\begin{aligned}
\text{cov}(\hat{v}_i^\alpha(t), \hat{v}_j^\alpha(t)) &= \mathbb{E}[\hat{v}_i^\alpha(t)\hat{v}_j^\alpha(t)] - \mathbb{E}[\hat{v}_i^\alpha(t)]\mathbb{E}[\hat{v}_j^\alpha(t)] \\
&= e^{-2\lambda t} \text{cov}(\hat{v}_i^\alpha(0), \hat{v}_j^\alpha(0)) + \mathbb{E} \left[\left(\int_0^t e^{-\lambda(t-s)} \left[\sqrt{D} \left(1 - \frac{1}{N}\right) dW_i^\alpha(s) - \frac{\sqrt{D}}{N} \sum_{k \neq i} dW_k^\alpha(s) \right] \right. \right. \\
&\quad \left. \left. \times \int_0^t e^{-\lambda(t-s)} \left[\sqrt{D} \left(1 - \frac{1}{N}\right) dW_j^\alpha(s) - \frac{\sqrt{D}}{N} \sum_{k \neq j} dW_k^\alpha(s) \right] \right) \right] \\
&= e^{-2\lambda t} \text{cov}(\hat{v}_i^\alpha(0), \hat{v}_j^\alpha(0)) + \left(-D \frac{2}{N} \left(1 - \frac{1}{N}\right) + (N-2) \frac{D}{N^2} \right) \mathbb{E} \left[\left(\int_0^t e^{-\lambda(t-s)} dW_i^\alpha(s) \right)^2 \right] \\
&= e^{-2\lambda t} \text{cov}(\hat{v}_i^\alpha(0), \hat{v}_j^\alpha(0)) - \frac{D}{N} \int_0^t e^{-2\lambda(t-s)} ds \\
&= e^{-2\lambda t} \text{cov}(\hat{v}_i^\alpha(0), \hat{v}_j^\alpha(0)) - \frac{D}{2\lambda N} (1 - e^{-2\lambda t})
\end{aligned}$$

□

Pour $t \geq 0$, $i, j \in \{1, \dots, N\}$, et $\alpha, \beta \in \{1, \dots, d\}$, avec $\alpha \neq \beta$, en détaillant l'expression de la covariance de $\hat{v}_i^\alpha(t)$ et $\hat{v}_j^\beta(t)$, on remarque qu'elle est nulle si $\hat{v}_i^\alpha(0)$ et $\hat{v}_j^\beta(0)$ sont indépendants.

Sauf mention explicite du contraire, on suppose dans toute la suite que c'est le cas.

Comme noté précédemment, \hat{v}_i est un processus de type Ornstein-Uhlenbeck et par voie de conséquence un processus gaussien ; ainsi, pour tous $i \in \{1, \dots, N\}$, $\alpha \in \{1, \dots, d\}$ et $t \in \mathbb{R}_+$,

$$\hat{v}_i^\alpha(t) \sim \mathcal{N} \left(e^{-\lambda t} \mathbb{E}[\hat{v}_i^\alpha(0)], \frac{D}{2\lambda} \left(1 - \frac{1}{N}\right) (1 - e^{-2\lambda t}) \right)$$

Plus spécifiquement, si \hat{v}_t désigne $(v_1(t), \dots, v_N(t)) = (v_1^1(t), \dots, v_1^d(t), \dots, v_j^\alpha(t), \dots, v_N^d(t)) \in \mathbb{R}^{dN}$, alors

$$\hat{v}_t \sim \mathcal{N} \left(e^{-\lambda t} \mathbb{E}[\hat{v}_0], \Lambda_N(t) \right)$$

où $\Lambda_N(t) = (1 - e^{-2\lambda t}) \frac{D}{2\lambda} \Pi_N^d$,

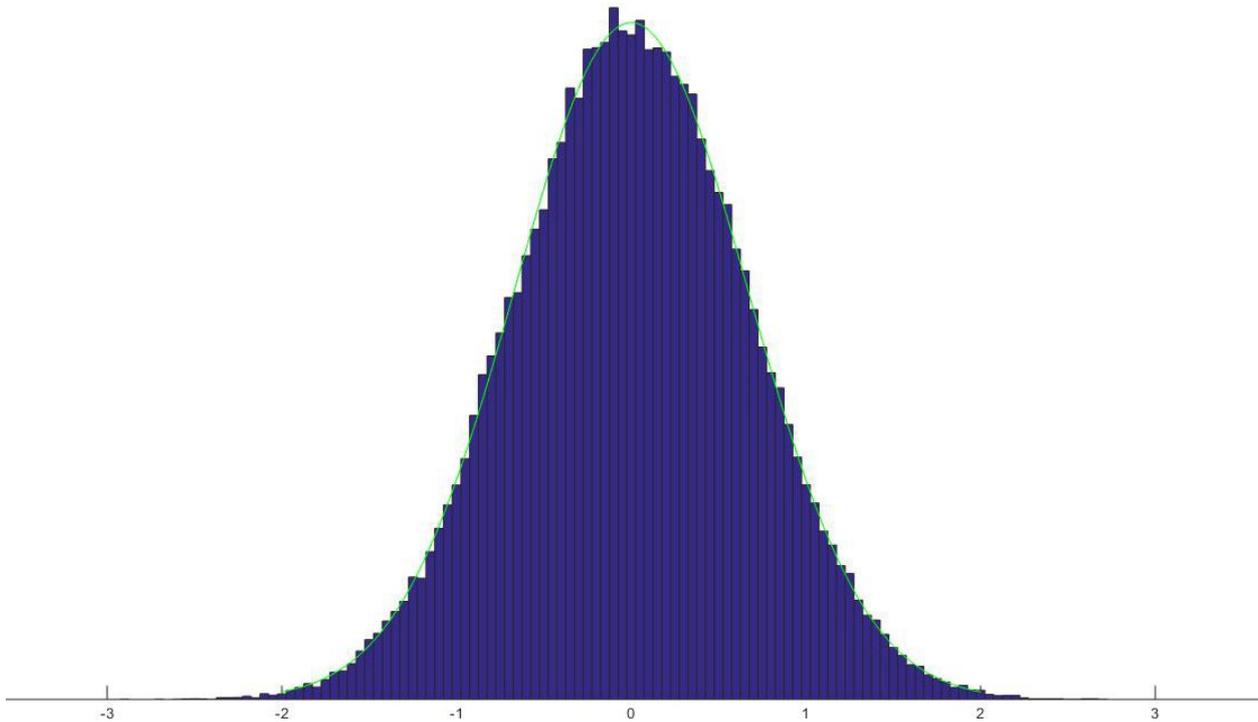
$$\text{avec } \Pi_N^d = \begin{pmatrix} (1 - \frac{1}{N})I_d & -\frac{1}{N}I_d & \cdots & -\frac{1}{N}I_d \\ -\frac{1}{N}I_d & (1 - \frac{1}{N})I_d & \cdots & -\frac{1}{N}I_d \\ \vdots & \ddots & \ddots & \vdots \\ -\frac{1}{N}I_d & -\frac{1}{N}I_d & \cdots & (1 - \frac{1}{N})I_d \end{pmatrix}$$

\hat{v}_t converge en loi vers $\mathcal{N}(0, \Lambda_N(\infty))$ quand $t \rightarrow \infty$, avec $\Lambda_N(\infty) = \frac{D}{2\lambda} \Pi_N^d$.

En outre, cette loi gaussienne est invariante pour le processus, ce dont nous discuterons un peu plus loin.

Par ailleurs, nous pouvons remarquer que les valeurs propres de $\Lambda_N(\infty)$ sont 0 avec multiplicité 1 et 1 avec multiplicité $N - 1$; en particulier, cette matrice n'est pas inversible et la loi normale associée est dégénérée (et n'admet donc pas de densité par rapport à la mesure de Lebesgue).

Un histogramme de la mesure asymptotique empirique illustre la convergence de \hat{v}_i , pour i quelconque, vers $\mathcal{N}\left(0, \frac{D}{2\lambda}\left(1 - \frac{1}{N}\right)\right)$.



Document 2 – Distribution empirique à l'instant $t = 1000$ pour une des $N = 9$ particules évoluant en dimension $d = 1$, avec les paramètres $\lambda = 0,01$ et $D = 0,01$, pour des conditions initiales nulles, un pas d'itération $h = 0.5$ et 1000 réalisations. En vert, la loi asymptotique théorique.

Les résultats numériques coïncident également avec ceux attendus pour la covariance entre deux particules.

Nous cherchons maintenant à mettre en évidence un phénomène de *flocking*, en commençant par le *flocking* “en moyenne”.

2.2.2 Flockings

Il y a *flocking* stochastique pour les variables microscopiques, au sens défini dans [7], où se trouve également la démonstration de cette proposition.

Proposition 4. *Les deux conditions du flocking, comme introduit dans la définition 2, sont satisfaites par $(\hat{x}_1, \dots, \hat{x}_N, \hat{v}_1, \dots, \hat{v}_N)$.*

On a également $\mathbb{P}(\|\hat{v}_i(\infty) - \hat{v}_j(\infty)\|^2 > \epsilon) \leq \frac{dD}{\lambda\epsilon}$.

Pour $\alpha, \beta \in \{1, \dots, d\}$, $\hat{v}_i^\alpha - \hat{v}_j^\alpha$ et $\hat{v}_i^\beta - \hat{v}_j^\beta$ sont indépendants, du fait de l'indépendance à l'instant 0.

De plus, en utilisant l'expression explicite (7),

$$\hat{v}_i(t) - \hat{v}_j(t) = e^{-\lambda t}(\hat{v}_i(0) - \hat{v}_j(0)) + \sqrt{D} \int_0^t e^{-\lambda(t-s)} \sqrt{D}(dW_i(s) - dW_j(s))$$

Alors, pour $\alpha \in \{1, \dots, d\}$, $\hat{v}_i^\alpha(\infty) - \hat{v}_j^\alpha(\infty) \sim \mathcal{N}\left(0, \frac{D}{\lambda}\right)$, ce qui implique que

$$\frac{\lambda}{D} \|\hat{v}_i(\infty) - \hat{v}_j(\infty)\|^2 \sim \chi^2(d)$$

Remarque 1. Nous sommes également ici dans le cadre du *flocking* tel qu'il est présenté dans la définition 3, pour $\gamma(\epsilon) = 1 - \rho\left(\frac{\lambda\epsilon^2}{D}\right)$ où ρ est la fonction de répartition d'une loi du χ^2 à d degrés de liberté.

Par ailleurs, on peut déduire des propriétés de la loi du χ^2 les égalités suivantes :

$$\begin{aligned} \text{--- } \mathbb{E}[\|\hat{v}_i(\infty) - \hat{v}_j(\infty)\|^2] &= \frac{dD}{\lambda} \\ \text{--- } \text{var}(\|\hat{v}_i(\infty) - \hat{v}_j(\infty)\|^2) &= \frac{2dD^2}{\lambda^2} \\ \text{--- } \mathbb{P}(\|\hat{v}_i(\infty) - \hat{v}_j(\infty)\|^2 > \frac{dD}{\lambda} + \epsilon) &= \frac{1}{2^{d/2}\Gamma(d/2)} \int_{d+\epsilon\lambda/D}^{+\infty} t^{d/2-1} e^{-t/2} dt \end{aligned}$$

Ce dernier point est peu exploitable, même si on peut obtenir les expressions suivantes pour $d = 2$ et $d = 3$, les cas correspondant à des espaces non virtuels.

Exemple 1. Si $d = 2$, $\mathbb{P}\left(\|\hat{v}_i(\infty) - \hat{v}_j(\infty)\|^2 > \frac{2D}{\lambda} + \epsilon\right) = e^{-(1+\frac{\epsilon\lambda}{2D})}$

$$\begin{aligned} \text{Si } d = 3, \mathbb{P}\left(\|\hat{v}_i(\infty) - \hat{v}_j(\infty)\|^2 > \frac{3D}{\lambda} + \epsilon\right) &= \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \left(\sqrt{3 + \frac{\epsilon\lambda}{D}} e^{-\frac{3D+\epsilon\lambda}{2D}} + \int_{3+\frac{\epsilon\lambda}{D}}^{\infty} e^{-\frac{u^2}{2}} du \right) \\ &\leq \sqrt{\frac{3D + \epsilon\lambda}{2\pi D}} \exp\left(-\frac{3D + \epsilon\lambda}{2D}\right) + \frac{1}{2\sqrt{2}} \end{aligned}$$

Nous disposons de la convergence de l'espérance de la différence des vitesses ; nous aimerions avoir une idée plus précise du comportement asymptotique des vitesses microscopiques ; pour ce faire, nous cherchons à exhiber une mesure, et si possible une probabilité, invariante, en premier lieu pour les vitesses puis pour l'ensemble positions-vitesses des particules.

2.2.3 Mesure invariante

Soient γ la mesure de Lebesgue sur \mathbb{R}^d et μ la distribution normale $\mathcal{N}\left(0, \frac{D}{2\lambda}\Pi_N^d\right)$.

Commençons par démontrer, comme affirmé précédemment, l'invariance de μ pour le vecteur des vitesses relatives.

Proposition 5. *μ est invariante pour \hat{v} .*

Démonstration. Nous voulons montrer que pour tous n , $0 < t_1 < \dots < t_n$, $\tau > 0$, $(\hat{v}_{t_1}, \dots, \hat{v}_{t_n})$ et $(\hat{v}_{t_1+\tau}, \dots, \hat{v}_{t_n+\tau})$ ont la même distribution sous \mathbb{P}_μ .

Comme tous deux sont des processus gaussiens, il suffit de montrer l'égalité des espérances et des matrices de covariance.

D'après la proposition 3, pour tous $i \in \{1, \dots, N\}$, $t \geq 0$,

$$\mathbb{E}_\mu[\hat{v}_i(t)] = 0$$

et pour tous $\alpha, \beta \in \{1, \dots, d\}$, $i, j \in \{1, \dots, N\}$, $t \geq 0$,

$$\text{cov}_\mu(\hat{v}_i^\alpha(t), \hat{v}_j^\beta(t)) = \delta_{\alpha,\beta} \frac{D}{2\lambda} (\delta_{i,j} - \frac{1}{N})$$

Ainsi, pour tous t et τ positifs, v_t et $v_{t+\tau}$ ont même loi sous \mathbb{P}_μ .

De surcroît, pour $t_1 < t_2$,

$$\begin{aligned} \mathbb{E}_\mu[\hat{v}_i^\alpha(t_1 + \tau) \hat{v}_j^\beta(t_2 + \tau)] &= e^{-\lambda(t_1+t_2+2\tau)} \mathbb{E}_\mu[\hat{v}_i^\alpha(0) \hat{v}_j^\beta(0)] \\ &\quad + \delta_{\alpha,\beta} D (\delta_{i,j} - \frac{1}{N}) \mathbb{E}_\mu \left[\int_0^{t_1+\tau} e^{-\lambda(t_1+\tau-s)} dW_i(s) \int_0^{t_2+\tau} e^{-\lambda(t_2+\tau-s)} dW_j(s) \right] \\ &= e^{-\lambda(t_1+t_2+2\tau)} \delta_{\alpha,\beta} \frac{D}{2\lambda} (\delta_{i,j} - \frac{1}{N}) + \delta_{\alpha,\beta} D (\delta_{i,j} - \frac{1}{N}) \int_0^{t_1+\tau} e^{-\lambda(t_1+t_2+2\tau-s)} ds \\ &= \delta_{\alpha,\beta} \frac{D}{2\lambda} (\delta_{i,j} - \frac{1}{N}) \left(e^{-\lambda(t_1+t_2+2\tau)} + e^{-\lambda(t_1+t_2+2\tau)} (e^{2\lambda(t_1+\tau)} - 1) \right) \\ &= \delta_{\alpha,\beta} \frac{D}{2\lambda} (\delta_{i,j} - \frac{1}{N}) e^{-\lambda(t_2-t_1)} = \mathbb{E}_\mu[\hat{v}_i^\alpha(t_1) \hat{v}_j^\beta(t_2)] \end{aligned}$$

D'où, $\text{cov}_\mu(\hat{v}_i^\alpha(t_1 + T), \hat{v}_j^\beta(t_2 + T)) = \text{cov}_\mu(\hat{v}_i^\alpha(t_1), \hat{v}_j^\beta(t_2))$.

$(\hat{v}_{t_1}, \dots, \hat{v}_{t_n})$ et $(\hat{v}_{t_1+\tau}, \dots, \hat{v}_{t_n+\tau})$ ont même espérance et même matrice de covariance sous \mathbb{P}_μ , et subséquemment, la même loi. \square

Montrons que cette probabilité est en fait réversible.

Proposition 6. *μ est réversible pour \hat{v} .*

Démonstration. Le déroulement de cette preuve est similaire à celui de la précédente : nous allons montrer que $(\hat{v}_{t_1}, \dots, \hat{v}_{t_n})$ and $(\hat{v}_{\tau-t_1}, \dots, \hat{v}_{\tau-t_n})$ ont même distribution sous \mathbb{P}_μ .

Pour tous $i \in \{1, \dots, N\}$, $t, \tau \geq 0$,

$$\begin{aligned} \hat{v}_i(\tau - t) &= e^{-\lambda(\tau-t)} \hat{v}_i(0) + \int_0^{\tau-t} e^{-\lambda(\tau-t-s)} \left[\sqrt{D} \left(1 - \frac{1}{N}\right) dW_i(s) - \frac{\sqrt{D}}{N} \sum_{j \neq i} dW_j(s) \right] \\ &= e^{-\lambda(\tau-t)} \hat{v}_i(0) - \int_t^\tau e^{-\lambda(u-t)} \left[\sqrt{D} \left(1 - \frac{1}{N}\right) dW_i(T-u) - \frac{\sqrt{D}}{N} \sum_{j \neq i} dW_j(T-u) \right] \end{aligned}$$

Si (B_t) est un mouvement brownien, alors $(B_T - B_{T-t})$ est un mouvement brownien de même loi.

Ainsi $\hat{v}_i(\tau - t)$ et $e^{-\lambda(\tau-t)} \hat{v}_i(0) + \int_t^\tau e^{-\lambda(u-t)} \left[\sqrt{D} \left(1 - \frac{1}{N}\right) dW_i(u) - \frac{\sqrt{D}}{N} \sum_{j \neq i} dW_j(u) \right]$ ont la même loi.

Alors, $\mathbb{E}_\mu[\hat{v}_i(\tau - t)] = 0$ et des calculs très semblables aux précédents nous donnent que pour $\alpha, \beta \in \{1, \dots, d\}$, $i, j \in \{1, \dots, N\}$, $t_1, t_2, \tau \geq 0$, tels que $t_1 < t_2$,

$$\text{cov}_\mu(\hat{v}_i^\alpha(\tau - t_1), \hat{v}_j^\beta(\tau - t_1)) = \text{cov}_\mu(\hat{v}_i^\alpha(t_1), \hat{v}_j^\beta(t_2))$$

Finalement, μ est symétrique. □

Nous achevons cette sous-section en exhibant une mesure (qui n'est pas une probabilité) invariante pour le couple (\hat{x}, \hat{v}) .

Proposition 7. (\hat{x}, \hat{v}) admet $\gamma \otimes \mu$ comme mesure invariante.

Démonstration. Avec l'aide de la formule d'Itô, nous obtenons le générateur infinitésimal L associé au système : pour chaque fonction f suffisamment régulière, pour tous $x, v \in \mathbb{R}^d$,

$$Lf(x, v) = L_x f(x, v) + L_v f(v)$$

où $L_x f(x, v) = \sum_{i=1}^N \langle \nabla_{x_i} f, v_i \rangle$

et $L_v f(v) = -\lambda \sum_{i=1}^N \langle \nabla_{v_i} f, v_i \rangle + \frac{D}{2} \sum_{i=1}^N \sum_{\alpha, \beta=1}^d \left(\left(1 - \frac{1}{N}\right) \partial_{v_i^\alpha v_i^\beta}^2 f - \frac{1}{N} \sum_{j \neq i} \partial_{v_i^\alpha v_j^\beta}^2 f \right)$

Par invariance de μ pour \hat{v} , $\int (\int L_v f(v) d\mu(v)) d\gamma(x) = 0$

D'autre part,

$$\begin{aligned} \int L_x f d(\gamma \otimes \mu) &= \sum_{i, \alpha} \int \left(\int v_i^\alpha \partial_{x_i^\alpha} f(x, v) dx_i^\alpha \right) d\gamma(x_i^\alpha) d\mu(v) \\ &= - \sum_{i, \alpha} \int \left(\int f(x, v) \partial_{x_i^\alpha v_i^\alpha} d\gamma(x_i^\alpha) \right) d\mu(v) = 0 \end{aligned}$$

On conclut à la nullité de $\int Lf d(\gamma \otimes \mu)$ et à l'invariance de $\gamma \otimes \mu$ pour (\hat{x}, \hat{v}) . □

Nous ne disposons pas d'une probabilité invariante pour les positions microscopiques ; nous allons utiliser l'existence d'une probabilité réversible sur les vitesses pour obtenir un ordre de grandeur du comportement asymptotique des positions.

2.2.4 Comportement asymptotique de la position relative

Du fait de l'existence d'une probabilité invariante, nous avons une idée du comportement asymptotique de \hat{v} , avec une convergence vers cette mesure symétrique, notée encore μ ; ici, nous allons nous concentrer sur celui de \hat{x} lorsque t tend vers l'infini.

Rappelons que

$$\hat{x}_t = \hat{x}_0 + \int_0^t \hat{v}_s ds$$

Le théorème ergodique, appliqué à la fonction identité, donne

$$\frac{1}{t} \hat{x}_t = \frac{1}{t} \left(\int_0^t \hat{v}_s ds + \hat{x}_0 \right) \longrightarrow \int \hat{v} d\mu = 0$$

ce qui n'est pas vraiment un résultat très convaincant.

Nous aimerions obtenir un ordre de grandeur asymptotique pour \hat{x} ; débutons par un lemme autour de sa variance.

Lemme 1. Pour tous $\alpha \in \{1, \dots, d\}$ et $i \in \{1, \dots, N\}$,

$$\frac{1}{t} \text{var}_\mu \left(\int_0^t \hat{v}_i^\alpha(s) ds \right) \longrightarrow \frac{D}{\lambda^2} \left(1 - \frac{1}{N} \right)$$

Démonstration. Il existe au moins trois façons distinctes de prouver ce lemme : avec l'aide du lemme 2.3 de [2] appliqué pour f la fonction identité, en utilisant directement la méthode, basée sur l'invariance de la probabilité μ , employée dans la démonstration du lemme susnommé ou en revenant à l'expression de \hat{v}_i^α et à la définition de la variance.

Ici, nous choisissons la deuxième option :

$$\begin{aligned} \text{var}_\mu \left(\int_0^t \hat{v}_i^\alpha(s) ds \right) &= \mathbb{E}_\mu \left[\left(\int_0^t \hat{v}_i^\alpha(s) ds \right)^2 \right] = 2 \mathbb{E}_\mu \left[\int_0^t \int_0^s \hat{v}_i^\alpha(s) \hat{v}_i^\alpha(u) du ds \right] \\ &= 2 \int_0^t \int_0^s \mathbb{E}_\mu [\hat{v}_i^\alpha(s-u) \hat{v}_i^\alpha(0)] du ds \text{ par invariance de } \mu. \end{aligned}$$

Comme $\mathbb{E}_\mu [\hat{v}_i^\alpha(s-u) \hat{v}_i^\alpha(0)] = \mathbb{E}_\mu [e^{-\lambda(s-u)} \hat{v}_i^\alpha(0)^2] = e^{-\lambda(s-u)} \frac{D}{2\lambda} \left(1 - \frac{1}{N} \right)$ par indépendance des conditions initiales et des mouvements browniens, nous avons alors,

$$\begin{aligned} \text{var}_\mu \left(\int_0^t \hat{v}_i^\alpha(s) ds \right) &= \frac{D}{\lambda} \left(1 - \frac{1}{N} \right) \int_0^t e^{-\lambda s} \left(\int_0^s e^{\lambda u} du \right) ds = \frac{D}{\lambda^2} \left(1 - \frac{1}{N} \right) (t - (1 - e^{-\lambda t})) \\ &\sim \frac{D}{\lambda^2} \left(1 - \frac{1}{N} \right) t \text{ quand } t \rightarrow \infty \end{aligned}$$

□

D'après le théorème 3.3 de [2], sous \mathbb{P}_μ , pour tous $i \in \{1, \dots, N\}$ et $\alpha \in \{1, \dots, d\}$,

$$\frac{1}{\sqrt{t}} \int_0^t \hat{v}_i^\alpha(s) ds \xrightarrow[t \rightarrow \infty]{\mathcal{L}} \mathcal{N}\left(0, \frac{D}{\lambda^2} \left(1 - \frac{1}{N}\right)\right)$$

Ainsi, $\left(\frac{1}{\sqrt{t}} \int_0^t \hat{v}_i^\alpha(s) ds\right)_t$ converge en loi vers une distribution gaussienne pour tous i et α .

Proposition 8. En posant $\Sigma_N^d = \frac{2}{\lambda} \Pi_N^d$, sous \mathbb{P}_μ ,

$$\frac{1}{\sqrt{t}} \int_0^t \hat{v}_s ds \xrightarrow[t \rightarrow \infty]{\mathcal{L}} \mathcal{N}\left(0, \Sigma_N^d\right)$$

Démonstration. Il reste seulement à montrer que pour tous $i \neq j$, α, β ,

$$\text{cov}\left(\int_0^t \hat{v}_i^\alpha(s) ds, \int_0^t \hat{v}_j^\beta(s) ds\right) \sim -\delta_{\alpha,\beta} \frac{D}{\lambda^2 N} t$$

De manière analogue au lemme précédent, ce résultat peut être prouvé par au moins deux méthodes différentes, avec une approche directe ou en utilisant des propriétés de la probabilité invariante μ .

Nous partons cette fois-ci de l'expression de \hat{v} :

$$\begin{aligned} \text{cov}\left(\int_0^t \hat{v}_i^\alpha(s) ds, \int_0^t \hat{v}_j^\beta(s) ds\right) &= (1 - e^{-\lambda t})^2 \mathbb{E}[v_i^\alpha(0)v_j^\beta(0)] \\ &+ \mathbb{E}\left[\int_0^t \int_0^s e^{-\lambda(s-u)} \left[\sqrt{D} \left(1 - \frac{1}{N}\right) dW_i^\alpha(u) - \frac{\sqrt{D}}{N} \sum_{k \neq i} dW_k^\alpha(u)\right] ds\right. \\ &\times \left.\int_0^t \int_0^s e^{-\lambda(s-u)} \left[\sqrt{D} \left(1 - \frac{1}{N}\right) dW_j^\beta(u) - \frac{\sqrt{D}}{N} \sum_{k \neq j} dW_k^\beta(u)\right] ds\right] \\ &= -\delta_{\alpha,\beta} \frac{D}{2\lambda N} (1 - e^{-\lambda t})^2 - \delta_{\alpha,\beta} \frac{D}{N} \mathbb{E}\left[\left(\int_0^t \int_0^s e^{-\lambda(s-u)} dW_i^\alpha(u) ds\right)^2\right] \\ &= -\delta_{\alpha,\beta} \left(\frac{D}{2\lambda N} (1 - e^{-\lambda t})^2 + \frac{D}{N} \int_0^t \left(\int_u^t e^{-\lambda(s-u)} ds\right)^2 ds\right) \\ &\sim -\delta_{\alpha,\beta} \frac{D}{\lambda^2 N} t \text{ lorsque } t \text{ part à l'infini.} \end{aligned}$$

□

Finalement, nous avons obtenu une sorte de théorème de la limite centrale ; plus précisément,

$$\frac{1}{\sqrt{t}} \hat{x}_t \xrightarrow[t \rightarrow \infty]{\mathcal{L}} \mathcal{N}\left(0, \Sigma_N^d\right)$$

Par conséquent, il est inutile d'espérer montrer que les écarts entre les positions des particules sont bornées au cours du temps.

Concentrons-nous maintenant sur le système global.

2.3 Retour au système global

On s'éloigne un peu des fluctuations microscopiques pour s'intéresser au modèle SCS avec taux de communication constant, c'est-à-dire au système (8), dans son intégralité.

Comme cela a été vu, $x_t = x_c(t) + \hat{x}_t$ et $v_t = v_c(t) + \hat{v}_t$ peuvent être explicités.

En particulier,

$$v_i(t) = \frac{1}{N} \sum_{j=1}^N v_j(0) + e^{-\lambda t} \left(v_i(0) - \frac{1}{N} \sum_{j=1}^N v_j(0) \right) + \int_0^t e^{-\lambda(t-s)} \left[\sqrt{D} \left(1 - \frac{1}{N} \right) dW_i(s) - \frac{\sqrt{D}}{N} \sum_{j \neq i} dW_j(s) \right] + \frac{\sqrt{D}}{N} \sum_{i=1}^N W_i(t)$$

$v_c = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N v_i$ est un mouvement brownien (donc invariant pour la mesure de Lebesgue) de variance $var(v_c(0)) + \frac{Dt}{N}$; par conséquent, v n'admet pas de mesure de probabilité invariante.

Nous allons néanmoins prouver qu'il existe une mesure invariante, pour v . La mesure de Lebesgue est invariante pour v_c , et nous connaissons la loi de probabilité gaussienne invariante pour \hat{v} : on peut se demander ce qu'il en est du couple (v_c, \hat{v}) . Commençons par un cas simple, dans lequel tous les calculs peuvent s'effectuer "à la main".

2.3.1 N=2 and d=1

Comme le titre le laisse deviner, supposons dans un premier temps que $N = 2$ et $d = 1$.

Nous avons alors à considérer les équations suivantes :

$$\begin{cases} v_c &= \frac{v_1 + v_2}{2} &= \frac{\sqrt{D}}{2} (W_1 + W_2) \\ \hat{v}_1 &= \frac{v_1 - v_2}{2} &= e^{-\lambda t} \hat{v}_1(0) + \int_0^t e^{-\lambda(t-s)} \frac{\sqrt{D}}{2} (dW_1 - dW_2) \\ \hat{v}_2 &= \frac{v_2 - v_1}{2} &= -\hat{v}_1 \end{cases}$$

Du fait de cette troisième équation, nous pouvons nous contenter d'étudier v_c et \hat{v}_1 , en commençant par prouver leur indépendance.

Lemme 2. v_c et \hat{v}_1 sont indépendants.

Démonstration. Cela découle de l'indépendance de $\frac{1}{2}(W_1 + W_2)$ et $\frac{1}{2}(W_1 - W_2)$.

En effet, leur crochet est nul : $\langle \frac{1}{2}(W_1 + W_2), \frac{1}{2}(W_1 - W_2) \rangle = \frac{1}{4} \langle W_1 \rangle - \frac{1}{4} \langle W_2 \rangle = 0$. □

Notons γ la mesure de Lebesgue sur \mathbb{R} et μ la loi normale $\mathcal{N}(0, \frac{D}{4\lambda})$.

Proposition 9. *La mesure $\nu = \gamma \otimes \mu$ est invariante pour (v_c, \hat{v}_1) .*

Démonstration. v_c est invariant par γ et \hat{v}_1 est invariant par μ ; le lemme ci-dessus permet de conclure.

\hat{v}_1 est un processus gaussien, et en tant que tel, caractérisé par son espérance et sa variance.

Il est assez immédiat de prouver que pour tout $t \geq 0$, $\mathbb{E}_\mu[\hat{v}_1(t)] = 0$ et $\text{var}_\mu(\hat{v}_1(t)) = \frac{D}{4\lambda}$, avec l'aide de l'expression explicite détaillée en début de paragraphe. \square

Nous disposons d'une mesure invariante pour (v_c, \hat{v}_1) ; ce que nous cherchons, afin d'appréhender au mieux le comportement global du système, est une mesure invariante pour (v_1, v_2) ; elle est fournie par la proposition ci-dessous.

Proposition 10. *La mesure ρ qui admet $d\rho(u_1, u_2) = \sqrt{\frac{\lambda}{2\pi d}} e^{-\frac{\lambda}{2d}(u_1 - u_2)^2} du_1 du_2$ comme densité est invariante pour (v_1, v_2) .*

Démonstration. Le candidat ρ est trouvé en calculant pour f suffisamment régulière $\mathbb{E}_\nu[f(v_1, v_2)]$. Après le changement de variables classique, on obtient

$$\mathbb{E}_\nu[f(v_1, v_2)] = \int f(s_1 + u_c, u_c - s_1) \frac{4\lambda}{2\pi d} e^{-\frac{2\lambda s_1^2}{d}} ds_1 du_c = \int f(u_1, u_2) d\rho(u_1, u_2)$$

Le générateur infinitésimal est déterminé en appliquant la formule d'Itô :

$$Lf(u_1, u_2) = \frac{\lambda}{2} (\partial_1 f(u_1, u_2) - \partial_2 f(u_1, u_2)) (u_2 - u_1) + \frac{D}{2} (\partial_1^2 f(u_1, u_2) + \partial_2^2 f(u_1, u_2))$$

Finalement, nous avons

$$\begin{aligned} \int Lf d\rho &= \frac{\lambda}{2} \int (\partial_1 f(u_1, u_2) - \partial_2 f(u_1, u_2)) (u_2 - u_1) d\rho + \frac{D}{2} \int (\partial_1^2 f(u_1, u_2) + \partial_2^2 f(u_1, u_2)) d\rho \\ &= \frac{\lambda}{2} \int (\partial_1 f(u_1, u_2) - \partial_2 f(u_1, u_2)) (u_2 - u_1) d\rho \\ &\quad + \frac{D}{2} \int \left(\frac{\lambda}{D} (u_1 - u_2) \partial_1 f(u_1, u_2) + \frac{\lambda}{D} (u_2 - u_1) \partial_2 f(u_1, u_2) \right) d\rho \end{aligned}$$

par intégration par parties.

L'expression ci-dessus est nulle, ce qui termine cette démonstration. \square

2.3.2 Cas général

N et d sont ici quelconques.

On va appliquer à notre situation la proposition plus générale suivante :

Proposition 11. *Si X est solution de $dX_t = \alpha dW_t - \nabla F(X_t) dt$ où W_t est un mouvement brownien standard en dimension n , alors X admet $\rho(dx) = e^{-\frac{2}{\alpha^2} F(x)} dx$ comme mesure invariante.*

Démonstration. Une fois de plus, nous employons la formule d'Itô :

$$f(X_t) = f(X_0) - \int_0^t \sum_{i=1}^n \partial_i f(X_s) \partial_i F(X_s) ds + \int_0^t \sum_{i=1}^n \alpha \partial_i f(X_s) dB_i(s) + \frac{1}{2} \int_0^t \sum_{i=1}^n \alpha^2 \partial_i^2 f(X_s) ds$$

Nous en déduisons le générateur :

$$Lf = - \sum_{i=1}^n \partial_i f \partial_i F + \frac{\alpha^2}{2} \sum_{i=1}^n \partial_i^2 f$$

Ce qui implique que

$$\begin{aligned} \int Lf d\rho &= - \sum_{i=1}^n \int \partial_i f \partial_i F e^{-\frac{2}{\alpha^2} F(x)} dx + \frac{\alpha^2}{2} \sum_{i=1}^n \int \partial_i^2 f e^{-\frac{2}{\alpha^2} F(x)} dx \\ &= - \sum_{i=1}^n \int \partial_i f \partial_i F e^{-\frac{2}{\alpha^2} F(x)} dx + \frac{\alpha^2}{2} \sum_{i=1}^n \int \frac{2}{\alpha^2} \partial_i f \partial_i F e^{-\frac{2}{\alpha^2} F(x)} dx = 0 \end{aligned}$$

Ainsi, X est invariant par ρ . □

Dans notre cas, $\alpha = \sqrt{D}$ et pour tout i, β , $\partial_{i,\beta} F(v) = -\frac{\lambda}{N} \sum_{j=1}^N (v_i^\beta - v_j^\beta)$.

Par différentiation, on peut se convaincre que $F(v) = -\frac{\lambda}{2} \sum_{\alpha=1}^d \sum_{i=1}^N (v_i^\alpha - \frac{1}{N} \sum_{j=1}^N v_j^\alpha)^2$ convient.

Nous disposons ainsi d'une mesure invariante pour v , à savoir

$$d\mu(v) = \exp \left(-\frac{\lambda}{D} \sum_{\alpha=1}^d \sum_{i=1}^N (v_i^\alpha - \sum_{j=1}^N v_j^\alpha)^2 \right) dv$$

Nous allons de surcroît montrer que cette mesure invariante est symétrique.

Proposition 12. μ est réversible.

Démonstration. Pour f et g suffisamment régulières,

$$\begin{aligned} \int f Lg d\mu &= \frac{D}{2} \sum_{i,\alpha} \int f \partial_{i,\alpha}^2 g d\mu - \sum_{i,\alpha} \int f \partial_{i,\alpha} g \frac{\lambda}{N} \sum_{j=1}^N (v_i^\alpha - v_j^\alpha) d\mu \\ &= \frac{D}{2} \sum_{i,\alpha} \int \partial_{i,\alpha} g \left(-\partial_{i,\alpha} f + \frac{2\lambda}{ND} \sum_{j=1}^N (v_i^\alpha - v_j^\alpha) f \right) d\mu - \sum_{i,\alpha} \int f \partial_{i,\alpha} g \frac{\lambda}{N} \sum_{j=1}^N (v_i^\alpha - v_j^\alpha) d\mu \\ &= -\frac{D}{2} \sum_{i,\alpha} \int \partial_{i,\alpha} g \partial_{i,\alpha} f d\mu = \int g Lf d\mu \end{aligned}$$

Car le seul terme non nul est symétrique en f et g ; ainsi, μ est alors réversible. □

D'autres résultats, en particulier sur le comportement lorsque le nombre N de particules tend vers l'infini, à propos du modèle SCS avec taux de communication constant, sont disséminés dans la section

4.2.

Récapitulons brièvement les résultats obtenus à propos de *flocking* pour le modèle SCS à taux de communication constant.

Nous avons bien *flocking* au sens de [7], correspondant à la définition 2, sur les espérances ; cependant, cette notion en moyenne ne correspond pas à grand chose. La définition 3 est également valide dans ce cas, pour une certaine loi du chi-deux.

Il existe une mesure invariante pour le système microscopique, et en particulier une probabilité invariante pour les vitesses microscopiques ; en revanche, les vitesses globales admettent une mesure invariante qui n'est pas une probabilité.

Par ailleurs, les positions explosent en \sqrt{t} .

Nous allons donc chercher un modèle proche du SCS pour lequel les écarts de positions resteront bornés et où l'on constatera une convergence vers un état d'équilibre.

3 Exemple d'une modification du modèle SCS : ajout d'un terme de position

L'équation modélisant l'évolution de la vitesse est ici enrichie d'un terme supplémentaire faisant directement intervenir les différences de position entre particules.

3.1 Présentation basique du modèle

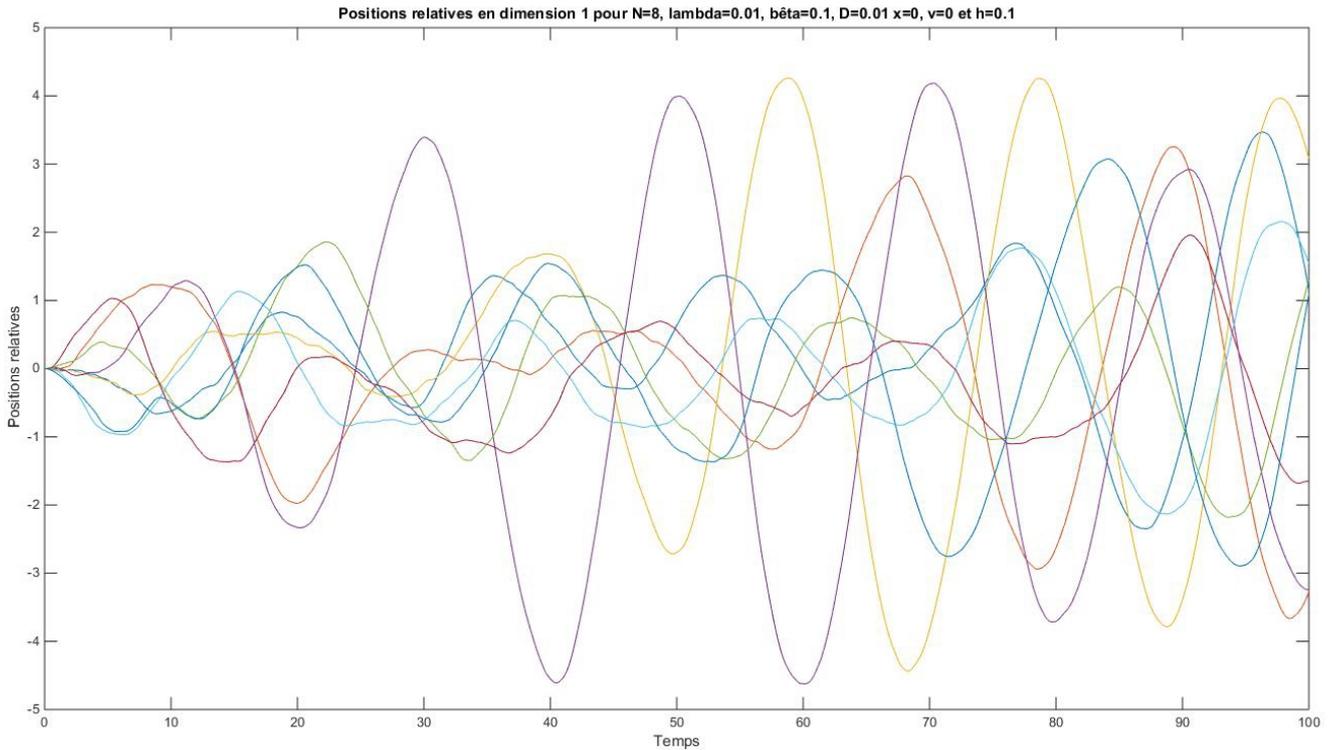
On introduit β un paramètre positif représentant l'intensité de nouvelle interaction. Le système ici étudié est alors :

$$\begin{cases} dx_i = v_i dt \\ dv_i = -\frac{\lambda}{N} \sum_{j=1}^N (v_i - v_j) dt - \frac{\beta}{N} \sum_{j=1}^N (x_i - x_j) dt + \sqrt{D} dW_i \end{cases} \quad (8)$$

Comme dans la section précédente, nous effectuons un découpage entre parties macroscopique et microscopique. L'expression de (x_c, v_c) reste en tout point identique à celle du modèle SCS classique.

En revanche, le système microscopique est modifié :

$$\begin{cases} d\hat{x}_i = \hat{v}_i dt \\ d\hat{v}_i = -\lambda \hat{v}_i dt - \beta \hat{x}_i dt + \sqrt{D} dW_i - \frac{\sqrt{D}}{N} \sum_{j=1}^N dW_j \end{cases} \quad (9)$$



Document 3 – Avec des paramètres quelconques, les vitesses (et donc les positions) microscopiques semblent osciller.

Afin de se faire une première idée du comportement asymptotique des vitesses relatives, nous déterminons l'espérance de \hat{v}_i dans un cas particulier.

Posons $r_1 = \frac{1}{2}(\lambda + \sqrt{\lambda^2 - 4\beta})$, $r_2 = \frac{1}{2}(\lambda - \sqrt{\lambda^2 - 4\beta})$ et $C = \frac{1}{\sqrt{\lambda^2 - 4\beta}}(\beta\mathbb{E}[\hat{x}_i(0)] - r_1\mathbb{E}[\hat{v}_i(0)])$.

Proposition 13. *Si $\lambda^2 > 4\beta$, alors,*

$$\begin{aligned}\mathbb{E}[\hat{v}_i(t)] &= Ce^{-r_1t} + (\mathbb{E}[\hat{v}_i(0)] - C)e^{-r_2t} \\ \mathbb{E}[\hat{x}_i(t)] &= \mathbb{E}[\hat{v}_i(0)] + \frac{C}{r_1}(1 - e^{-r_1t}) + \frac{\mathbb{E}[\hat{v}_i(0)] - C}{r_2}(1 - e^{-r_2t})\end{aligned}$$

Démonstration. On pose $h(t) = \mathbb{E}[\hat{v}_i(t)]$ et $u(t) = \mathbb{E}[\hat{x}_i(t)]$.

Ainsi,

$$\begin{cases} u'(t) &= h(t) \\ h'(t) &= -\lambda h(t) - \beta u(t) \end{cases}$$

Ce qui entraîne

$$\begin{cases} u'(t) &= h(t) \\ h''(t) &= -\lambda h'(t) - \beta h(t) \end{cases}$$

Or, l'équation du second degré $x^2 + \lambda x + \beta = 0$ admet pour racines $-r_1$ et $-r_2$ si $\lambda^2 > 4\beta$; par conséquent, il existe deux réels α_1 et α_2 vérifiant

$$h(t) = \alpha_1 e^{-r_1t} + \alpha_2 e^{-r_2t}$$

En outre, $\alpha_1 + \alpha_2 = h(0)$ d'une part, et d'autre part $u(0) = -\frac{\lambda}{\beta}h(0) - \frac{1}{\beta}h'(0)$, ce qui permet d'explicitier les valeurs de α_1 et α_2 . \square

3.2 Mesures invariantes

Notre but ici est de trouver des mesures invariantes pour les systèmes (8) et (9); démarrons avec une version simplifiée de (9).

3.2.1 Système auxiliaire

Tournons notre attention vers le système différentiel stochastique

$$\begin{cases} dx_t &= v_t dt \\ dv_t &= \sqrt{D}dW_t - \lambda v_t dt - \beta x_t dt \end{cases} \quad (10)$$

dont le générateur infinitésimal est

$$Lf(x, v) = \frac{D}{2}\partial_v^2 f(x, v) + v\partial_x f(x, v) - (\lambda v + \beta x)\partial_v f(x, v)$$

Proposition 14. *La mesure de probabilité μ_1 définie par $d\mu_1(x, v) = \frac{\lambda\sqrt{\beta}}{\Pi D} \exp\left(-\frac{\lambda}{D}(v^2 + \beta x^2)\right) dx dv$ est invariante pour (10).*

Démonstration.

$$\begin{aligned}\int Lf d\mu_1 &= \int \left(\frac{D}{2}\partial_v^2 f - \lambda v\partial_v f\right) d\mu_1 + \int (v\partial_x f - \beta x\partial_v f) d\mu_1 \\ &= \int \frac{D}{2} \frac{2\lambda}{D} v\partial_v f d\mu_1 - \int \lambda v\partial_v f d\mu_1 + \int v \frac{2\lambda\beta}{D} x f d\mu_1 - \int \beta x \frac{2\lambda}{D} v f d\mu_1 = 0\end{aligned}$$

\square

3.2.2 Système global

Nous allons nous inspirer de ce résultat pour trouver une mesure invariante de (8) de générateur

$$Lf(x, v) = \frac{D}{2} \sum_{i, \alpha} \partial_{v_i^\alpha}^2 f(x, v) + \sum_{i, \alpha} v_i^\alpha \partial_{x_i^\alpha} f(x, v) - \sum_{i, \alpha} \left(\lambda \left(v_i^\alpha - \frac{1}{N} \sum_j v_j^\alpha \right) + \beta \left(x_i^\alpha - \frac{1}{N} \sum_j x_j^\alpha \right) \right) \partial_{v_i^\alpha} f(x, v)$$

Proposition 15. *La mesure μ définie par*

$$d\mu(x, v) = \exp \left(-\frac{\lambda}{D} \left[\sum_{i, \alpha} \left(v_i^\alpha - \frac{1}{N} \sum_j v_j^\alpha \right)^2 + \beta \sum_{i, \alpha} \left(x_i^\alpha - \frac{1}{N} \sum_j x_j^\alpha \right)^2 \right] \right) dx dv$$

est invariante pour le système global (8).

Démonstration. — En notant $V = \exp \left(-\frac{\lambda}{D} \left[\sum_{i, \alpha} \left(v_i^\alpha - \frac{1}{N} \sum_j v_j^\alpha \right)^2 + \beta \sum_{i, \alpha} \left(x_i^\alpha - \frac{1}{N} \sum_j x_j^\alpha \right)^2 \right] \right)$ et en calculant les dérivées partielles, nous obtenons pour tout couple (i, α)

$$\partial_{v_i^\alpha} V = \frac{2\lambda}{D} \left(v_i^\alpha - \frac{1}{N} \sum_{j=1}^N v_j^\alpha \right) \text{ et } \partial_{x_i^\alpha} V = \frac{2\lambda\beta}{D} \left(x_i^\alpha - \frac{1}{N} \sum_{j=1}^N x_j^\alpha \right)$$

— D'une part, $\frac{D}{2} \sum \int \partial_{v_i^\alpha}^2 f d\mu = \lambda \int \sum_{i, \alpha} \left(v_i^\alpha - \frac{1}{N} \sum_{j=1}^N v_j^\alpha \right) \partial_{v_i^\alpha} f d\mu$

— D'autre part,

$$\begin{aligned} \int \sum_{i, \alpha} \frac{\beta}{N} \sum_j \left(x_i^\alpha - x_j^\alpha \right) \partial_{v_i^\alpha} f d\mu &= \frac{2\lambda\beta}{D} \int \sum_{i, \alpha} \left(v_i^\alpha - \frac{1}{N} \sum_k v_k^\alpha \right) \left(x_i^\alpha - \frac{1}{N} \sum_j x_j^\alpha \right) f d\mu \\ &= \frac{2\lambda\beta}{D} \int \sum_{i, \alpha} v_i^\alpha \left(x_i^\alpha - \frac{1}{N} \sum_j x_j^\alpha \right) f d\mu = \int \sum_{i, \alpha} v_i^\alpha \partial_{x_i^\alpha} f d\mu \end{aligned}$$

— Finalement, $\int Lf d\mu = 0$.

□

3.2.3 Système microscopique

Le générateur de (9) est

$$Lf(x, v) = \frac{D}{2} \sum_{i, \alpha} \left(\left(1 - \frac{1}{N} \right) \partial_{v_i^\alpha}^2 f(x, v) - \frac{1}{N} \sum_{j \neq i} \partial_{v_i^\alpha v_j^\alpha}^2 f(x, v) \right) + \sum_{i, \alpha} v_i^\alpha \partial_{x_i^\alpha} f(x, v) - \sum_{i, \alpha} \left(\lambda v_i^\alpha + \beta x_i^\alpha \right) \partial_{v_i^\alpha} f(x, v)$$

Nous allons déterminer une mesure invariante pour (\hat{x}, \hat{v}) en partant du résultat précédent.

Pour une fonction f suffisamment régulière, avec $x_c = \frac{1}{N} \sum x_i$ et $v_c = \frac{1}{N} \sum v_i$,

$$\begin{aligned} \mathbb{E}_\mu f(\hat{x}_1, \dots, \hat{x}_{N-1}, \sum x_i, \hat{v}_1, \dots, \hat{v}_{N-1}, \sum v_i) \\ = \int f(x_1 - x_c, \dots, x_{N-1} - x_c, \sum x_i, v_1 - v_c, \dots, v_{N-1} - v_c, \sum v_i) d\mu(x, v) \end{aligned}$$

$(x, v) \mapsto (u, z)$ avec $(u_1, \dots, u_{N-1}, u_N) = (x_1 - x_c, \dots, x_{N-1} - x_c, \sum x_i)$
et $(z_1, \dots, z_{N-1}, z_N) = (v_1 - v_c, \dots, v_{N-1} - v_c, \sum v_i)$ est un difféomorphisme et donc un changement de variables, dont on note Δ le jacobien.

On remarque que $v_N - v_c = -\sum_{i=1}^{N-1} z_i$; alors,

$$\begin{aligned} \mathbb{E}_\mu f(\hat{x}_1, \dots, \hat{x}_{N-1}, \sum x_i, \hat{v}_1, \dots, \hat{v}_{N-1}, \sum v_i) \\ = \int f(u, z) \exp \left(-\frac{\lambda}{D} \left[\sum_{i=1}^{N-1} z_i^2 + \left(-\sum_{i=1}^{N-1} z_i \right)^2 + \beta \sum_{i=1}^{N-1} u_i^2 + \beta \left(-\sum_{i=1}^{N-1} u_i \right)^2 \right] \right) \Delta dudz \end{aligned}$$

On peut vérifier la véracité de la proposition suivante :

Proposition 16. $(du, dz) \mapsto \exp \left(-\frac{\lambda}{D} \left[\sum_{i=1}^{N-1} z_i^2 + \left(\sum_{i=1}^{N-1} z_i \right)^2 + \beta \sum_{i=1}^{N-1} u_i^2 + \beta \left(\sum_{i=1}^{N-1} u_i \right)^2 \right] \right) dudz$ est une mesure invariante pour $(\hat{x}_1, \dots, \hat{x}_{N-1}, \sum x_i, \hat{v}_1, \dots, \hat{v}_{N-1}, \sum v_i)$.

Et voici enfin le résultat recherché :

Proposition 17. La mesure $\hat{\mu}$ de densité

$$d\hat{\mu}(x, v) = \exp \left(-\frac{\lambda}{D} \left[\sum_{i=1}^{N-1} v_i^2 + \left(\sum_{i=1}^{N-1} v_i \right)^2 + \beta \sum_{i=1}^{N-1} x_i^2 + \beta \left(\sum_{i=1}^{N-1} x_i \right)^2 \right] \right) \delta_{\sum x_i=0} \delta_{\sum v_i=0} dx dv$$

est invariante pour (9).

Démonstration. Pour $i \in \{1, \dots, N-1\}$, nous avons les égalités suivantes :

$$\begin{aligned} \int v_i \partial_{x_i} f d\hat{\mu} &= \int v_i \frac{\lambda\beta}{D} (2x_i + 2 \sum_{j=1}^{N-1} x_j) f d\hat{\mu} \\ \int \beta x_i \partial_{v_i} f d\hat{\mu} &= \int x_i \frac{\lambda\beta}{D} (2v_i + 2 \sum_{j=1}^{N-1} v_j) f d\hat{\mu} \end{aligned}$$

ce qui implique que $\sum \int v_i \partial_{x_i} f d\hat{\mu} = \sum \int \beta x_i \partial_{v_i} f d\hat{\mu}$.

En outre, pour $i, j < N$, $\int \partial_{v_i v_j}^2 f d\hat{\mu} = \int \frac{2\lambda}{D} (v_j + \sum_{k=1}^{N-1} v_k) \partial_{v_i} f d\hat{\mu}$ donc

$$\begin{aligned} \int \frac{D}{2} \sum_i \left(\left(1 - \frac{1}{N}\right) \partial_{v_i}^2 f - \frac{1}{N} \sum_{j \neq i} \partial_{v_i v_j}^2 f \right) d\hat{\mu} \\ = \lambda \int \sum_{i=1}^{N-1} \left[\left(1 - \frac{1}{N}\right) (v_i + \sum_{k=1}^{N-1} v_k) - \frac{1}{N} \sum_{j \neq i} (v_j + \sum_{k=1}^{N-1} v_k) \right] \partial_{v_i} f d\hat{\mu} \\ = \lambda \int v_i \partial_{v_i} f d\hat{\mu} + \lambda \int \sum_{i=1}^{N-1} \left(\left(1 - \frac{1}{N}\right) \sum_{k=1}^{N-1} v_k - \frac{1}{N} v_i - \frac{1}{N} \sum_{j \neq i} v_j - \frac{N-2}{N} \sum_{l=1}^{N-1} v_l \right) \partial_{v_i} f d\hat{\mu} \end{aligned}$$

ce qui achève la preuve de l'invariance de $\hat{\mu}$ car la deuxième intégrande est nulle. \square

Nous allons exploiter l'existence de ces mesures invariantes pour obtenir des résultats de convergence.

3.3 Résultats d'ergodicité

Commençons par définir ce que, dans ce rapport, nous entendons par fonction de Lyapunov.

Définition 4. Une fonction strictement positive V est une fonction de Lyapunov pour le système associé au générateur infinitésimal L s'il existe $K \geq 0$ tel que, en dehors d'un compact U , $LV \leq -KV$.

3.3.1 Recherche de fonctions de Lyapunov

Exemple 2. Revenons sur le système (8), le modèle SCS avec taux de communication constant, qui, rappelons-le, admet $d\mu(v) = e^{F(v)} dv$ comme mesure invariante, avec $F(v) = -\frac{\lambda}{D} \sum_{\alpha=1}^d \sum_{i=1}^N (v_i^\alpha - \sum_{j=1}^N v_j^\alpha)^2$.

En cherchant une fonction de Lyapunov sous la forme $V = e^{aF}$, on trouve que $a = \frac{\lambda}{N}$ convient ; et on a même sur tout l'espace $LV = -\frac{\lambda^2}{N} (1 - \frac{1}{N})V$.

Nous allons maintenant chercher des fonctions de Lyapunov associées à certains des systèmes que nous venons de traiter dans le début de cette section.

Commençons par (10), le plus simple, de générateur infinitésimal

$$L_1 f(x, v) = \frac{D}{2} \partial_v^2 f(x, v) + v \partial_x f(x, v) - (\lambda v + \beta x) \partial_v f(x, v)$$

Nous cherchons une fonction de Lyapunov sous la forme $V_1(x, v) = e^{\alpha x^2 + 2\delta xv + \gamma v^2}$.

En faisant le calcul explicite, nous obtenons l'expression suivante pour $L_1 V_1$:

$$L_1 V_1(x, v) = (D\gamma + (4D\delta\gamma + 2\alpha - 2\lambda\delta - 2\beta\gamma)xv + (2D\delta^2 - 2\beta\delta)x^2 + (2D\gamma^2 - 2\lambda\gamma + 2\delta)v^2)V_1(x, v)$$

Afin d'avoir une inégalité de la forme $L_1 V_1 \leq -KV_1$ pour $|x|$ et $|v|$ suffisamment grands, on souhaite que le terme croisé en xv , dont contrôler le signe est très mal aisé, soit nul et que les termes en x^2 et v^2 soient négatifs afin que $L_1 V_1$ devienne négatif en s'éloignant de 0.

Autrement dit,

$$\begin{cases} 4D\delta\gamma + 2\alpha - 2\lambda\delta - 2\beta\gamma = 0 \\ 2D\delta^2 - 2\beta\delta \leq 0 \\ 2D\gamma^2 - 2\lambda\gamma + 2\delta \leq 0 \end{cases}$$

ce qui équivaut à

$$\begin{cases} \alpha = \lambda\delta + \beta\gamma - 2D\gamma\delta \\ D\delta \leq \beta \\ D\gamma^2 - \lambda\gamma + \delta \leq 0 \end{cases}$$

L'équation du second degré, en γ , $D\gamma^2 - \lambda\gamma + \delta = 0$ admet pour discriminant $\lambda^2 - 4D\delta$.

Ainsi, si $\delta \leq \frac{\lambda^2}{4D}$, $2D\gamma^2 - 2\lambda\gamma + 2\delta \leq 0$ équivaut à $\gamma \in \left[\frac{\lambda}{2D} - \sqrt{\frac{\lambda^2}{4D} - \delta}, \frac{\lambda}{2D} + \sqrt{\frac{\lambda^2}{4D} - \delta} \right]$.

Notons au passage qu'il n'est possible de trouver une fonction de Lyapunov sous cette forme vérifiant une égalité du type $L_1 V_1 \leq -K V_1$ en tout point car le terme constant en facteur de V_1 est $D\gamma$ et γ va être positif.

On choisit $\delta = \frac{\beta}{2D}$ ce qui entraîne que $\alpha = \frac{\beta\lambda}{2D}$; enfin, on pose $\gamma = \frac{\lambda}{2D}$.

Proposition 18. *Si $\lambda^2 \geq 2\beta$, la fonction V_1 définie par $V_1(x, v) = \exp\left(\frac{1}{2D}(\beta\lambda x^2 + 2\beta xv + \lambda v^2)\right)$ est une fonction de Lyapunov pour (10).*

Démonstration. D'après ce qui précède, $L_1 V_1(x, v) = \left(\frac{\lambda}{2} - \frac{\beta^2}{2D}x^2 - \frac{\lambda^2 - 2\beta}{2D}v^2\right)V_1(x, v)$.

Si $\|x, v\| \geq R$, $L_1 V_1 \leq \left(\frac{\lambda}{2} - \min\left(\frac{\beta^2}{2D}, \frac{\lambda^2 - 2\beta}{2D}\right)R^2\right)V_1$, donc pour $R \geq \sqrt{\frac{\lambda D}{\min(\beta^2, \lambda^2 - 2\beta)}}$, sur le complémentaire de la boule centrée en l'origine de rayon R , en posant $K_R = \frac{1}{2D} \min(\beta^2, \lambda^2 - 2\beta)R^2 - \frac{\lambda}{2}$, on a bien $L_1 V_1 \leq -K_R V_1$. □

Remarque 2. Notons que lorsque β tend vers 0, et qu'on s'approche alors d'un modèle SCS "classique" avec taux de communication constant, le rayon R de non-validité de l'inégalité caractérisant la fonction de Lyapunov tend vers l'infini. La convergence vers la probabilité invariante est alors de plus en plus lente. Étant donné qu'il n'existe pas de probabilité invariante dans le cas limite, c'est tout à fait logique.

En s'inspirant très largement des résultats ci-dessus, nous pouvons déterminer une fonction de Lyapunov associée au système microscopique (9), de générateur

$$L_2 f(x, v) = \frac{D}{2} \sum_{i,\alpha} \left(\left(1 - \frac{1}{N}\right) \partial_{v_i^\alpha}^2 f(x, v) - \frac{1}{N} \sum_{j \neq i} \partial_{v_i^\alpha v_j^\alpha}^2 f(x, v) \right) + \sum_{i,\alpha} v_i^\alpha \partial_{x_i^\alpha} f(x, v) - \sum_{i,\alpha} (\lambda v_i^\alpha + \beta x_i^\alpha) \partial_{v_i^\alpha} f(x, v)$$

En effet, si nous cherchons une fonction de Lyapunov de la forme

$$V_2(x, v) = \exp\left(\sum_i (p_i x_i^2 + 2q_i x_i v_i + r_i v_i^2)\right)$$

nous aboutissons à l'égalité

$$\begin{aligned} L_2 V_2(x, v) &= \left[\sum_i \left(1 - \frac{1}{N}\right) D r_i + \sum_i \left((2D q_i^2 - 2\beta q_i) x_i^2 + (2D r_i^2 + 2q_i - 2\lambda r_i) v_i^2 \right. \right. \\ &\quad \left. \left. + (4D q_i r_i + 2p_i - 2\lambda q_i - 2\beta r_i) x_i v_i \right) - \frac{1}{N} \left(\sum_i (2q_i x_i + 2r_i v_i) \right)^2 \right] V_2(x, v) \\ &\leq \left[\sum_i \left(\left(1 - \frac{1}{N}\right) D r_i (2D q_i^2 - 2\beta q_i) x_i^2 + (2D r_i^2 + 2q_i - 2\lambda r_i) v_i^2 \right. \right. \\ &\quad \left. \left. + (4D q_i r_i + 2p_i - 2\lambda q_i - 2\beta r_i) x_i v_i \right) \right] V_2(x, v) \end{aligned}$$

et nous retombons sur exactement les mêmes (in)équations que dans le cas précédent.

Proposition 19. Si $\lambda^2 \geq 2\beta$, la fonction V_2 définie par $V_2(x, v) = \exp\left(\frac{1}{2D}\left(\sum_i (\beta\lambda x_i^2 + 2\beta x_i v_i + \lambda v_i^2)\right)\right)$ est une fonction de Lyapunov pour (9).

3.3.2 De l'intérêt des fonctions de Lyapunov

Le théorème qui suit, un cas particulier d'un résultat présenté dans [1] et [6], permet de relier existence d'une fonction de Lyapunov et vitesse de convergence du processus vers sa probabilité invariante. Nous admettrons sa démonstration.

Théorème 1. Si V est une fonction de Lyapunov pour le générateur L sur $B(0, R)^c$, bornée sur $B(0, R)$, et si de plus le processus est irréductible, alors, en notant (P_t) le semi-groupe et μ la mesure invariante, pour tout point x , $P_t(x, \cdot)$ converge exponentiellement vers μ pour la norme en variation totale.

Pour montrer l'irréductibilité du processus, il suffit de montrer qu'il existe une densité et qu'elle est strictement positive presque partout ; on admettra ici que c'est le cas pour les deux modèles qui nous intéressent.

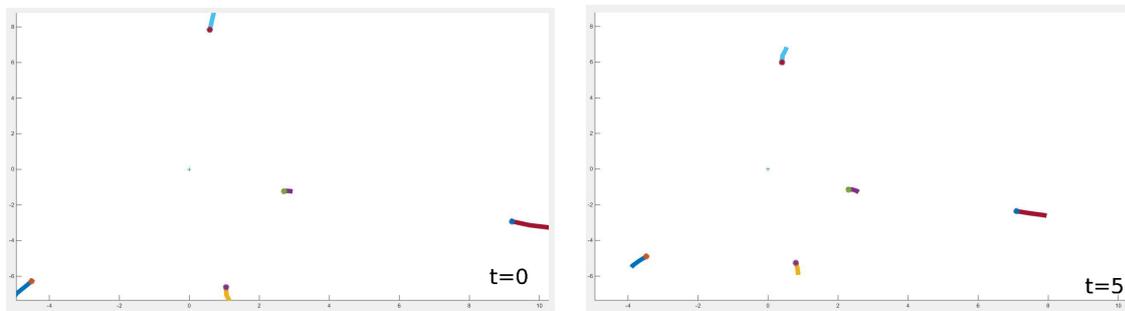
Pour une preuve, deux possibilités s'offrent à nous : utiliser le théorème de Hörmander pour prouver le caractère C^∞ de la densité puis utiliser le calcul de Malliavin pour se convaincre de sa stricte positivité, ou dans ces cas particuliers, appliquer le théorème de Girsanov pour se retrouver avec un système équivalent plus simple dont on connaît explicitement la densité.

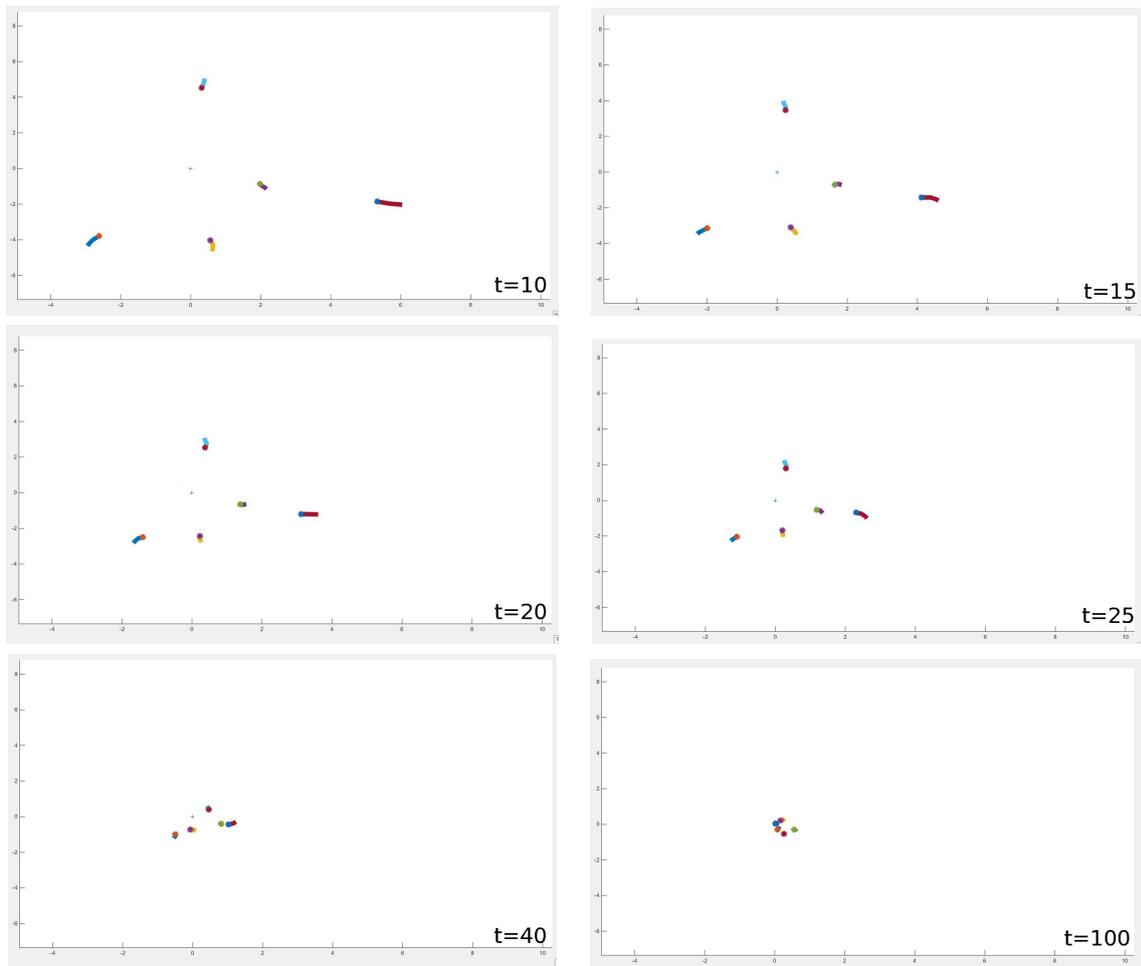
Il résulte de ces résultats et de l'existence de fonctions de Lyapunov qu'il y a, pour les systèmes (10) et (9), convergence exponentielle vers la mesure invariante.

3.4 Une simulation dans le plan

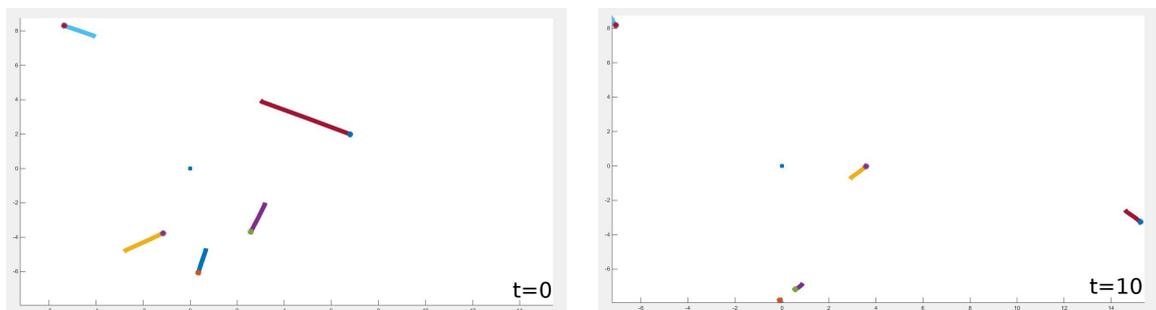
Les graphiques ci-dessous sont des captures d'écran à différents instants t , pour une échelle de temps totalement arbitraire, des vitesses microscopiques pour 5 particules, avec $d = 2$, $\lambda = 100$, $\beta = 10$ et $D = 3$ pour des vitesses initiales uniformément distribuées dans le carré $[-10, 10] \times [-10, 10]$ et des positions initiales uniformément distribuées dans $[-5, 5] \times [-5, 5]$.

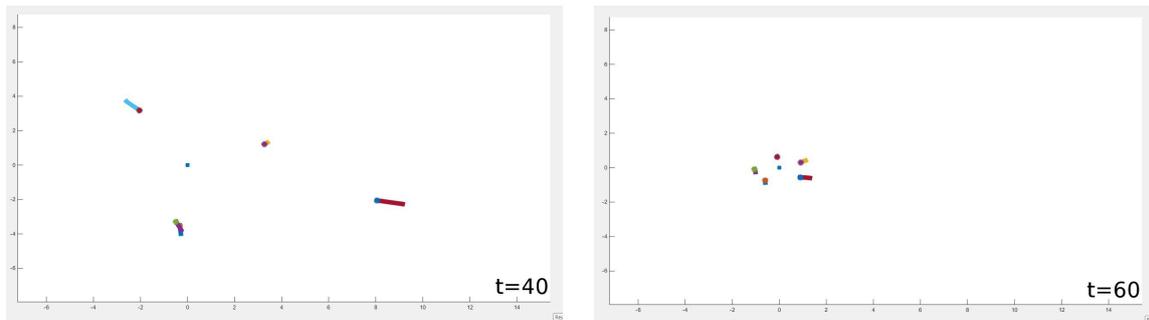
Les traits visibles correspondent à trois valeurs successives des vitesses. Ces vitesses se rapprochent à proximité de l'origine.





Les quatre graphes ci-dessous représentent une expérience analogue avec les positions relatives pour un échantillon, une échelle de temps et des paramètres différents : ici $\lambda = 1$, $\beta = 0,5$ et $D = 0,3$; les traits correspondent à trois positions successives occupées par une particule. On s'éloigne dans un premier temps assez rapidement de l'origine, pour y revenir ensuite, plus lentement.





Cet exemple conclut la partie sur cette version améliorée du modèle SCS à taux de communication constant, qui admet une probabilité invariante pour le système microscopique associé, et dont le semi-groupe converge exponentiellement vers cette mesure invariante.

Comme cela a été mentionné à la fin de la première partie, une autre approche possible du *flocking* stochastique consiste à étudier, sur un intervalle de temps grand mais fini $[0, T]$, le comportement d'une sous population fixée choisie au milieu d'une population de grande taille N .

Nous espérons détecter un comportement identique chez chacun des individus de cette sous-population pour un temps grand. Ce type de comportement est bien connu, sous l'appellation de propagation du chaos ; il a notamment déjà été étudié pour des modèles de type champ moyen.

4 Taux de communication non constant. Propagation du chaos.

Nous nous en intéressons ici au cas plus général où le taux de communication ψ est non constant ; nous le supposons positif et radial : il existe $\bar{\psi}$ tel que $\psi(x, y) = \bar{\psi}(\|x - y\|^2)$.

Nous rappelons le systèmes d'équations vérifié par le modèle global.

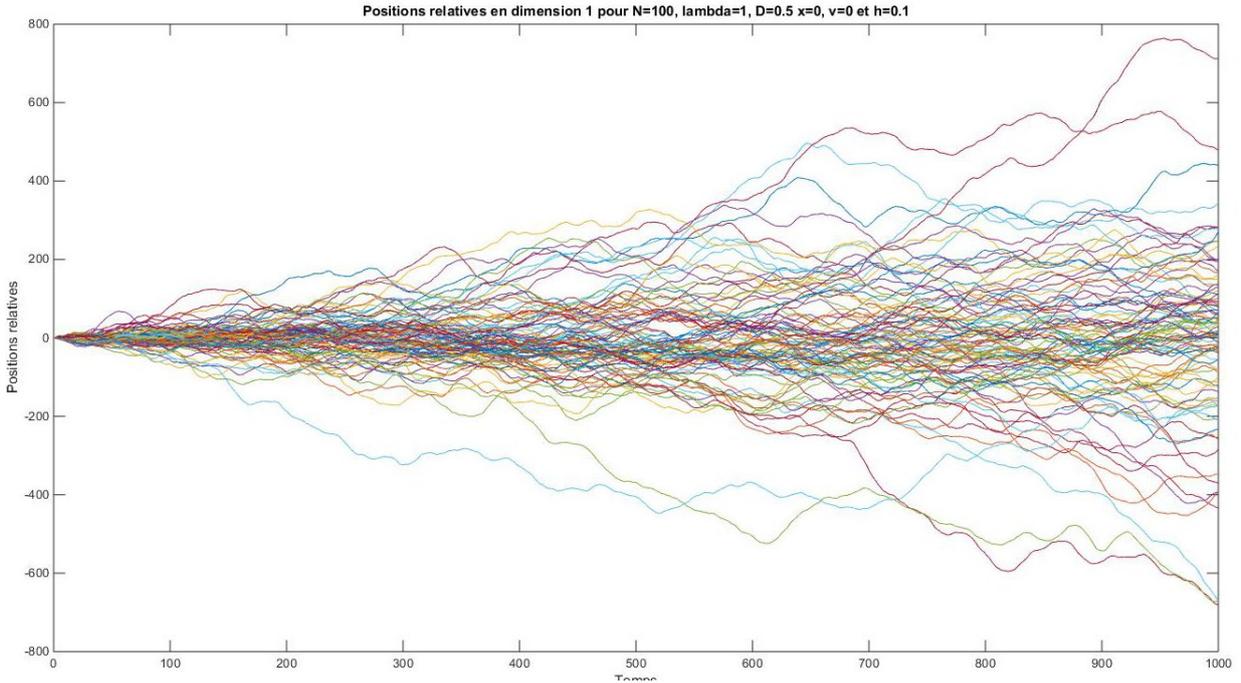
Pour tout $i \in \{1, \dots, N\}$,

$$(2) : \begin{cases} dx_i &= v_i dt \\ dv_i &= -\frac{\lambda}{N} \sum_{j=1}^N \psi(x_j, x_i)(v_i - v_j) dt + \sqrt{D} dW_i \end{cases}$$

A l'instar du cas $\psi = 1$, nous introduisons les sous-systèmes macroscopiques et microscopiques. Ce dernier vérifie les équations suivantes :

$$\begin{cases} d\hat{x}_i &= \hat{v}_i dt \\ d\hat{v}_i &= -\frac{\lambda}{N} \sum_{i=1}^N \psi(\hat{x}_i, \hat{x}_j)(\hat{v}_i - \hat{v}_j) dt + \sqrt{D} \left(1 - \frac{1}{N}\right) dW_i - \frac{\sqrt{D}}{N} \sum_{j \neq i} dW_j \end{cases} \quad (11)$$

Il est toujours exact que $\sum_{i=1}^N \hat{x}_i = \sum_{i=1}^N \hat{v}_i = 0$ pour tout t positif.



Document 4 – Comportement des positions microscopiques en dimension 1.

Nous voulons montrer qu'il y a propagation du chaos ; pour ce faire, nous devons commencer par des calculs d'estimation de moments, ainsi que cela a été fait dans [10] et [9] puis dans [3].

Nous commençons par reprendre les résultats présentés par Ha, Lee et Levy dans [7].

4.1 Les résultats de [7]

Deux fonctions auxiliaires, X et V sont introduites : $X(t) = \sum_{i=1}^N \|\hat{x}_i(t)\|^2$ and $V(t) = \sum_{i=1}^N \|\hat{v}_i(t)\|^2$; ce paragraphe débute par un lemme présentant des inégalités les reliant.

Lemme 3. Pour tout $t \geq 0$,

$$\text{a) } X(t) \leq X(0) + 2 \int_0^t \sqrt{X(s)V(s)} ds.$$

$$\text{b) } V(t) \leq V(0) - 2\lambda \int_0^t \bar{\psi}(2X)V(s) ds + dD(N-1)t$$

$$+ 2\sqrt{D} \left(1 - \frac{1}{N}\right) \sum_{i=1}^N \int_0^t \langle \hat{v}_i(s), dW_i(s) \rangle - \frac{2\sqrt{D}}{N} \sum_{i=1}^N \sum_{j \neq i} \int_0^t \langle \hat{v}_i(s), dW_j(s) \rangle$$

Démonstration. a) Nous appliquons la formule d'Itô pour \hat{x}_i avec le carré de la norme :

$$\|\hat{x}_i(t)\|^2 = \|\hat{x}_i(0)\|^2 + \int_0^t \sum_{\alpha=1}^d 2\hat{x}_i^\alpha(s) \hat{v}_i^\alpha(s) ds$$

Alors, en sommant pour i entre 1 et N ,

$$X(t) = X(0) + 2 \sum_{i=1}^N \int_0^t \langle \hat{x}_i(s), \hat{v}_i(s) \rangle ds$$

Par ailleurs, grâce à deux utilisations successives de l'inégalité de Cauchy-Schwarz,

$$\sum_{i=1}^N \langle \hat{x}_i(s), \hat{v}_i(s) \rangle \leq \sum_{i=1}^N \|\hat{x}_i(s)\| \|\hat{v}_i(s)\| \leq \sqrt{\sum_{i=1}^N \|\hat{x}_i(s)\|^2} \sqrt{\sum_{i=1}^N \|\hat{v}_i(s)\|^2}$$

b) Nous employons une nouvelle fois la formule d'Itô pour $\|\cdot\|^2$:

$$\begin{aligned} \|\hat{v}_i(t)\|^2 &= \|\hat{v}_i(0)\|^2 + \int_0^t \sum_{j=1}^N \frac{2\lambda}{N} \bar{\psi}(\|\hat{x}_i - \hat{x}_j\|^2) \langle \hat{v}_i(s), \hat{v}_j(s) - \hat{v}_i(s) \rangle ds \\ &\quad - \frac{\sqrt{D}}{N} \sum_{j \neq i} \int_0^t 2 \langle \hat{v}_i(s), dW_j(s) \rangle + \sqrt{D} \left(1 - \frac{1}{N}\right) \int_0^t \langle \hat{v}_i(s), dW_i(s) \rangle \\ &\quad + \int_0^t \sum_{\alpha=1}^d (\sigma \sigma^T)_{\alpha, \alpha} ds. \end{aligned}$$

$$\text{où } \sigma_{\alpha, j} = \sqrt{D} \left(\delta_{i, j} - \frac{1}{N} \right) \text{ pour } j \in \{1, \dots, N\} \text{ et } \alpha \in \{1, \dots, d\}.$$

$$\begin{aligned} \text{Ainsi, } V(t) &= V(0) + \frac{2\lambda}{N} \sum_{i, j=1}^N \int_0^t \bar{\psi}(\|\hat{x}_i - \hat{x}_j\|^2) \langle \hat{v}_i(s), \hat{v}_j(s) - \hat{v}_i(s) \rangle ds \\ &\quad + 2\sqrt{D} \left(1 - \frac{1}{N}\right) \sum_{i=1}^N \int_0^t \langle \hat{v}_i(s), dW_i(s) \rangle - \frac{2\sqrt{D}}{N} \sum_{i=1}^N \sum_{j \neq i} \int_0^t \langle \hat{v}_i(s), dW_j(s) \rangle \\ &\quad + dD(N-1)t \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
\text{Or, } 2 \sum_{i,j=1}^N \bar{\psi}(\|\hat{x}_i - \hat{x}_j\|^2) \langle \hat{v}_i, \hat{v}_j - \hat{v}_i \rangle &= \sum_{i,j=1}^N \bar{\psi}(\|\hat{x}_i - \hat{x}_j\|^2) \langle \hat{v}_i, \hat{v}_j - \hat{v}_i \rangle \\
&+ \sum_{i,j=1}^N \bar{\psi}(\|\hat{x}_i - \hat{x}_j\|^2) \langle \hat{v}_j, \hat{v}_i - \hat{v}_j \rangle \\
&= \sum_{i,j=1}^N \bar{\psi}(\|\hat{x}_i - \hat{x}_j\|^2) \langle \hat{v}_i - \hat{v}_j, \hat{v}_j - \hat{v}_i \rangle \\
&= - \sum_{i,j=1}^N \bar{\psi}(\|\hat{x}_i - \hat{x}_j\|^2) \|\hat{v}_i - \hat{v}_j\|^2
\end{aligned}$$

et $\bar{\psi}(\|\hat{x}_i - \hat{x}_j\|^2) \geq \bar{\psi}(2X)$ par décroissance de $\bar{\psi}$ et car pour tous x, y , $\|x - y\|^2 \leq 2(\|x\|^2 + \|y\|^2)$.

Finalement, comme

$$\begin{aligned}
\sum_{i,j=1}^N \|\hat{v}_i - \hat{v}_j\|^2 &= \sum_{i,j=1}^N \|\hat{v}_i\|^2 + \|\hat{v}_j\|^2 - 2 \langle \hat{v}_i, \hat{v}_j \rangle \\
&= 2NV + 2 \sum_{i=1}^N \langle \hat{v}_i, \sum_{j=1}^N \hat{v}_j \rangle = 2NV,
\end{aligned}$$

nous avons

$$2 \sum_{i,j=1}^N \bar{\psi}(\|\hat{x}_i - \hat{x}_j\|^2) \langle \hat{v}_i, \hat{v}_j - \hat{v}_i \rangle \leq -2N\bar{\psi}(2X)V,$$

ce qui nous donne b). \square

Nous allons utiliser ces résultats, ainsi que la version différentielle du lemme de Gronwall, pour obtenir une majoration de l'espérance de V .

Théorème 2. *S'il existe une constante positive $\bar{\psi}_*$ telle que $\min_{s \in \mathbb{R}_+} \bar{\psi}(s) \geq \bar{\psi}_* > 0$, alors,*

$$\mathbb{E}[V(t)] \leq V(0)e^{-2\lambda\bar{\psi}_*t} + \frac{dD(N-1)}{2\lambda\bar{\psi}_*}(1 - e^{-2\lambda\bar{\psi}_*t})$$

Démonstration. Introduisons, pour tout entier positif k , $T_k = \min(t, \inf\{u \geq 0 | V(u) \geq k\})$.

Alors, le résultat b) du lemme 3 nous permet d'affirmer que

$$\begin{aligned}
\mathbb{E}[V(T_k)] &\leq V(0) - 2\lambda\bar{\psi}_* \mathbb{E} \left[\int_0^{T_k} V(s) ds \right] + dD(N-1)\mathbb{E}[T_k] \\
&\leq V(0) + dD(N-1)t.
\end{aligned}$$

Nous obtenons ainsi, en faisant tendre k vers l'infini, la finitude de l'espérance de $V(t)$.

En outre,

$$\mathbb{E}[V(t)] = V(0) - 2\frac{\lambda}{N} \int_0^t \sum_{i,j=1}^N \bar{\psi}(\|\hat{x}_i - \hat{x}_j\|^2) \|\hat{v}_i - \hat{v}_j\|^2 ds + dD(N-1)t$$

Et en dérivant par rapport au temps,

$$\begin{aligned} \partial_t \left(\mathbb{E}[V(t)] - \frac{dD(N-1)}{2\lambda\bar{\psi}_*} \right) &= -2\frac{\lambda}{N} \sum_{i,j=1}^N \bar{\psi}(\|\hat{x}_i - \hat{x}_j\|^2) \|\hat{v}_i - \hat{v}_j\|^2 + dD(N-1) \\ &\leq dD(N-1) - 2\lambda\bar{\psi}_* \mathbb{E}[V(t)] \end{aligned}$$

Alors, nous appliquons le lemme de Gronwall, qui permet de conclure,

$$\mathbb{E}[V(t)] \leq V(0)e^{-2\lambda\bar{\psi}_*t} + \frac{dD(N-1)}{2\lambda\bar{\psi}_*}(1 - e^{-2\lambda\bar{\psi}_*t})$$

□

Comme on peut facilement vérifier l'inégalité $\text{var}(\hat{v}_i^\alpha(t)) \leq \mathbb{E}[V(t)]$, nous pouvons exhiber une borne uniforme pour la variance de la vitesse relative d'une particule :

Corollaire 1. $\forall i \in \{1, \dots, N\}, \alpha \in \{1, \dots, d\}, \lim_{t \rightarrow \infty} \text{var}(\hat{v}_i^\alpha(t)) \leq \frac{dD(N-1)}{2\lambda\bar{\psi}_*}$

Par ailleurs, en utilisant le fait que $\sum_{i,j=1}^N \|\hat{v}_i - \hat{v}_j\|^2 = 2NV$, pour tous $i, j \in \{1, \dots, N\}$,

$$\sup_{t \geq 0} \mathbb{E}[\|\hat{v}_i(t) - \hat{v}_j(t)\|] \leq \sqrt{2N \left(V(0) + \frac{dD(N-1)}{2\lambda\bar{\psi}_*} \right)}$$

Si nous supposons de surcroît que toutes les particules sont échangeables,

$$\mathbb{E}[\|\hat{v}_i(t) - \hat{v}_j(t)\|^2] = \frac{2}{N-1} \mathbb{E}[V(t)]$$

et par conséquent,

$$\mathbb{E}[\|\hat{v}_i(t) - \hat{v}_j(t)\|] \leq \sqrt{\frac{2N}{N-1} \mathbb{E}[\|\hat{v}_1(0)\|^2] e^{-2\lambda\bar{\psi}_*t} + \frac{dD}{2\lambda\bar{\psi}_*} (1 - e^{-2\lambda\bar{\psi}_*t})}$$

Les résultats obtenus dans cette section sont assez décevants car nous obtenons seulement une majoration de l'espérance de l'écart entre les vitesses des deux particules et non une convergence de la dite espérance vers 0, ce qui est une des conditions d'obtention de *flocking* en moyenne.

Nous essayons dans ce qui suit, par l'intermédiaire d'outils de propagation du chaos d'obtenir davantage de renseignements sur le comportement asymptotique de ce modèle.

4.2 Chaoticité

Les résultats ici présentés sont largement inspirés de [10], [9] et [3].

Considérons le système différentiel stochastique

$$\begin{cases} \bar{x}_t &= \bar{x}_0 + \int_0^t \bar{v}_s ds \\ \bar{v}_t &= \bar{v}_0 + \sqrt{D}W_t - \lambda \int_0^t \int \psi(\bar{x}_s, x)(\bar{v}_s - v) u_s(dx, dv) ds \\ u_t &= \mathcal{L}(\bar{x}_t, \bar{v}_t) \end{cases} \quad (12)$$

où (W_t) est un mouvement brownien standard en dimension d .

Sous certaines conditions, nous disposons de l'existence et de l'unicité de la solution :

Théorème 3. (12) admet une unique solution $(\bar{x}_t, \bar{v}_t)_{t \geq 0}$ si la fonction $(x, x', v, v') \mapsto \psi(x, x')(v - v')$ est lipschitzienne.

Une démonstration de ce théorème, faisant intervenir, entre autres, la distance de Wasserstein, le lemme de Gronwall et des résultats de points fixes, peut être trouvée en annexe, en 5.3.1.

Remarque 3. Si le taux de communication est constant, (12) devient le système linéaire

$$\begin{cases} \bar{x}_t &= \bar{x}_0 + \int_0^t \bar{v}_s ds \\ \bar{v}_t &= \bar{v}_0 + \sqrt{D}W_t - \lambda \int_0^t \bar{v}_s ds \end{cases} \quad (13)$$

L'existence et l'unicité de \bar{v} découle directement du caractère lipschitzien des termes de dérive et de diffusion de la deuxième équation ; elles entraînent, *via* la première équation, respectivement l'existence et l'unicité de \bar{x} .

Nous disposons même de leur expression explicite :

$$\bar{v}_t = e^{-\lambda t} \hat{v}_i(0) + \sqrt{D} \int_0^t e^{-\lambda(t-s)} dW_i(s)$$

Nous supposons dans la suite que les particules sont échangeables et que toutes les conditions initiales admettent un moment d'ordre 2 fini.

4.2.1 Contrôles des moments

$\bar{\psi}$ est ici supposée être une fonction positive, mesurable et décroissante, telle qu'il existe deux constantes ψ_1 et ψ_2 vérifiant pour tout réel positif s , $0 < \psi_1 \leq \bar{\psi}(s) \leq \psi_2$.

Nous entamons cette partie, dans laquelle nous chercherons à obtenir des majorations de divers moments d'ordre 2, avec une majoration uniforme sur les réels positifs de l'espérance de la norme au carré de la vitesse microscopique d'une particule.

Proposition 20. Pour tout $i \in \{1, \dots, N\}$,

$$\sup_{t \geq 0} \mathbb{E}[\|\hat{v}_i(t)\|^2] \leq \mathbb{E}[\|\hat{v}_i(0)\|^2] + \frac{dD}{2\lambda\psi_1}$$

Démonstration. Nous avons précédemment (voir le théorème 2) vu que :

$$\mathbb{E}\left[\sum_{i=1}^N \|\hat{v}_i(t)\|^2\right] \leq \mathbb{E}\left[\sum_{i=1}^N \|\hat{v}_i(0)\|^2\right] e^{-2\lambda\psi_1 t} + \frac{dD(N-1)}{2\lambda\psi_1} (1 - e^{-2\lambda\psi_1 t})$$

L'absence de différenciation des particules entraîne l'inégalité :

$$\mathbb{E}[\|\hat{v}_i(t)\|^2] \leq \mathbb{E}[\|\hat{v}_i(0)\|^2] e^{-2\lambda\psi_1 t} + \frac{dD(N-1)}{2\lambda\psi_1 N} (1 - e^{-2\lambda\psi_1 t})$$

qui permet la conclusion de la preuve. □

Cette proposition conduit à une majoration de l'espérance de la norme du vecteur (\hat{x}, \hat{v}) .

Corollaire 2. *Pour tout t positif, il existe une constante M_t strictement positive telle que quel que soit le nombre de particules N du système,*

$$\mathbb{E}[\|(\hat{x}_i(t), \hat{v}_i(t))\|] \leq M_t$$

Démonstration. Posons $C_1 = \mathbb{E}[\|\hat{v}_i(0)\|^2] + \frac{dD}{2\lambda\psi_1}$.

Nous pouvons exprimer la norme de la position relative sous la forme :

$$\|\hat{x}_i(t)\|^2 = \|\hat{x}_i(0)\|^2 + \left\| \int_0^t \hat{v}_i(s) ds \right\|^2 + 2 \left\langle \hat{x}_i(0), \int_0^t \hat{v}_i(s) ds \right\rangle$$

Des utilisations successives de l'inégalité de Cauchy-Schwarz conduisent à

$$\mathbb{E}[\|\hat{x}_i(t)\|^2] \leq \mathbb{E}[\|\hat{x}_i(0)\|^2] + C_1 t^2 + 2\sqrt{C_1 \mathbb{E}[\|\hat{x}_i(0)\|^2]} t$$

Alors, en notant $M_t = \sqrt{C_1 + \mathbb{E}[\|\hat{x}_i(0)\|^2] + C_1 t^2 + 2\sqrt{C_1 \mathbb{E}[\|\hat{x}_i(0)\|^2]} t}$,

$$\mathbb{E}[\|(\hat{x}_i(t), \hat{v}_i(t))\|] \leq \sqrt{\mathbb{E}[\|(\hat{x}_i(t), \hat{v}_i(t))\|^2]} \leq M_t$$

□

Poursuivons en nous intéressant à la norme de l'écart entre les vitesses microscopiques de deux particules - qui est également, rappelons-le, l'écart entre les deux vitesses globales de ces deux particules : en effet, quels que soient i et j , $v_i - v_j = \hat{v}_i - \hat{v}_j$.

Nous obtenons une majoration très semblable à la précédente.

Proposition 21. *Pour tous $i, j \in \{1, \dots, N\}$,*

$$\sup_{t \geq 0} \mathbb{E}[\|\hat{v}_i(t) - \hat{v}_j(t)\|^2] \leq \mathbb{E}[\|\hat{v}_i(0) - \hat{v}_j(0)\|^2] + \frac{dD}{\lambda\psi_1}$$

Démonstration. Par définition, $\hat{v}_i - \hat{v}_j$ vérifie l'équation différentielle stochastique

$$d(\hat{v}_i(t) - \hat{v}_j(t)) = \sqrt{D}(dW_i - dW_j) + \frac{\lambda}{N} \sum_{k=1}^N [\psi(\hat{x}_k, \hat{x}_i)(\hat{v}_k - \hat{v}_i) - \psi(\hat{x}_k, \hat{x}_j)(\hat{v}_k - \hat{v}_j)] dt.$$

Nous appliquons la formule d'Itô au carré de la norme :

$$\begin{aligned} \mathbb{E}[\|\hat{v}_i(t) - \hat{v}_j(t)\|^2] &= \mathbb{E}[\|\hat{v}_i(0) - \hat{v}_j(0)\|^2] \\ &+ \frac{2\lambda}{N} \mathbb{E} \left[\int_0^t \left\langle \hat{v}_i - \hat{v}_j, \sum_{k=1}^N [\psi(\hat{x}_k, \hat{x}_i)(\hat{v}_k - \hat{v}_i) - \psi(\hat{x}_k, \hat{x}_j)(\hat{v}_k - \hat{v}_j)] \right\rangle ds \right] \\ &+ \frac{1}{2} \int_0^t \sum_{\alpha=1}^d 2 \times 2D ds \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
\text{Ainsi, } \sum_{i,j=1}^N \mathbb{E}[\|\hat{v}_i(t) - \hat{v}_j(t)\|^2] &= \sum_{i,j=1}^N \mathbb{E}[\|\hat{v}_i(0) - \hat{v}_j(0)\|^2] + \frac{2\lambda}{N} \int_0^t \sum_{i,j,k=1}^N \mathbb{E} \langle \hat{v}_i - \hat{v}_j, \psi(\hat{x}_k, \hat{x}_i)(\hat{v}_k - \hat{v}_i) \rangle ds \\
&\quad - \frac{2\lambda}{N} \int_0^t \sum_{i,j,k=1}^N \mathbb{E} \langle \hat{v}_i - \hat{v}_j, \psi(\hat{x}_k, \hat{x}_j)(\hat{v}_k - \hat{v}_j) \rangle ds + 2N(N-1)dDt \\
&= \sum_{i,j=1}^N \mathbb{E}[\|\hat{v}_i(0) - \hat{v}_j(0)\|^2] + 2N(N-1)dDt \\
&\quad + 2N \frac{2\lambda}{N} \int_0^t \sum_{i,k=1}^N \mathbb{E} \langle \hat{v}_i, \psi(\hat{x}_k, \hat{x}_i)(\hat{v}_k - \hat{v}_i) \rangle ds
\end{aligned}$$

$$\text{Comme } 2 \sum_{i,k=1}^N \langle \hat{v}_i, \psi(\hat{x}_k, \hat{x}_i)(\hat{v}_k - \hat{v}_i) \rangle = - \sum_{i,k=1}^N \psi(\hat{x}_k, \hat{x}_i) \|\hat{v}_k - \hat{v}_i\|^2,$$

en posant $h(t) = \sum_{i,j=1}^N \mathbb{E}[\|\hat{v}_i(t) - \hat{v}_j(t)\|^2] - \frac{N(N-1)dD}{\lambda\psi_1}$, et en dérivant h ,

$$\begin{aligned}
h'(t) &= 2N(N-1)dD - 2\lambda \sum_{i,j=1}^N \mathbb{E}[\|\hat{v}_i(t) - \hat{v}_j(t)\|^2] \\
&\leq -2\lambda\psi_1 h(t)
\end{aligned}$$

Grâce au lemme de Gronwall et à l'interchangeabilité des individus,

$$\mathbb{E}[\|\hat{v}_i(t) - \hat{v}_j(t)\|^2] \leq \mathbb{E}[\|\hat{v}_i(0) - \hat{v}_j(0)\|^2] e^{-2\lambda\psi_1 t} + \frac{N(N-1)dD}{N(N-1)\lambda\psi_1} (1 - e^{-2\lambda\psi_1 t})$$

ce qui achève cette démonstration. \square

Nous portons maintenant notre attention sur l'écart entre les vitesses relatives d'une particule fixée à deux instants donnés.

Proposition 22. *Il existe $K > 0$ tel que pour tout $N \in \mathbb{N}$, pour tous réels positifs s et t , avec $s < t$,*

$$\mathbb{E}[\|\hat{v}_i(t) - \hat{v}_i(s)\|^2] \leq K(t-s)$$

Démonstration. Nous utilisons la formule d'Itô, puis l'inégalité de Cauchy-Schwarz, les bornes de $\bar{\psi}$ et enfin les majorations précédentes :

$$\begin{aligned}
\mathbb{E}[\|\hat{v}_i(t) - \hat{v}_i(s)\|^2] &= \frac{2\lambda}{N} \int_s^t \mathbb{E} \left[\left\langle \hat{v}_i(u) - \hat{v}_i(s), \sum_{j=1}^N \psi(\hat{x}_i, \hat{x}_j) (\hat{v}_j(u) - \hat{v}_i(u)) \right\rangle \right] du \\
&\quad + dD \left(1 - \frac{1}{N}\right) (t - s) \\
&\leq \frac{2\lambda\psi_2}{N} \int_s^t N \sqrt{\mathbb{E}[\|\hat{v}_1(u) - \hat{v}_1(s)\|^2]} \sqrt{\mathbb{E}[\|\hat{v}_1(u) - \hat{v}_N(u)\|^2]} du \\
&\quad + dD \left(1 - \frac{1}{N}\right) (t - s) \\
&\leq 2\lambda\psi_2 \sqrt{\mathbb{E}[\|\hat{v}_1(0) - \hat{v}_N(0)\|^2]} + \frac{dD}{\lambda\psi_1} \int_s^t \sqrt{\mathbb{E}[\|\hat{v}_1(u) - \hat{v}_1(s)\|^2]} du \\
&\quad + dD \left(1 - \frac{1}{N}\right) (t - s)
\end{aligned}$$

$\|\hat{v}_1(u) - \hat{v}_1(s)\|^2 \leq 2(\|\hat{v}_1(u)\|^2 + \|\hat{v}_1(s)\|^2)$, donc en notant $C_1 = \mathbb{E}[\|\hat{v}_1(0)\|^2] + \frac{dD}{2\lambda\psi_1}$, nous avons

$$\mathbb{E}[\|\hat{v}_1(u) - \hat{v}_1(s)\|^2] \leq 4C_1$$

Nous introduisons $K_1 = 2\lambda\psi_2 \sqrt{\mathbb{E}[\|\hat{v}_1(0) - \hat{v}_N(0)\|^2]} + \frac{dD}{\lambda\psi_1}$ and $K_2 = \sqrt{4C_1}$.

Par conséquent,

$$\mathbb{E}[\|\hat{v}_i(t) - \hat{v}_i(s)\|^2] \leq K_1 K_2 (t - s) + dD \left(1 - \frac{1}{N}\right) (t - s)$$

Enfin, nous posons $K = K_1 K_2 + dD$ pour arriver au résultat souhaité. \square

Étendons ce résultat afin de prendre en compte la position :

Corollaire 3. *Il existe une constant positive $C > 0$ telle que pour tous $N \in \mathbb{N}$, $s, t \geq 0$, avec $s < t$,*

$$\mathbb{E}[\|(\hat{x}_i(t) - \hat{x}_i(s), \hat{v}_i(t) - \hat{v}_i(s))\|^2] \leq K(t - s) + C(t - s)^2$$

Démonstration. En revenant à la définition \hat{x}_i ,

$$\begin{aligned}
\|\hat{x}_i(t) - \hat{x}_i(s)\|^2 &= \left\| \int_s^t \hat{v}_i(u) du \right\|^2 \\
&\leq \left(\int_s^t \|\hat{v}_i(u)\| du \right)^2 \\
&\leq (t - s) \int_s^t \|\hat{v}_i(u)\|^2 du
\end{aligned}$$

et choisir $C = C_1$ permet de conclure. \square

Tournons provisoirement notre attention vers l'unique solution du système différentiel (12). Nous obtenons la même majoration de l'espérance du carré de la norme que pour \hat{v} .

Proposition 23. $\sup_{t \geq 0} \mathbb{E}[\|\bar{v}_t\|^2] \leq \mathbb{E}[\|\bar{v}_0\|^2] + \frac{dD}{2\lambda\psi_1}$.

Démonstration. — Commençons par prouver que pour tout t , $\mathbb{E}[\bar{v}_t] = \mathbb{E}[\bar{v}_0]$.

Nous pouvons écrire que $\int \psi(\bar{x}_s, x)(\bar{v}_s - v)u_s(dx, dv) = \mathbb{E}[\psi(\bar{x}_s, \bar{y}_s)(\bar{v}_s - \bar{z}_s)|(\bar{x}_s, \bar{v}_s)]$ où (\bar{y}_s, \bar{z}_s) est une copie indépendante de (\bar{x}_s, \bar{v}_s) .

$$\begin{aligned} \text{Alors, } \mathbb{E}[\bar{v}_t] &= \mathbb{E}[\bar{v}_0] - \lambda \int_0^t \mathbb{E} \left[\int \psi(\bar{x}_s, x)(\bar{v}_s - v)u_s(dx, dv) \right] ds \\ &= \mathbb{E}[\bar{v}_0] - \lambda \int_0^t \mathbb{E}[\psi(\bar{x}_s, \bar{y}_s)(\bar{v}_s - \bar{z}_s)] ds \\ &= \mathbb{E}[\bar{v}_0] \end{aligned}$$

— D'après, une fois encore, la formule d'Itô,

$$\mathbb{E}[\|\bar{v}_t\|^2] = \mathbb{E}[\|\bar{v}_0\|^2] - 2\lambda \int_0^t \mathbb{E} \left[\left\langle \bar{v}_s, \int \psi(\bar{x}_s, x)(\bar{v}_s - v)u_s(dx, dv) \right\rangle \right] ds + dD$$

En outre,

$$\begin{aligned} 2 \int_0^t \mathbb{E} \left[\left\langle \bar{v}_s, \int \psi(\bar{x}_s, x)(\bar{v}_s, v)u_s(dx, dv) \right\rangle \right] ds &= 2 \int_0^t \mathbb{E} \left[\left\langle \bar{v}_s, \psi(\bar{x}_s, \bar{y}_s)(\bar{v}_s - \bar{z}_s) \right\rangle \right] ds \\ &= \int_0^t \mathbb{E} \left[\left\langle \bar{v}_s, \psi(\bar{x}_s, \bar{y}_s)(\bar{v}_s - \bar{z}_s) \right\rangle \right] ds + \int_0^t \mathbb{E} \left[\left\langle \bar{z}_s, \psi(\bar{x}_s, \bar{y}_s)(\bar{z}_s - \bar{v}_s) \right\rangle \right] ds \\ &= \int_0^t \mathbb{E} \left[\left\langle \bar{v}_s - \bar{z}_s, \psi(\bar{x}_s, \bar{y}_s)(\bar{v}_s - \bar{z}_s) \right\rangle \right] ds \end{aligned}$$

— Posons $f(t) = \mathbb{E}[\|\bar{v}_t\|^2] + \|\mathbb{E}[\bar{v}_0]\|^2 + \frac{dD}{2\lambda\psi_1}$.

En dérivant et en minorant *p̄si*,

$$\begin{aligned} f'(t) &= -\lambda \mathbb{E} \left[\left\langle \bar{v}_t - \bar{z}_t, \psi(\bar{x}_t, \bar{y}_t)(\bar{v}_t - \bar{z}_t) \right\rangle \right] + dD \\ &\leq -2\lambda\psi_1 \mathbb{E}[\|\bar{v}_t\|^2] + 2\lambda\psi_1 \mathbb{E} \left[\left\langle \bar{v}_t, \bar{z}_t \right\rangle \right] + dD \\ &\leq -2\lambda\psi_1 f(t) \end{aligned}$$

La version différentielle du lemme de Gronwall s'applique alors :

$$\mathbb{E}[\|\bar{v}_t\|^2] \leq \mathbb{E}[\|\bar{v}_0\|^2] e^{-2\lambda\psi_1 t} + \left(\|\mathbb{E}[\bar{v}_0]\|^2 + \frac{dD}{2\lambda\psi_1} \right) (1 - e^{-2\lambda\psi_1 t})$$

□

Remarque 4. Pour $\psi = 1$, ces résultats ne peuvent pas être améliorés significativement de manière évidente ; en revanche, nombre de démonstrations précédentes peuvent être simplifiées, particulièrement celle de la dernière proposition.

4.2.2 Propagation du chaos

Nous allons étudier le comportement du système SCS lorsque le nombre N de particules devient très grand. Pour ce faire, nous introduisons la notion de chaoticité.

Définition 5. Soient E un espace polonais, Q une mesure de probabilité sur E et pour tout $N \in \mathbb{N}$, Q_N une probabilité sur E^N .

La suite $(Q_N)_{N \geq 1}$ est Q -chaotique si pour tout entier k fixé et pour toutes fonctions continues bornées f_1, \dots, f_k sur E ,

$$\lim_{N \rightarrow \infty} \int f_1 \dots f_k 1^{N-k} dQ_N = \prod_{i=1}^k \int f_i dQ$$

Autrement dit, lorsque N tend vers l'infini, pour un entier fixé k , tout groupe fini de k coordonnées les voit devenir indépendantes et de même distribution Q .

Notre objectif ici est de montrer la convergence, en loi et en probabilité, de la mesure empirique de (12) vers une limite déterministe μ , ainsi que de mettre en évidence un comportement chaotique.

Introduisons $\mu_N(\omega) = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \delta_{(x_i^N, v_i^N)(\omega)}$ la mesure empirique pour un système à N particules ; nous noterons π_N sa loi.

Nous admettrons le résultat ci-dessous, dont la démonstration peut être trouvée dans [9] ou [10]. Il nous fournit une condition nécessaire et suffisante pour prouver qu'une suite de probabilités est chaotique.

Proposition 24. *Si $(Q_N)_{N \geq 1}$ est une suite de mesures de probabilité échangeables sur E^N , elle est Q -chaotique si et seulement si les mesures empiriques associées converge en loi - et en probabilité - en tant que variables à valeurs dans $\mathcal{P}(E)$ sous Q_N , vers la mesure de probabilité déterministe Q .*

Le problème de martingales (ou plus précisément ses solutions) décrit ci-après va jouer un rôle crucial dans la suite des événements.

Nous dirons qu'une mesure de probabilité Q sur $\mathcal{C}[0, T], \mathbb{R}^{2d}$ est solution de (P_∞) si pour toute fonction ϕ de $\mathcal{C}_b^2(\mathbb{R}^{2d})$,

$$M_t^\phi(Q) = \phi(\bar{x}_t, \bar{v}_t) - \phi(\bar{x}_0, \bar{v}_0) - \int_0^t \langle \nabla_x \phi(\bar{x}_s, \bar{v}_s), \bar{v}_s \rangle ds + \lambda \int_0^t \int \psi(\bar{x}_s, x) \langle \nabla_v \phi(\bar{x}_s, \bar{v}_s), \bar{v}_s - v \rangle Q_s(dx, dv) ds - \frac{D}{2} \int_0^t \sum_{\alpha, \beta=d+1}^{2d} \partial_{\alpha\beta}^2 \phi(\bar{x}_s, \bar{v}_s) ds \quad (14)$$

est une Q -martingale de crochet $\langle M_t^\phi \rangle = D \int_0^t \mathbb{E} \left[\left(\sum_{\alpha=d+1}^{2d} \partial_\alpha \phi(\bar{x}_s, \bar{v}_s) \right)^2 \right] ds$.

Nous arrivons maintenant au résultat principal de cette partie :

Théorème 4. *La suite $(\pi_N)_{N \geq 1}$ converge faiblement vers δ_μ , où μ est l'unique solution du problème de martingales (16). Ainsi, $(\mu_N)_{N \geq 1}$ converge en loi et en probabilité vers μ .*

La démonstration de ce résultat, selon un schéma classique en trois étapes (tension de la suite (π_N) , lien entre les points d'accumulation de cette suite et le problème de martingales, et l'unicité et la solution dudit problème de martingales) est détaillée dans l'annexe, en 5.3.2.

La combinaison de la proposition 24 et du théorème 4 fournit le corollaire suivant, qui correspond au résultat annoncé en début de section :

Corollaire 4. *La suite $(\mu_N)_{N \geq 1}$ est μ -chaotique.*

Nous allons achever cette section en présentant quelques résultats spécifiques au modèle avec un taux de communication constant.

4.2.3 Spécificités pour $\psi = 1$

Rappelons que dans ce cas de figure, (\bar{x}, \bar{v}) est l'unique solution de

$$(13) : \begin{cases} \bar{x}_t &= \bar{x}_0 + \int_0^t \bar{v}_s ds \\ \bar{v}_t &= \bar{v}_0 + \sqrt{D}W_t - \lambda \int_0^t \bar{v}_s ds \end{cases}$$

Considérons $\bar{v}^1, \dots, \bar{v}^N$ N copies indépendantes de \bar{v} telles que \bar{v}^i et $v_{i,N}^\alpha$ sont associés au même mouvement brownien et ont même condition initiale, avec $v_{i,N}^\alpha$ la solution de 6 pour un système à N particules. On suppose de même pour \hat{x} et \bar{x} .

Nous nous intéresserons ici à l'écart entre (\hat{x}, \hat{v}) et (\bar{x}, \bar{v}) , en particulier pour t grand. Nous obtenons une majoration uniforme sur \mathbb{R}_+ de l'écart entre les deux vitesses, qui se révèle, sans surprise, d'autant plus petit que le nombre de particules est grand ; plus précisément l'espérance du carré de la norme de la différence converge vers 0 quand N tend vers l'infini.

Proposition 25. *Pour tout $i \in \{1, \dots, N\}$,*

$$\sup_{t \geq 0} \mathbb{E}[\|\bar{v}_t^i - v_{i,N}^\alpha(t)\|^2] \leq \frac{dD}{2\lambda N}$$

Démonstration. En utilisant les expressions explicites de \hat{v} et \bar{v} , ainsi que des propriétés fondamentales du calcul stochastique, déjà utilisées dans de précédentes démonstrations,

$$\begin{aligned} \mathbb{E}[(\bar{v}_t^{i,\alpha} - v_{i,N}^\alpha(t))^2] &= D \mathbb{E} \left[\left(\int_0^t e^{-\lambda(t-s)} \left(dW_i^\alpha - \left[\left(1 - \frac{1}{N}\right) dW_i^\alpha(s) - \frac{1}{N} \sum_{j \neq i} dW_j(s) \right] \right) \right)^2 \right] \\ &= \frac{D}{2\lambda} (1 - e^{-2\lambda t}) \frac{1}{N} \end{aligned}$$

Par conséquent,

$$\mathbb{E}[\|\bar{v}_t^i - v_{i,N}^\alpha(t)\|^2] = \frac{dD}{2\lambda N} (1 - e^{-2\lambda t})$$

□

Le résultat analogue avec les positions est, là encore de manière prévisible, moins intéressant : en fait, nous obtenons une majoration linéaire en T sur $[0, T]$.

Proposition 26. *Pour tout $i \in \{1, \dots, N\}$, $T \geq 0$,*

$$\sup_{t \leq T} \mathbb{E}[\|\bar{x}_t^i - x_{i,N}^\alpha(t)\|^2] \leq \frac{dDT}{\lambda^2 N}$$

Démonstration. De façon similaire,,

$$(v_t^{i,\alpha} - v_{i,N}^\alpha(t))^2 = \frac{D}{N^2} \left(\int_0^t \int_0^u e^{-\lambda(u-s)} \sum_{j=1}^N dW_j^\alpha(s) du \right)^2 = \frac{D}{N\lambda^2} \left(\int_0^t \int_0^u e^{\lambda s} (e^{-\lambda s} - e^{-\lambda t}) (dW_i^\alpha(s)) du \right)^2$$

Et donc,

$$\mathbb{E}[\|\bar{x}_t^i - x_{i,N}^\alpha(t)\|^2] = \frac{dD}{N\lambda^2} \left(t - \frac{1}{\lambda} (1 - e^{-\lambda t}) \right)$$

□

Enfin, nous terminons par un corollaire qui n'est rien de plus que la somme des deux propositions ci-dessus.

Corollaire 5. *Pour tous $i \in \{1, \dots, N\}$, $T \geq 0$,*

$$\sup_{t \leq T} \mathbb{E}[\|(x_t^{\bar{i}} - x_{i,N}(t), v_t^{\bar{i}} - v_{i,N}(t))\|^2] \leq (2 + \frac{T}{\lambda}) \frac{dD}{\lambda N}$$

Remarque 5. La présence d'un taux de communication non constant complique significativement les choses et la question de l'existence de résultats analogues reste en suspend.

5 Annexe

5.1 Mesures invariantes, réversibles

Définition 6. La probabilité μ est invariante, ou stationnaire, pour le processus stochastique (X_t) si le fait que X_0 suive la loi μ implique pour tout t positif, μ est la loi de X_t , ou, de manière équivalente, si pour tout entier k , pour tout réel positif τ , les processus $(X_{t_1}, \dots, X_{t_k})_{t_1, \dots, t_k}$ et $(X_{t_1+\tau}, \dots, X_{t_k+\tau})_{t_1, \dots, t_k}$ ont même loi sous \mathbb{P}_μ .

Proposition 27. Si L est le générateur infinitésimal associé à un processus stochastique, μ est une probabilité invariante pour ce processus si, et seulement si, pour toute fonction f dans le domaine de définition de L ,

$$\int Lf d\mu = 0$$

Définition 7. La mesure μ est invariante pour le processus stochastique (X_t) de générateur infinitésimal L si pour toute fonction f dans le domaine de définition de L ,

$$\int Lf d\mu = 0$$

Exemple 3. La mesure de Lebesgue est invariante pour le mouvement brownien.

En effet, le générateur d'un mouvement brownien standard est $L = \frac{1}{2}\Delta f$ et, par intégration par parties, $\int \Delta_x f(x) dx = 0$.

Définition 8. La probabilité μ est réversible, ou symétrique, pour le processus stochastique (X_t) si pour tout entier k , pour tout réel positif τ , les processus $(X_{t_1}, \dots, X_{t_k})_{t_1, \dots, t_k}$ et $(X_{\tau-t_1}, \dots, X_{\tau-t_k})_{t_1, \dots, t_k}$ ont même loi sous \mathbb{P}_μ sur l'intersection de leur domaine de définition.

Proposition 28. Si L est le générateur infinitésimal associé à un processus stochastique, μ est une probabilité réversible pour ce processus si, et seulement si, pour toutes fonctions f et g dans le domaine de définition de L ,

$$\int fLg d\mu = \int gLf d\mu$$

Définition 9. La mesure μ est réversible pour le processus stochastique (X_t) de générateur infinitésimal L si pour toute fonction f dans le domaine de définition de L ,

$$\int fLg d\mu = \int gLf d\mu$$

Proposition 29. Une mesure réversible est invariante.

Proposition 30. S'il existe une probabilité invariante μ , elle est unique, et de plus, en notant P_t le semi-groupe du processus considéré, pour tout x , $P_t(x, \cdot)$ converge vers μ quand t tend vers l'infini.

5.2 A propos des simulations

Les graphiques présentés dans ce rapport ont été réalisés avec la version *R2014a* de MATLAB.

La simulation des équations différentielles stochastiques a été effectuée à l'aide de la méthode d'Euler.

Ainsi, dans le cas de la vitesse microscopique dans le cas d'un taux de communication égal à 1, correspondant à l'équation :

$$(6) : \begin{cases} d\hat{x}_i &= \hat{v}_i dt \\ d\hat{v}_i &= -\lambda \hat{v}_i dt + \sqrt{D} \left(1 - \frac{1}{N}\right) dW_i - \frac{\sqrt{D}}{N} \sum_{j \neq i} dW_j \end{cases}$$

en dimension 1, le schéma itéré était

$$u_{n+1} = (1 - \lambda h)u_n + \sqrt{hD}\Delta_N Z_n$$

avec u_0 un vecteur de \mathbb{R}^N dont la somme des composantes est nulle, (Z_n) une suite de vecteur iid de \mathbb{R}^N dont les composantes sont iid et suivent une loi normale centrée réduite et Δ_N vérifiant, pour tous i et j , $\Delta_N(i, j) = \delta_{i,j} - \frac{1}{N}$.

```

5      %Paramètres et variables implicites :
6 -    N=32; %nombre de particules
7 -    lambda=1;
8 -    D=1;
9 -    h=0.1; %pas
10
11
12 -    PP=zeros(2*N); %construction de la matrice associée au mouvement brownien
13 -    for i=1:2*N
14 -        for j=1:2*N
15 -            if mod(2,i+j)==0
16 -                PP(i,j)=1;
17 -            end
18 -        end
19 -    end
20
21 -    Delta_N=eye(2*N)-1/N*PP;%matrice associée au vecteur brownien
22 -    v=zeros(2*N,1); %valeur initiale
23 -    n=100000; %nombre d'itérations du schéma
24
25 -    %Initialisation :
26 -    y=v;
27 -    Y=[y];%vecteur qui contiendra les N trajectoires
28
29 -    %Boucle d'itérations :
30 -    for i =1:n
31 -        z=randn(2*N,1);
32 -        y=(1-lambda*h)*y+sqrt(h*D)*Delta_N*z;%schéma d'Euler
33 -        Y=[Y,y];
34 -    end

```

Document 5 – Script codant pour l'élaboration de trajectoires d'évolution des vitesses microscopiques pour $d = 2$ dans le cas du modèle SCS avec ψ constant.

A titre d'exemple, ci-dessus le script permettant de recueillir des trajectoires de vitesses de particules, régies par les équations ci-dessus, évoluant dans le plan.

Pour la dimension 2, les seules différences résident dans l'adaptation de Δ_N et dans la dimension de u_0 et (Z_n) , qui deviennent des éléments de \mathbb{R}^{2N} .

Si nous insérons un terme en $-\beta x$, le schéma d'Euler devient alors

$$\begin{cases} X_{n+1} &= X_n + hV_n \\ V_{n+1} &= (1 - \lambda h)V_n - \beta hX_n + \sqrt{hD}\Delta_N Z_n \end{cases}$$

Enfin, dans le cas où ψ n'est pas constant, on itère

$$\begin{cases} X_{n+1} &= X_n + hV_n \\ V_{n+1} &= V_n - H_n + \sqrt{hD}\Delta_N Z_n \end{cases}$$

avec $H_n(i) = \frac{\lambda h}{N} \sum_{j=1}^N \psi(X_n(i), X_n(j))(V_n(i) - V_n(j))$.

5.3 Propagation du chaos

5.3.1 Démonstration du théorème 3

Théorème 5. (12) admet une unique solution $(\bar{x}_t, \bar{v}_t)_{t \geq 0}$ si la fonction $(x, x', v, v') \mapsto \psi(x, x')(v - v')$ est lipschitzienne.

Démonstration. Démarrons par quelques notations : C_T désignera $\mathcal{C}_b(\mathbb{R}^{2d})$, $\mathcal{M}(C_T)$ l'ensemble des mesures de probabilité sur C_T et $\mathcal{M}_2(C_T)$ les éléments de $\mathcal{M}(C_T)$ ayant un moment fini d'ordre deux.

Nous introduisons ensuite la distance de Wasserstein sur $\mathcal{M}(C_T)$:

$$\begin{aligned} d_T(m_1, m_2) &= \inf \left\{ \sqrt{\int_{C_T \times C_T} \|f - g\|_\infty^2 dm(f, g) \mid m \in \mathcal{M}_{m_1, m_2}(C_T \times C_T)} \right\} \\ &= \inf \left\{ \sqrt{\mathbb{E}[\|X - Y\|_\infty^2] \mid \mathcal{L}(X) = m_1, \mathcal{L}(Y) = m_2} \right\} \end{aligned}$$

où $\mathcal{M}_{m_1, m_2}(C_T \times C_T)$ est l'ensemble des probabilités sur $C_T \times C_T$ dont les marginales sont m_1 et m_2 .

$(\mathcal{M}(C_T), d_T)$ est un espace métrique complet ; il s'agit d'un résultat classique que nous admettrons.

Notons Δ l'application qui à $\mu \in \mathcal{M}_2(C_T)$ associe la loi, également dans $\mathcal{M}_2(C_T)$, de (x_μ, v_μ) , couple défini par :

$$\begin{cases} x_\mu(t) &= x_\mu(0) + \int_0^t v_\mu(s) ds \\ v_\mu(t) &= v_\mu(0) + \sqrt{D}W_t - \lambda \int_0^t \int \psi(x_\mu(s), x)(v_\mu(s) - v) \mu_s(dx, dv) ds \end{cases}$$

Remarquons que (x, v) est solution de (12) si, et seulement si, sa loi est un point fixe de Δ .

L'inégalité présentée dans le lemme suivant sera cruciale à la démonstration.

Lemme 4. Il existe $K_T > 0$ tel que pour tout $t \leq T$, $m_1, m_2 \in \mathcal{M}_2(C_T)$,

$$d_t(\Delta(m_1), \Delta(m_2))^2 \leq K_T \int_0^t d_u(m_1, m_2)^2 du$$

Démonstration. Par inégalité triangulaire,

$$\begin{aligned} \|(x_{m_1}(t), v_{m_1}(t)) - (x_{m_2}(t), v_{m_2}(t))\| &\leq \int_0^t \|v_{m_1}(s) - v_{m_2}(s)\| ds \\ &+ \lambda \left\| \int_0^t \left(\int \psi(x_{m_2}, x)(v_{m_2} - v) m_{2,s}(dx, dv) - \int \psi(x_{m_1}, x)(v_{m_1} - v) m_{1,s}(dx, dv) \right) ds \right\| \end{aligned}$$

Appelons $I_{m_1, m_2}(t)$ le deuxième terme de cette majoration.

Soit $m \in \mathcal{M}_{m_1, m_2}(C_T \times C_T)$.

Nous allons jouer sur les marginales de m et le caractère lipschitzien de $(x, x', v, v') \mapsto \psi(x, x')(v - v')$ pour obtenir une inégalité à laquelle il sera possible d'appliquer le lemme de Gronwall.

$$\begin{aligned}
I_{m_1, m_2}(t) &= \lambda \left\| \int_0^t \left(\int (\psi(x_{m_2}, x)(v_{m_2} - v) - \psi(x_{m_1}, x)(v_{m_1} - v)) m_{2,s}(dx, dv) \right. \right. \\
&\quad \left. \left. - \int \psi(x_{m_1}, x)(v_{m_1} - v)(m_{1,s}(dx, dv) - m_{2,s}(dx, dv)) \right) ds \right\| \\
&\leq \lambda C \int_0^t \|(x_{m_1}(s), v_{m_1}(s)) - (x_{m_2}(s), v_{m_2}(s))\| ds \\
&+ \lambda \left\| \int_0^t \int (\psi(x_{m_1}, x)(v_{m_1} - v) - \psi(x_{m_1}, x')(v_{m_1} - v')) dm_s(x, x', v, v') ds \right\| \\
&\leq \lambda C \int_0^t \|(x_{m_1}(s), v_{m_1}(s)) - (x_{m_2}(s), v_{m_2}(s))\| ds \\
&\quad + \lambda C \int_0^t \int \|(x, v) - (x', v')\| dm_s(x, x', v, v') ds
\end{aligned}$$

Alors, en reprenant l'inégalité triangulaire ci-dessus,

$$\begin{aligned}
&\|(x_{m_1}(t), v_{m_1}(t)) - (x_{m_2}(t), v_{m_2}(t))\| \\
&\leq (\lambda C + 1) \int_0^t \|(x_{m_1}(s), v_{m_1}(s)) - (x_{m_2}(s), v_{m_2}(s))\| ds + \lambda C \int_0^t d_s(m_1, m_2)^2 ds
\end{aligned}$$

En particulier, pour tout $u \leq t$,

$$\begin{aligned}
&\|(x_{m_1}(u), v_{m_1}(u)) - (x_{m_2}(u), v_{m_2}(u))\| \\
&\leq (\lambda C + 1) \int_0^u \|(x_{m_1}(s), v_{m_1}(s)) - (x_{m_2}(s), v_{m_2}(s))\| ds + \lambda C \int_0^t d_s(m_1, m_2)^2 ds
\end{aligned}$$

D'où, avec l'aide de la version intégrale du lemme de Gronwall,

$$\sup_{u \leq t} \|(x_{m_1}(u), v_{m_1}(u)) - (x_{m_2}(u), v_{m_2}(u))\| \leq \lambda C e^{(\lambda C + 1)T} \int_0^t d_s(m_1, m_2)^2 ds$$

Le lemme est ainsi démontré. \square

Supposons maintenant que m_1 et m_2 sont deux points fixes de Δ . D'après le lemme, pour tout $t \leq T$,

$$d_t(m_1, m_2)^2 \leq K_T \int_0^t d_u(m_1, m_2)^2 du$$

Une nouvelle application du lemme de Gronwall permet d'affirmer que $d_t(m_1, m_2)^2 = 0$, soit $m_1 = m_2$.

Ainsi, (12) admet au plus une solution.

Il est aisé de montrer par récurrence que pour $T > 0$ et $\mu \in \mathcal{M}(C_T)$, pour tout $k \in \mathbb{N}^*$,

$$d_T(\Delta^{k+1}(\mu), \Delta^k(\mu)) \leq \frac{(K_T T)^k}{k!} d_T(\Delta(\mu), \mu)$$

ce qui implique, grâce par exemple à l'inégalité triangulaire vérifiée par les distances que $(\Delta^k(\mu))_{k \in \mathbb{N}^*}$ est une suite de Cauchy dans l'espace complet $(\mathcal{M}(C_T), d_T)$ et converge donc vers δ_T , un point fixe de Δ .

Par unicité de la solution de (12), ce point fixe δ_T ne dépend pas de T , et (12) admet bien une unique solution. \square

5.3.2 Démonstration du théorème 4

Commençons par introduire les problèmes de martingales :

1. Une mesure de probabilité Q_N sur $\mathcal{C}[0, T], \mathbb{R}^{2d}$ est solution de (P_N) si pour toute fonction ϕ de $\mathcal{C}_b^2(\mathbb{R}^{2d})$,

$$\begin{aligned} M_t^{N,i}(\phi) &= \phi(\hat{x}_i(t), \hat{v}_i(t)) - \phi(\hat{x}_i(0), \hat{v}_i(0)) - \int_0^t \langle \nabla_x \phi(\hat{x}_i(s), \hat{v}_i(s)), \hat{v}_i(s) \rangle ds \\ &\quad + \frac{\lambda}{N} \int_0^t \sum_{j=1}^N \psi(\hat{x}_i(s), \hat{x}_j(s)) \langle \nabla_v \phi(\hat{x}_i(s), \hat{v}_i(s)), \hat{v}_i(s) - \hat{v}_j(s) \rangle ds \\ &\quad - \frac{D}{2} \left(1 - \frac{1}{N}\right) \int_0^t \sum_{\alpha, \beta=d+1}^{2d} \partial_{\alpha\beta}^2 \phi(\hat{x}_i(s), \hat{v}_i(s)) ds \end{aligned} \quad (15)$$

est une Q_N -martingale de crochet $\langle M_t^{N,i}(\phi) \rangle = D \left(1 - \frac{1}{N}\right) \int_0^t \mathbb{E} \left[\left(\sum_{\alpha=d+1}^{2d} \partial_{\alpha} \phi(\hat{x}_i(s), \hat{v}_i(s)) \right)^2 \right] ds$.

2. Nous dirons qu'une mesure de probabilité Q sur $\mathcal{C}[0, T], \mathbb{R}^{2d}$ est solution de (P_∞) si pour toute fonction ϕ de $\mathcal{C}_b^2(\mathbb{R}^{2d})$,

$$\begin{aligned} M_t^\phi(Q) &= \phi(\bar{x}_t, \bar{v}_t) - \phi(\bar{x}_0, \bar{v}_0) - \int_0^t \langle \nabla_x \phi(\bar{x}_s, \bar{v}_s), \bar{v}_s \rangle ds \\ &\quad + \lambda \int_0^t \int \psi(\bar{x}_s, x) \langle \nabla_v \phi(\bar{x}_s, \bar{v}_s), \bar{v}_s - v \rangle Q_s(dx, dv) ds - \frac{D}{2} \int_0^t \sum_{\alpha, \beta=d+1}^{2d} \partial_{\alpha\beta}^2 \phi(\bar{x}_s, \bar{v}_s) ds \end{aligned} \quad (16)$$

est une Q -martingale de crochet $\langle M_t^\phi \rangle = D \int_0^t \mathbb{E} \left[\left(\sum_{\alpha=d+1}^{2d} \partial_{\alpha} \phi(\bar{x}_s, \bar{v}_s) \right)^2 \right] ds$.

Théorème 6. *La suite $(\pi_N)_{N \geq 1}$ converge faiblement vers δ_μ , où μ est l'unique solution du problème de martingales (16). Ainsi, $(\mu_N)_{N \geq 1}$ converge en loi et en probabilité vers μ .*

Démonstration. Nous allons procéder en trois étapes pour démontrer ce théorème.

1. en premier lieu, nous prouverons la tension de $(\pi_N)_{N \geq 1}$ dans $\mathcal{P}(\mathcal{P}(\mathcal{C}[0, T], \mathbb{R}^{2d}))$;
2. ensuite, nous éclairons le lien entre les points d'accumulation de $(\pi_N)_{N \geq 1}$ et le problème de martingale (16) ;
3. enfin, nous montrerons que (16) admet une unique solution.

1. Le lemme ci-dessous peut être trouvé dans [9], et nous l'admettrons :

Lemme 5. La tension de $(\pi_N)_{N \geq 1}$ dans $\mathcal{P}(\mathcal{P}(\mathcal{C}[0, T], \mathbb{R}^{2d}))$ est équivalente à la tension de $(x_1^{\hat{N}}, v_1^{\hat{N}})_{N \geq 1}$ dans $\mathcal{P}(\mathcal{C}[0, T], \mathbb{R}^{2d})$.

Afin de prouver la tension de $(x_1^{\hat{N}}, v_1^{\hat{N}})$, nous allons utiliser le critère d'Aldous.

- a. Commençons par démontrer la tension de $(x_1^{\hat{N}}(t), v_1^{\hat{N}}(t))$ pour presque tout t .
Fixons $\epsilon > 0$.

$$\mathbb{P}(\|x_1^{\hat{N}}(t), v_1^{\hat{N}}(t)\| > \alpha) \leq \frac{1}{\alpha} \mathbb{E}[\|x_1^{\hat{N}}(t), v_1^{\hat{N}}(t)\|] \leq \frac{M_t}{\alpha}$$

d'après respectivement l'inégalité de Markov et le corollaire 2.

Ainsi, pour $\alpha = \frac{M_t}{\epsilon}$, $\mathbb{P}((x_1^{\hat{N}}(t), v_1^{\hat{N}}(t)) \in \bar{B}(0, \alpha)) > 1 - \epsilon$, ce qui permet de conclure.

b. Prenons $\epsilon, \eta > 0$.

Nous voulons montrer l'existence de $\delta > 0$ et d'un entier N_0 tels que pour toute suite (τ_N) de temps d'arrêt,

$$\sup_{N \geq N_0} \sup_{\theta \leq \delta} \mathbb{P}(\|(x_1^{\hat{N}}(\tau_N + \theta) - x_1^{\hat{N}}(\tau_N), v_1^{\hat{N}}(\tau_N + \theta) - v_1^{\hat{N}}(\tau_N))\| > \eta) \leq \epsilon$$

Soit (τ_N) une suite de temps d'arrêt.

Nous utilisons de nouveau l'inégalité de Markov, ainsi que le corollaire 3 :

$$\begin{aligned} \mathbb{P}(\|(x_1^{\hat{N}}(\tau_N + \theta) - x_1^{\hat{N}}(\tau_N), v_1^{\hat{N}}(\tau_N + \theta) - v_1^{\hat{N}}(\tau_N))\| > \eta) \\ \leq \frac{1}{\eta^2} \mathbb{E}[\|(x_1^{\hat{N}}(\tau_N + \theta) - x_1^{\hat{N}}(\tau_N), v_1^{\hat{N}}(\tau_N + \theta) - v_1^{\hat{N}}(\tau_N))\|^2] \\ \leq \frac{K\theta + C\theta^2}{\eta^2} \leq \frac{K\delta + C\delta^2}{\eta^2} \end{aligned}$$

Par conséquent, si δ vérifie $K\delta + C\delta^2 = \eta^2\epsilon$, autrement dit si $\delta = \frac{-K + \sqrt{K^2 + 4C\eta^2\epsilon}}{2C}$, nous avons l'inégalité cherchée et nous pouvons conclure à la tension de $(x_1^{\hat{N}}, v_1^{\hat{N}})$.

2. La suite $(\pi_N)_{N \geq 1}$ est tendue ; par le théorème de Prohorov, elle est donc relativement compacte.

Soit π_∞ un de ses points d'accumulation ; nous appellerons encore $(\pi_N)_{N \geq 1}$ la sous-suite qui converge vers lui.

Nous souhaitons montrer que sous π_∞ , pour presque tout Q dans $\mathcal{P}(\mathcal{C}[0, T], \mathbb{R}^{2d})$,

$$\mathbb{E}_Q[M_t^\phi(Q) - M_s^\phi(Q) | \mathcal{F}_s] = 0$$

Pour $q \in \mathbb{N}$, $0 \leq s_1 < \dots < s_q \leq s \leq t$ et $g_1, \dots, g_q \in \mathcal{C}_b(\mathbb{R}^{2d})$, on définit

$$F_{s,t}(Q) = \mathbb{E}_Q[(M_t^\phi - M_s^\phi)g_1(x_{s_1}^-, v_{s_1}^-) \dots g_q(x_{s_q}^-, v_{s_q}^-)]$$

.

Lemme 6. Pour tout $q \in \mathbb{N}$, $0 \leq s_1 < \dots < s_q \leq s \leq t$ et $g_1, \dots, g_q \in \mathcal{C}_b(\mathbb{R}^{2d})$,

$$\int |F_{s,t}(Q)| \pi_\infty(dQ) = 0$$

.

Démonstration. Par définition de π_N , $\int F_{s,t}^2(Q) \pi_N(dQ) = \mathbb{E}[F_{s,t}(\mu_N)^2]$.

Comme $F_{s,t}(\mu_N) = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N (M_t^{N,i}(\phi) - M_s^{N,i}(\phi)) g_1(\hat{x}_i(s_1), \hat{v}_i(s_1)) \dots g_q(\hat{x}_i(s_q), \hat{v}_i(s_q))$,

$$\begin{aligned} \int F_{s,t}^2(Q) \pi_N(dQ) &= \frac{1}{N^2} N \mathbb{E} \left[(M_t^{N,1}(\phi) - M_s^{N,1}(\phi))^2 (g_1(\hat{x}_1(s_1), \hat{v}_1(s_1)) \dots g_q(\hat{x}_1(s_q), \hat{v}_1(s_q)))^2 \right] \\ &+ \frac{N(N-1)}{N^2} \mathbb{E} \left[(M_t^{N,1}(\phi) - M_s^{N,1}(\phi))(M_t^{N,2}(\phi) - M_s^{N,2}(\phi)) \right. \\ &\quad \left. \times g_1(\hat{x}_1(s_1), \hat{v}_1(s_1)) \dots g_q(\hat{x}_1(s_q), \hat{v}_1(s_q)) g_1(\hat{x}_2(s_1), \hat{v}_2(s_1)) \dots g_q(\hat{x}_2(s_q), \hat{v}_2(s_q)) \right] \end{aligned}$$

La première partie tend vers 0 quand N tend vers l'infini car les g_1, \dots, g_q sont bornée et pour $t \in [0, T]$, l'espérance de $M_t^{N,1}(\phi)^2$ est uniformément bornée en N .

Quant au second terme,

$$\langle M^{N,1}(\phi), M^{N,2}(\phi) \rangle = \frac{1}{2} (\langle M^{N,1}(\phi) + M^{N,2}(\phi) \rangle - \langle M^{N,1}(\phi) \rangle - \langle M^{N,2}(\phi) \rangle) = 0$$

Et nous avons donc $\lim_{N \rightarrow \infty} \int F_{s,t}^2(Q) \pi_N(dQ) = 0$, ce qui implique $\lim_{N \rightarrow \infty} \int |F_{s,t}(Q)| \pi_N(dQ) = 0$.

$(\pi_N)_{N \geq 1}$ est une suite de probabilités convergeant vers π_∞ , donc l'uniforme intégrabilité de $(F_{s,t}(\mu_N))$ (due au fait d'être borné dans L^2) nous permet d'affirmer $\int |F_{s,t}(Q)| \pi_\infty(dQ) = 0$ en intervertissant limite et intégrale. □

Pour tous $q \in \mathbb{N}$, $0 \leq s_1 < \dots < s_q \leq s \leq t$ and $g_1, \dots, g_q \in \mathcal{C}_b(\mathbb{R}^{2d})$, pour π_∞ -presque tout. Q dans $\mathcal{P}(\mathcal{C}[0, T])$, $F_{s,t}(Q) = 0$.

Par continuité des trajectoires, nous concluons que π_∞ presque tout Q , $(M_t^\phi(Q))_{t \geq 0}$ est une Q -martingale.

3. Nous savons, grâce au théorème 3 que (12) admet une unique solution ; par conséquent nous avons unicité de la solution de (16).

Comme nous venons juste de le voir, sous un point d'accumulation π_∞ de $(\pi_N)_{N \geq 1}$, tout mesure Q de $\mathcal{P}(\mathcal{C}[0, T], \mathbb{R}^{2d})$ est solution de (16) : c'est-à-dire que chaque Q dans le support de π_∞ est solution de (16).

Il existe ainsi une unique probabilité μ sur $\mathcal{C}([0, T], \mathbb{R}^{2d})$ telle que $\pi_\infty = \delta_\mu$, et π_∞ est entièrement déterminée et, subséquemment, unique.

Ainsi, (μ_N) converge en loi vers μ .

Finalement, comme δ_μ est une mesure de probabilité déterministe, cette convergence en loi implique la convergence en probabilité. □

Références

- [1] D. Bakry, P. Cattiaux, and A. Guillin. Rate of convergence for ergodic markov processes : Lyapunov versus poincare. *Journal of Functional Analysis*, 254 :727–59, 2008.
- [2] P. Cattiaux, D. Chafai, and A. Guillin. Central limit theorems for additive functionals of ergodic markov diffusions processes. *Latin American Journal of Probability and Mathematical Statistics*, 9(2) :337–82, 2012.
- [3] P. Cattiaux, A. Guillin, and F. Malrieu. Probabilistic approach for granular media equatinos in the non-uniformly convex case. *Probability theory and related fields*, 140 :19–40, 2008.
- [4] F. Cucker and S. Smale. Emergent behavior in flocks. *IEEE Transactions on Automat Control*, 52(5) :852–61, 2007.
- [5] F. Cucker and S. Smale. On the mathematics of emergence. *Japanese Journal of Mathematics*, 2 :197–227, 2007.
- [6] D. Down, S. Meyn, and R. Tweedie. Exponential and uniform ergodicity of markov processes. *The Annals of Probability*, 23(4) :1671–91, 1995.
- [7] S-Y. Ha, K. Lee, and D. Levy. Emergence of time-asymptotic flocking in a stochastic cucker-smale system. *Communications in Mathematical Sciences*, 7(2) :453–69, 2009.
- [8] S-Y. Ha and E. Tadmor. From particle to kinetic and hydrodynamic descriptions of flocking. *Kinetic and Related Models*, 1(3) :415–35, 2008.
- [9] S. Meleard. Asymptotic behaviour of some interacting particle systems; mckean-vlasov and boltzmann models. *Lectures Notes in Mathematics*, 1627 :42–95, 1995.
- [10] A. Sznitman. Topics in propagation of chaos. *Lectures Notes in Mathematics*, 1464 :167–252, 1989.
- [11] L. Wu. Large and moderate deviations and exponential convergence for stochastic damping hamiltonian systems. *Stochastic Processes and their Applications*, 91 :205–38–35, 2001.