



AIX-MARSEILLE UNIVERSITÉ

Une espèce ne pouvant se reproduire
qu'en son lieu de naissance peut-elle
survivre en se déplaçant aléatoirement ?

Racha BENKHALED
Timo BERNIER
Antoine LEGENDRE

Encadré par Grégory MAILLARD

Année Universitaire 2024–2025

Table des matières

1	Introduction	2
1.1	Contexte biologique et motivation du problème	2
1.2	Formulation du problème	2
1.3	Cadre théorique de référence	2
1.4	Choix du modèle d'étude	2
1.5	Présentation détaillée du modèle mathématique	3
1.5.1	Hypothèses biologiques du modèle	3
1.5.2	Formalisation mathématique	3
1.5.3	Interprétation des paramètres	4
1.6	Objectifs et démarche du projet	4
2	Approche expérimentale du modèle	5
2.1	Structure et fonctionnement du code	5
2.2	Résultats expérimentaux	6
3	Cas de la marche aléatoire symétrique	7
3.1	Preuve de l'existence d'une valeur critique pour α	7
3.2	Lien entre survie de l'espèce et nombre moyen de descendants par individu	10
3.3	Détermination de la valeur critique de α	13
3.4	Probabilité de survie en fonction de α	15
4	Cas général	17
5	Conclusion	20

1 Introduction

1.1 Contexte biologique et motivation du problème

Depuis toujours, les espèces animales ont dû relever le défi de se déplacer dans des environnements souvent vastes, imprévisibles et changeants. Parmi les stratégies de survie les plus fascinantes figure la migration de retour vers le lieu de naissance pour la reproduction. Ce comportement est observé chez de nombreuses espèces emblématiques : les saumons, par exemple, parcourent des milliers de kilomètres à travers l’océan avant de remonter les rivières pour frayer ; les tortues marines, quant à elles, après plusieurs décennies passées en mer, retrouvent avec une précision remarquable la plage où elles sont nées pour y pondre leurs œufs.

Ces migrations complexes sont rendues possibles par des systèmes de navigation extrêmement sophistiqués, développés au fil de l’évolution. Orientation magnétique, repérage chimique, lecture des étoiles ou encore du champ magnétique terrestre : autant de mécanismes qui permettent aux individus de retrouver leur chemin dans un environnement complexe.

1.2 Formulation du problème

Cependant, une question fondamentale se pose : cette capacité de navigation est-elle indispensable à la survie d’une espèce ? Imaginons une espèce totalement dépourvue de mécanisme de navigation. Chaque individu naîtrait, puis se déplacerait aléatoirement dans l’espace, avec pour seule chance de reproduction celle de retourner, par pur hasard, à son site de naissance. Intuitivement, on s’attend à une extinction rapide de la population dans un tel scénario. Pourtant, pour répondre rigoureusement à cette question, une modélisation mathématique précise est indispensable.

1.3 Cadre théorique de référence

C’est précisément l’objectif poursuivi par Rinaldo Schinazi dans son article *Can a rudderless species survive ?* [1]. À l’aide d’un modèle probabiliste sobre mais puissant, l’auteur identifie les conditions mathématiques gouvernant la survie ou l’extinction d’une espèce hypothétique privée de tout système de navigation. Son approche repose sur deux outils classiques mais efficaces : les chaînes de Markov, pour décrire les déplacements aléatoires des individus, et les processus de branchement (de type Galton–Watson), pour modéliser leur reproduction.

Dans ce rapport, nous nous concentrerons sur un modèle spécifique choisi pour notre étude. Celui-ci a été volontairement simplifié afin de le rendre accessible à l’analyse théorique et expérimentale.

1.4 Choix du modèle d’étude

Nous considérons un espace unidimensionnel discret, représenté par l’ensemble des entiers relatifs \mathbb{Z} , dans lequel les individus se déplacent selon une marche aléatoire simple. À chaque pas de temps :

- avec une probabilité p , l’individu se déplace vers la droite (augmentation de sa position de 1) ;

- avec une probabilité $1 - p$, il se déplace vers la gauche (diminution de sa position de 1).

Ce choix de modélisation, inspiré des approches classiques des marches aléatoires, constitue le cadre de notre approche théorique ainsi que de nos simulations numériques. Il permet d’analyser précisément la dynamique de retour au point de naissance, et de quantifier la probabilité de survie de l’espèce.

1.5 Présentation détaillée du modèle mathématique

L’étude de la survie d’une espèce dépourvue de toute capacité de navigation repose sur deux éléments principaux : les déplacements aléatoires des individus et une dynamique de reproduction conditionnée au retour au site de naissance.

1.5.1 Hypothèses biologiques du modèle

Le modèle repose sur les hypothèses biologiques suivantes :

- Chaque individu naît en un point fixe de l’espace, noté O , qui est le seul site possible de reproduction.
- L’environnement est supposé homogène et infini, sans aucun repère permettant de guider les déplacements.
- Les déplacements sont entièrement aléatoires selon la règle énoncée précédemment : à chaque étape, l’individu se déplace vers la droite avec probabilité p , ou vers la gauche avec probabilité $1 - p$.
- La survie est modélisée comme un processus stochastique : à chaque étape, un individu peut mourir avec une certaine probabilité, ou survivre et continuer à se déplacer aléatoirement.

La reproduction n’intervient que si un individu, avant de mourir, parvient par hasard à revenir au point O . Dans ce cas, il engendre un nouvel individu qui commence alors le même cycle.

1.5.2 Formalisation mathématique

Ce comportement est formalisé à l’aide d’une chaîne de Markov à temps discret décrivant les déplacements dans l’espace \mathbb{Z} . À chaque étape :

- L’individu se déplace vers la droite avec probabilité p ou vers la gauche avec probabilité $1 - p$.
- Simultanément, il survit avec une probabilité $\alpha \in [0, 1]$ ou meurt avec la probabilité complémentaire $1 - \alpha$.

La dynamique de reproduction est modélisée de la façon suivante :

- Si l’individu atteint le point O avant de mourir, il donne naissance à un nouvel individu, qui débute à O et suit la même trajectoire stochastique.
- Tous les individus évoluent indépendamment les uns des autres. La population globale peut donc être modélisée par un processus de branchement.

Deux paramètres essentiels structurent le modèle :

- α , qui contrôle la longévité des individus : plus α est proche de 1, plus un individu est susceptible de vivre longtemps et donc de parcourir une plus grande distance.
- p , qui régit la tendance directionnelle de la marche aléatoire, influençant directement la probabilité de retour au point O .

1.5.3 Interprétation des paramètres

- Le paramètre α reflète des caractéristiques biologiques fondamentales de l'espèce, telles que son espérance de vie ou sa résistance face aux aléas de l'environnement.
- Le paramètre p représente la structure géométrique de l'environnement. Lorsque $p = 0.5$, la marche est dite symétrique et, en dimension 1, le retour au point de départ est certain à long terme. En revanche, plus p s'éloigne de 0.5, plus la marche devient asymétrique, et plus la probabilité de retour décroît rapidement.

Notre étude vise ainsi à comprendre l'interaction entre la longévité des individus (α) et la dynamique spatiale des déplacements (p). La question centrale est la suivante : pour un environnement donné (déterminé par p), existe-t-il une valeur critique de α au-delà de laquelle l'espèce peut espérer survivre dans le temps ?

1.6 Objectifs et démarche du projet

Ce projet s'appuie sur le modèle présenté dans l'article *On Random Walks with Geometric Lifetimes* de Elcio Lebensztayn et Vincenzo Pereira [2]. Notre objectif a été, dans un premier temps, de comprendre en profondeur ce modèle, puis de le simuler numériquement afin d'en illustrer les mécanismes. Enfin, nous avons entrepris de détailler les démonstrations mathématiques de l'article, en veillant à les expliciter et les rendre accessibles à un public de niveau Master 1.

2 Approche expérimentale du modèle

2.1 Structure et fonctionnement du code

L'implémentation du modèle repose sur deux fonctions principales (consultables en annexes).

1. `marche_aleatoire` : simulation de la marche aléatoire avec reproduction

Cette fonction simule le comportement d'une population d'individus se déplaçant aléatoirement dans un espace unidimensionnel, avec possibilité de reproduction à l'origine. Elle prend en entrée les paramètres suivants :

- `p` : probabilité de déplacement vers la droite ;
- `alpha` : probabilité de survie à chaque étape ;
- `steps` : nombre total d'étapes de la simulation ;
- `simulations` : nombre de simulations indépendantes à effectuer.

Chaque simulation débute avec une population composée d'un unique individu en position 0, représentée par une liste `positions` initialisée à `[0]`. À chaque étape :

1. Chaque individu a une probabilité `alpha` de survivre.
2. Si l'individu survit, il effectue un déplacement aléatoire : vers la droite avec probabilité `p`, ou vers la gauche avec probabilité $1 - p$.
3. Sa position est alors incrémentée ou décrémentée, et stockée dans une nouvelle liste `new_positions`.
4. Si un individu atteint à nouveau la position 0, il se reproduit : un nouvel individu est alors ajouté à `new_positions`, initialisé en position 0, et qui évoluera indépendamment lors des étapes suivantes.

À la fin de chaque étape, la population est mise à jour en remplaçant `positions` par `new_positions`. Le nombre d'individus à chaque instant est enregistré dans une trajectoire `traj`, et toutes les trajectoires issues des `simulations` sont stockées dans une liste `survivants`.

2. `trouver_alpha_critique` : estimation de la valeur critique de `alpha`

Cette fonction estime la valeur minimale de `alpha` à partir de laquelle la population a une chance non nulle de persister. Elle prend en entrée les paramètres de la simulation, ainsi qu'un pas de recherche `precision`.

L'algorithme procède de la manière suivante :

- Il initialise `alpha` à 0.5, valeur en-dessous de laquelle la survie est impossible selon les observations, puis incrémente progressivement cette valeur de `precision`.
- Pour chaque valeur de `alpha`, la fonction appelle `marche_aleatoire`.
- Elle vérifie ensuite si au moins une trajectoire `traj` atteint la fin des `steps` avec une population strictement positive.

Si tel est le cas, cela signifie que la population a survécu au moins une fois, et la fonction retourne alors la valeur actuelle de `alpha` comme approximation de la valeur critique α_{critique} . Cette valeur représente le seuil en dessous duquel la survie de l'espèce devient impossible pour un `p` donné.

2.2 Résultats expérimentaux

Les simulations permettent d'explorer le comportement de la population selon les paramètres du modèle, en particulier les valeurs de p et α . L'objectif est ici de déterminer expérimentalement :

- la valeur critique α_{critique} pour une marche aléatoire symétrique ;
- les plages de valeurs de p pour lesquelles la survie est possible.

Afin d'assurer une fiabilité suffisante tout en maintenant un temps de calcul raisonnable, nous avons fixé :

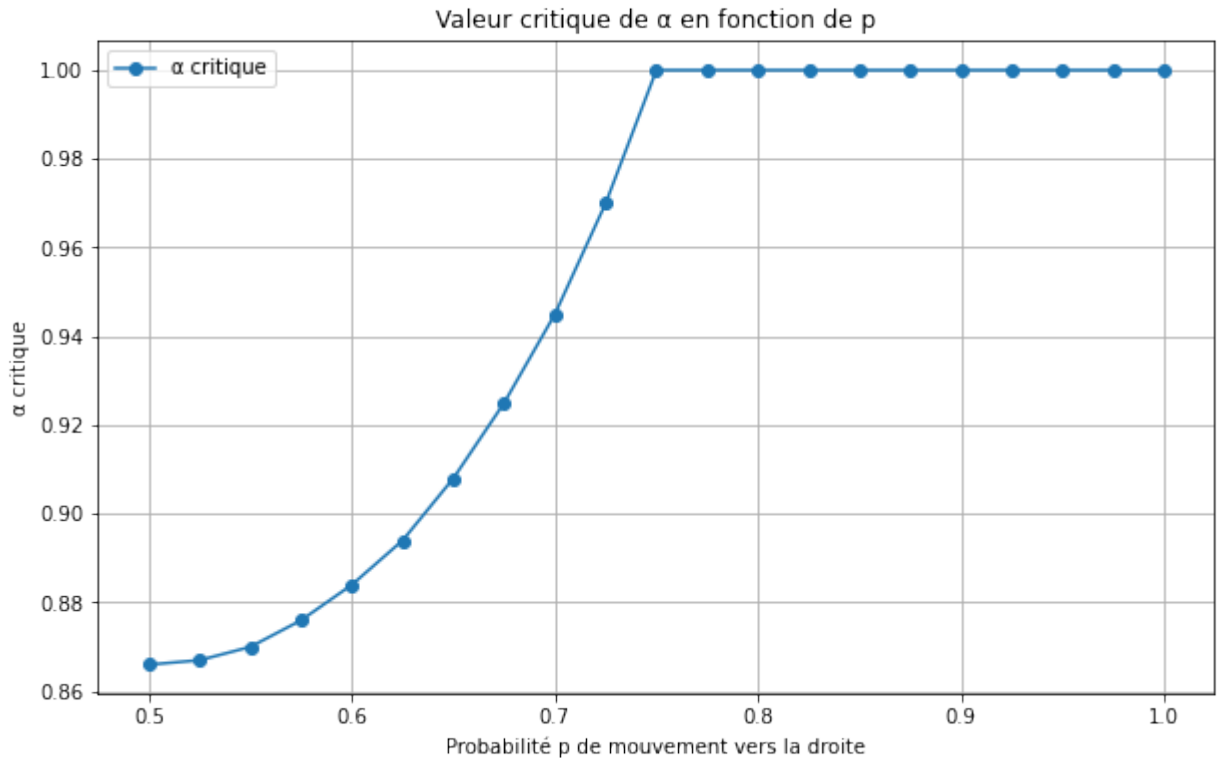
- `steps` = 10 000 ;
- `simulations` = 1 000 ;
- `precision` = 0.001.

1. Cas de la marche aléatoire symétrique

Nous fixons ici p à 0.5, ce qui correspond à une marche symétrique où les probabilités de déplacement vers la droite et la gauche sont égales. Les simulations donnent alors une estimation de la valeur critique $\alpha_{\text{critique}} = 0.866$ (résultat disponible en annexe). Autrement dit, pour une telle marche, l'espèce ne peut espérer survivre que si sa probabilité de survie à chaque étape est supérieure ou égale à 0.866.

2. Cas de marches non symétriques

En faisant varier p sur l'intervalle $[0.5, 1]$, nous estimons à chaque fois la valeur critique correspondante de α , ce qui donne le graphique suivant :



Bien que seules les valeurs de $p \in [0.5, 1]$ aient été simulées, la symétrie du phénomène permet d'en déduire le comportement pour $p \in [0, 0.5]$. En effet, remplacer p par $1 - p$ revient simplement à inverser la direction préférentielle des déplacements, sans changer la dynamique globale de retour à l'origine.

On observe que :

- pour $p = 0.5$, on retrouve bien $\alpha_{\text{critique}} \approx 0.866$;
- pour $p \geq 0.75$ (et donc aussi $p \leq 0.25$), la survie devient impossible sauf si $\alpha = 1$.

Or, une valeur de $\alpha = 1$, bien que mathématiquement possible, correspond à des individus immortels, ce qui est peu réaliste dans un contexte biologique. En pratique, la survie de l'espèce n'est donc envisageable que dans la plage $p \in]0.25, 0.75[$.

Nous chercherons dans la section suivante à démontrer théoriquement ces observations expérimentales, notamment la valeur $\alpha_{\text{critique}} = 0.866$ dans le cas symétrique.

3 Cas de la marche aléatoire symétrique

Nous étudions le cas d'une marche aléatoire symétrique ; nous fixons donc la probabilité d'aller à droite p à $\frac{1}{2}$.

On pose $\psi(\alpha)$ la probabilité d'extinction, $\theta(\alpha) = 1 - \psi(\alpha)$ la probabilité de survie (la probabilité que l'espèce ne s'éteigne jamais) et $\mu(\alpha)$ le nombre moyen de descendants directs par individu ((descendants auxquels il a donné naissance lui-même, on ne compte pas les individus dont il est "grand-parent").

Dans cette partie, nous allons tout d'abord montrer l'existence d'une valeur critique pour α , puis ensuite déterminer le lien entre la probabilité de survie θ et le nombre moyen de descendants par individu μ , pour enfin trouver cette valeur critique de α pour $p = 0.5$.

3.1 Preuve de l'existence d'une valeur critique pour α

La valeur critique de α correspond à la valeur minimale de α pour laquelle l'espèce survit, c'est-à-dire $\theta(\alpha) \neq 0$. Montrer l'existence d'une valeur critique pour α revient donc à montrer que :

$$\exists \alpha_c \in [0, 1] \text{ tel que } \begin{cases} \forall \alpha < \alpha_c, & \theta(\alpha) = 0 \\ \forall \alpha > \alpha_c, & \theta(\alpha) > 0 \end{cases}$$

Or, on a $\theta(0) = 0$ car si $\alpha = 0$, l'individu meurt immédiatement et l'extinction est donc certaine ; et $\theta(1) = 1$ car si $\alpha = 1$, l'individu ne meurt jamais, la survie est donc certaine. Il ne reste donc qu'à prouver la monotonie de θ et on pourra alors utiliser le théorème des valeurs intermédiaires pour prouver l'existence de α_c .

Pour prouver cette monotonie, on va procéder par couplage.

Le couplage de deux variables aléatoires X et Y est la construction d'un espace probabilisé commun sur lequel X et Y sont redéfinies simultanément, tout en conservant leurs lois marginales.

Formellement, on cherche une paire (\tilde{X}, \tilde{Y}) telle que :

- $\tilde{X} \stackrel{\mathcal{L}}{=} X$,
- $\tilde{Y} \stackrel{\mathcal{L}}{=} Y$,
- \tilde{X} et \tilde{Y} sont définies sur le même espace probabilisé.

Le couplage va permettre d'étudier des relations de dominance, convergence etc. entre deux variables aléatoires.

Tout d'abord, on pose $\tau_\alpha(k)$ la durée de vie d'un individu k pour un α donné.

Ensuite, on va prendre $\alpha_1, \alpha_2 \in]0, 1[$ tels que $\alpha_1 < \alpha_2$, et on va construire deux modèles couplés (dépendants) similaires à celui étudié (marche aléatoire symétrique avec reproduction à l'origine etc.) : un Modèle 1 de paramètre α_1 et un Modèle 2 de paramètre α_2 .

On construit ces modèles de manière à ce que tout individu survivant dans le Modèle 1 ait un "jumeau" (créé en même temps et suivant la même marche aléatoire) survivant au moins aussi longtemps dans le Modèle 2.

On va alors chercher à montrer que si une particule survit dans le Modèle 1, son jumeau survit au moins aussi longtemps dans le Modèle 2. Ainsi, la survie du Modèle 1 impliquerait celle du Modèle 2 et on aurait :

$$\theta(\alpha_1) \leq \theta(\alpha_2)$$

ce qui montrerait la monotonie de θ .

On va donc chercher à construire $\tilde{\tau}_{\alpha_1}(k) \stackrel{\mathcal{L}}{=} \tau_{\alpha_1}(k)$ et $\tilde{\tau}_{\alpha_2}(k) \stackrel{\mathcal{L}}{=} \tau_{\alpha_2}(k)$ tels que :

$$\tilde{\tau}_{\alpha_1}(k) \leq \tilde{\tau}_{\alpha_2}(k).$$

On a posé $\tau_\alpha(k)$ la durée de vie d'un individu ; or, comme à chaque étape un individu a une chance α de survivre et $1 - \alpha$ de mourir, on a :

$$\mathbb{P}(\tau_\alpha(k) = n) = (1 - \alpha)\alpha^n, \quad n \geq 0.$$

$\tau_\alpha(k)$ suit donc une loi géométrique de raison $1 - \alpha$.

On cherche à exprimer cette loi à partir d'une loi uniforme et on va pour cela chercher sa fonction quantile.

$\tau_\alpha(k)$ suivant une loi géométrique définie sur \mathbb{N} , sa fonction de répartition est :

$$F_\alpha(n) = \mathbb{P}(\tau_\alpha \leq n) = 1 - \alpha^{n+1}, \quad n \geq 0.$$

La fonction quantile F_α^{-1} est donc définie par :

$$F_\alpha^{-1}(u) = \inf\{n \in \mathbb{N} : F_\alpha(n) \geq u\}, \quad u \in [0, 1].$$

On a alors :

$$1 - \alpha^{n+1} \geq u \Leftrightarrow \alpha^{n+1} \leq 1 - u \Leftrightarrow (n+1) \times \log(\alpha) \leq \log(1 - u) \Leftrightarrow n \geq \frac{\log(1 - u)}{\log(\alpha)} - 1$$

car $\alpha \in]0, 1[$ donc $\log(\alpha) < 0$.

On a donc :

$$F_\alpha^{-1}(u) = \left\lceil \frac{\log(1 - u)}{\log(\alpha)} - 1 \right\rceil = \left\lfloor \frac{\log(1 - u)}{\log(\alpha)} \right\rfloor$$

car n est entier.

On pose alors :

$$\tilde{\tau}_\alpha(k) = \left\lfloor \frac{\log(1 - U(k))}{\log(\alpha)} \right\rfloor$$

où $U(k)$ est une variable aléatoire de distribution uniforme sur $[0, 1]$, ce qui est équivalent à :

$$\tilde{\tau}_\alpha(k) = \left\lfloor \frac{\log(U(k))}{\log(\alpha)} \right\rfloor$$

car la loi uniforme est symétrique, c'est-à-dire $1 - U$ suit la même loi que U .

Vérifions que $\tilde{\tau}_\alpha(k)$ suit bien une loi géométrique de raison $1 - \alpha$ comme $\tau_\alpha(k)$:

$$\begin{aligned} \mathbb{P}(\tilde{\tau}_\alpha(k) = n) &= \mathbb{P}\left(\left\lfloor \frac{\log(U(k))}{\log(\alpha)} \right\rfloor = n\right) = \mathbb{P}\left(n \leq \frac{\log(U(k))}{\log(\alpha)} < n+1\right) \\ &= \mathbb{P}(\alpha^{n+1} < U(k) \leq \alpha^n) \end{aligned}$$

car $\alpha \in]0, 1[$ donc $\log(\alpha) < 0$.

$\alpha^{n+1}, \alpha^n \in [0, 1]$ et $U(k)$ est de loi uniforme sur $[0, 1]$, donc :

$$\mathbb{P}(\tilde{\tau}_\alpha(k) = n) = \alpha^n - \alpha^{n+1} = \alpha^n(1 - \alpha)$$

ce qui est bien l'expression d'une loi géométrique de raison $1 - \alpha$.

On peut donc construire

$$\tilde{\tau}_{\alpha_1}(k) = \left\lfloor \frac{\log(U(k))}{\log(\alpha_1)} \right\rfloor \quad \text{et} \quad \tilde{\tau}_{\alpha_2}(k) = \left\lfloor \frac{\log(U(k))}{\log(\alpha_2)} \right\rfloor$$

en utilisant le même $U(k)$, assurant ainsi le couplage souhaité.

On a vu qu'on avait bien :

$$\tilde{\tau}_{\alpha_1}(k) \stackrel{\mathcal{L}}{=} \tau_{\alpha_1}(k) \quad \text{et} \quad \tilde{\tau}_{\alpha_2}(k) \stackrel{\mathcal{L}}{=} \tau_{\alpha_2}(k).$$

De plus, comme $\alpha_1, \alpha_2 \in]0, 1[$ et $\alpha_1 < \alpha_2$, on a

$$\log(\alpha_1) < \log(\alpha_2) < 0$$

et donc :

$$\tilde{\tau}_{\alpha_1}(k) \leq \tilde{\tau}_{\alpha_2}(k).$$

On a donc montré que tout individu du Modèle 1 a une durée de vie inférieure à son jumeau dans le Modèle 2, la survie du Modèle 1 implique donc celle du Modèle 2 et on a donc bien :

$$\theta(\alpha_1) \leq \theta(\alpha_2), \quad \forall \alpha_1, \alpha_2 \in]0, 1[.$$

De plus, quand $\alpha \rightarrow 0$, on a :

$$\tilde{\tau}_\alpha(k) \rightarrow \lceil 0^+ \rceil = 1 \Rightarrow \theta(\alpha) \rightarrow 0$$

donc θ est bien continue en 0.

Quand $\alpha \rightarrow 1$, on a :

$$\tilde{\tau}_\alpha(k) \rightarrow +\infty \Rightarrow \theta(\alpha) \rightarrow 1$$

donc θ est bien continue en 1.

θ est donc croissante sur $[0, 1]$, $\theta(0) = 0$ et $\theta(1) = 1$, donc par le théorème des valeurs intermédiaires, il existe bien un $\alpha_c \in [0, 1]$ tel que :

$$\forall \alpha < \alpha_c, \quad \theta(\alpha) = 0 \quad \text{et} \quad \forall \alpha > \alpha_c, \quad \theta(\alpha) > 0.$$

3.2 Lien entre survie de l'espèce et nombre moyen de descendants par individu

On cherche à établir un lien entre :

- la probabilité de survie de l'espèce, notée θ ,
- et le nombre moyen de descendants par individu, noté μ .

On définit ce dernier par :

$$\mu = \sum_{j=1}^{+\infty} j p_j$$

où p_j désigne la probabilité qu'un individu donne naissance à exactement j individus.

Par définition, on a :

$$\sum_{j=0}^{+\infty} p_j = 1.$$

On suppose par hypothèse biologique du modèle que $\mu < +\infty$, car il ne serait pas cohérent que le nombre moyen de descendants soit infini.

On introduit également la fonction génératrice des probabilités G :

$$G(s) = \sum_{j=0}^{+\infty} p_j s^j, \quad \text{avec } |s| < R,$$

où R désigne le rayon de convergence de la série entière.

Comme les p_j sont tous positifs et que la somme des p_j vaut 1, on a :

$$G(1) = \sum_{j=0}^{+\infty} p_j = 1,$$

ce qui implique que la série converge en $s = 1$, donc que le rayon de convergence vérifie $R \geq 1$.

Il s'ensuit que :

- G est continue sur l'intervalle $[0, 1]$,
- G est indéfiniment dérivable sur l'intervalle $[0, 1[$.

Par conséquent, on peut dériver la série terme à terme sur $[0, 1[$, ce qui donne :

$$G'(s) = \sum_{j=1}^{+\infty} j p_j s^{j-1}.$$

Cette série converge en $s = 1$ si et seulement si $\mu = \sum_{j=1}^{+\infty} j p_j < +\infty$, ce qui est garanti par notre hypothèse biologique. Ainsi, G' est bien définie et continue en $s = 1$, ce qui montre que G est dérivable sur tout $[0, 1]$.

Afin d'écarter les cas triviaux, on suppose :

$$0 < p_0 < 1 \quad \text{et} \quad p_0 + p_1 < 1.$$

Ces conditions assurent que $G(s)$ n'est ni constante ni affine, puisque la somme des p_j doit toujours être égale à 1.

On introduit enfin les notations suivantes :

- pour tout $n \geq 0$, Z_n désigne le nombre d'individus à la génération n ,
- $\delta_n = \mathbb{P}(Z_n = 0)$ est la probabilité d'extinction à la génération n ,
- $\delta = \lim_{n \rightarrow +\infty} \delta_n$ est la probabilité d'extinction à long terme.

On considère ici un processus de Bienaymé–Galton–Watson, dans lequel chaque individu de la génération n engendre un nombre aléatoire de descendants suivant une même loi $(p_j)_{j \geq 0}$, indépendamment des autres individus et des générations précédentes. Ce cadre permet de modéliser l'évolution stochastique de la population $(Z_n)_{n \geq 0}$ à travers les générations successives.

Établissons maintenant le lien entre G et δ_n .

On a :

$$\delta_{n+1} = \mathbb{P}(Z_{n+1} = 0) = \sum_{j=0}^{+\infty} \mathbb{P}(Z_{n+1} = 0 \mid Z_1 = j) \cdot \mathbb{P}(Z_1 = j).$$

Or, pour qu'une population de j individus à la génération 1 soit éteinte à la génération $n+1$, il faut que chacune des j sous-populations qu'ils engendrent s'éteigne en n générations. Comme ces événements sont indépendants et que chaque sous-population s'éteint avec probabilité δ_n , on a :

$$\mathbb{P}(Z_{n+1} = 0 \mid Z_1 = j) = (\delta_n)^j.$$

On obtient donc :

$$\delta_{n+1} = \sum_{j=0}^{+\infty} (\delta_n)^j p_j = G(\delta_n).$$

Par passage à la limite (grâce à la continuité de G), on obtient :

$$\delta = \lim_{n \rightarrow +\infty} \delta_{n+1} = \lim_{n \rightarrow +\infty} G(\delta_n) = G\left(\lim_{n \rightarrow +\infty} \delta_n\right) = G(\delta).$$

Ainsi, la probabilité d'extinction δ est un point fixe de G dans $[0, 1]$.

Cas 1 : $\mu \leq 1$

On suppose que le nombre moyen de descendants par individu est inférieur ou égal à 1. Autrement dit, $G'(1) \leq 1$.

Supposons qu'il existe $c \in [0, 1[$ tel que $G(c) = c$. Puisque G est continue sur $[0, 1]$, on peut appliquer le théorème des accroissements finis entre c et 1. Il existe alors $d \in]c, 1[$ tel que :

$$G'(d) = \frac{G(1) - G(c)}{1 - c} = \frac{1 - c}{1 - c} = 1.$$

Cependant, G est une série entière à coefficients positifs (les p_j sont des probabilités), non constante et non affine, ce qui implique qu'elle est strictement convexe sur \mathbb{R}_+ .

Donc, sa dérivée G' est strictement croissante sur \mathbb{R}_+ , en particulier sur $[0, 1]$. Cela implique :

$$\forall s \in]d, 1], \quad G'(s) > G'(d) = 1,$$

ce qui est contradictoire avec le fait que $G'(1) \leq 1$.

Il ne peut donc exister aucun point fixe dans $[0, 1[$, et le seul point fixe dans $[0, 1]$ est $\delta = 1$. Cela signifie que l'espèce s'éteint avec probabilité 1 lorsque $\mu \leq 1$.

Cas 2 : $\mu > 1$

On suppose maintenant que $\mu > 1$, c'est-à-dire $G'(1) > 1$.

On introduit la fonction :

$$H(s) = G(s) - s,$$

et on cherche ses racines, c'est-à-dire les points fixes de G .

Comme $G'(1) = \mu > 1$ et G' est continue sur $[0, 1]$, il existe $\epsilon > 0$ tel que :

$$\forall s \in]1 - \epsilon, 1[, \quad G'(s) > 1.$$

Alors :

$$H'(s) = G'(s) - 1 > 0 \quad \text{sur }]1 - \epsilon, 1[,$$

donc H est strictement croissante sur cet intervalle.

Prenons $s_0 = 1 - \frac{\epsilon}{2}$. Alors $s_0 \in]1 - \epsilon, 1[$ et :

$$H(s_0) < H(1) = G(1) - 1 = 0.$$

On a aussi :

$$H(0) = G(0) - 0 = p_0 > 0.$$

Par le théorème des valeurs intermédiaires, il existe donc $c \in]0, s_0[\subseteq]0, 1[$ tel que :

$$H(c) = 0 \Leftrightarrow G(c) = c.$$

Il existe donc au moins un point fixe dans $]0, 1[$.

Montrons maintenant que ce point fixe est unique.

Supposons l'existence de deux points fixes $c_1 < c_2 \in]0, 1[$. Par le théorème des accroissements finis, il existe $d \in]c_1, c_2[$ tel que :

$$G'(d) = \frac{G(c_2) - G(c_1)}{c_2 - c_1} = \frac{c_2 - c_1}{c_2 - c_1} = 1.$$

Mais G' étant strictement croissante, on a :

$$\forall s \in]d, 1], \quad G'(s) > G'(d) = 1.$$

On peut alors écrire, pour tout $s \in [c_2, 1]$, par le théorème fondamental du calcul intégral :

$$G(s) = G(c_2) + \int_{c_2}^s G'(t) dt = c_2 + \int_{c_2}^s G'(t) dt.$$

Comme $G'(t) > 1$ sur l'intervalle d'intégration, on a :

$$G(s) > c_2 + (s - c_2) = s.$$

En particulier, $G(1) > 1$, ce qui contredit le fait que $G(1) = 1$. Il ne peut donc exister qu'un unique point fixe dans $]0, 1[$, qui est la valeur de δ .

En résumé :

- si $\mu \leq 1$, alors $\delta = 1$, donc $\theta = 1 - \delta = 0$,
- si $\mu > 1$, alors $\delta \in]0, 1[$ est l'unique solution de $G(s) = s$, donc $\theta = 1 - \delta > 0$.

Ainsi, chercher la plus petite valeur de α telle que la probabilité de survie $\theta(\alpha)$ devienne non nulle revient à rechercher la plus petite valeur de α pour laquelle :

$$\mu(\alpha) > 1.$$

3.3 Détermination de la valeur critique de α

Considérons une marche aléatoire symétrique $\{S_n\}_{n \geq 0}$ sur \mathbb{Z} , partant de l'origine, représentant la trajectoire d'un individu.

Soit τ la durée de vie de cet individu, supposée indépendante de la marche $\{S_n\}_{n \geq 0}$. Cette variable correspond à $\tau_\alpha(k)$ introduite dans la partie 3.1.

Définissons la variable aléatoire Y_i comme l'indicateur de l'événement « l'individu est vivant à l'instant i et se trouve à l'origine à cet instant ». Autrement dit :

$$Y_i = \mathbf{1}_{\tau \geq i} \times \mathbf{1}_{S_i=0}.$$

Ainsi, la somme $\sum_{i=1}^{+\infty} Y_i$ représente le nombre total de retours à l'origine effectués par l'individu (on exclut $i = 0$ car cela n'est pas considéré comme un retour). Par conséquent, l'espérance de cette somme donne le nombre moyen de retours à l'origine, soit :

$$\mathbb{E} \left(\sum_{i=1}^{+\infty} Y_i \right).$$

Or, par hypothèse du modèle, à chaque retour à l'origine, l'individu donne naissance à un descendant. Ainsi, le nombre moyen de retours à l'origine est aussi égal au nombre moyen de descendants. On a donc :

$$\mu(\alpha) = \mathbb{E} \left(\sum_{i=1}^{+\infty} Y_i \right).$$

Par linéarité de l'espérance :

$$\mu(\alpha) = \sum_{i=1}^{+\infty} \mathbb{E}[Y_i].$$

Comme Y_i est une variable aléatoire de Bernoulli, on a :

$$\mu(\alpha) = \sum_{i=1}^{+\infty} \mathbb{P}(Y_i = 1).$$

Or, $Y_i = 1$ signifie que l'individu est vivant au temps i et qu'il se trouve à l'origine. Comme les deux événements sont indépendants (durée de vie et marche aléatoire), on peut écrire :

$$\mu(\alpha) = \sum_{i=1}^{+\infty} \mathbb{P}(\tau \geq i) \cdot \mathbb{P}(S_i = 0).$$

La probabilité de survie à l'instant i est $\mathbb{P}(\tau \geq i) = \alpha^i$, car à chaque étape, la probabilité de rester en vie est α . D'où :

$$\mu(\alpha) = \sum_{i=1}^{+\infty} \alpha^i \cdot \mathbb{P}(S_i = 0).$$

La marche étant définie sur \mathbb{Z} et partant de l'origine, l'individu ne peut se retrouver à l'origine qu'à des instants pairs (autant de pas vers la gauche que vers la droite). Ainsi, $\mathbb{P}(S_i = 0) = 0$ pour i impair. En posant $i = 2j$, on obtient :

$$\mu(\alpha) = \sum_{j=1}^{+\infty} \alpha^{2j} \cdot \mathbb{P}(S_{2j} = 0).$$

Pour que $S_{2j} = 0$, il faut que l'individu ait effectué j pas vers la gauche et j vers la droite. Comme la probabilité d'aller à droite (ou à gauche) est $\frac{1}{2}$ et les pas sont indépendants, le problème revient à un tirage avec remise. La probabilité de cette configuration est donc :

$$\mathbb{P}(S_{2j} = 0) = \binom{2j}{j} \left(\frac{1}{2}\right)^{2j}.$$

On en déduit :

$$\mu(\alpha) = \sum_{j=1}^{+\infty} \alpha^{2j} \binom{2j}{j} \left(\frac{1}{2}\right)^{2j} = \sum_{j=1}^{+\infty} \binom{2j}{j} \left(\frac{\alpha}{2}\right)^{2j}.$$

On reconnaît ici une série génératrice des coefficients binomiaux centraux. Il est connu que :

$$\sum_{j=0}^{\infty} \binom{2j}{j} x^j = \frac{1}{\sqrt{1-4x}}, \quad \text{pour } |x| < \frac{1}{4}.$$

Posons $x = \frac{\alpha^2}{4}$. Alors :

$$\mu(\alpha) = \sum_{j=1}^{+\infty} \binom{2j}{j} x^j = \left(\sum_{j=0}^{+\infty} \binom{2j}{j} x^j \right) - 1 = \frac{1}{\sqrt{1-4x}} - 1.$$

En remplaçant x :

$$\mu(\alpha) = \frac{1}{\sqrt{1-\alpha^2}} - 1.$$

Or, on a vu dans la partie 3.2, que la valeur critique de α était égale à la plus petite valeur telle que $\mu(\alpha) > 1$. On résout alors :

$$\mu(\alpha) > 1 \iff \frac{1}{\sqrt{1-\alpha^2}} - 1 > 1 \iff \sqrt{1-\alpha^2} < \frac{1}{2}.$$

Ce qui équivaut à :

$$1 - \alpha^2 < \frac{1}{4} \iff \alpha^2 > \frac{3}{4} \iff \alpha > \frac{\sqrt{3}}{2} \approx 0,866.$$

On en déduit la valeur critique :

$$\alpha_c = \frac{\sqrt{3}}{2}.$$

Ainsi, pour une marche aléatoire symétrique, la probabilité de survie $\theta(\alpha)$ s'écrit :

$$\forall \alpha \in \left[0, \frac{\sqrt{3}}{2}\right], \quad \theta(\alpha) = 0,$$

$$\forall \alpha \in \left] \frac{\sqrt{3}}{2}, 1 \right], \quad \theta(\alpha) > 0.$$

Comme $\frac{\sqrt{3}}{2} \approx 0,866$, on retrouve bien la valeur approchée obtenue expérimentalement. On remarque néanmoins une différence : expérimentalement, la survie était observée pour $\alpha \geq 0,866$, tandis que théoriquement, on démontre qu'elle est possible uniquement pour $\alpha > \frac{\sqrt{3}}{2}$, la valeur critique étant donc exclue.

Après avoir établi que $\theta(\alpha)$ est strictement positive pour tout $\alpha > \frac{\sqrt{3}}{2}$, nous chercherons à présent à déterminer l'expression exacte de cette probabilité de survie en fonction de α .

3.4 Probabilité de survie en fonction de α

Soit $\alpha \in]0, 1[$. On pose $\rho(\alpha)$ la probabilité que l'individu meure avant son prochain retour à l'origine. On note par η le nombre total de retours à l'origine effectués par cet individu au cours de sa vie.

Alors, pour tout $j \geq 0$, la probabilité que l'individu effectue exactement j retours à l'origine est donnée par :

$$\mathbb{P}(\eta = j) = \rho(\alpha) (1 - \rho(\alpha))^j$$

Cette expression est celle d'une loi géométrique.

On a vu dans la partie 3.2 que l'espérance du nombre de descendants μ s'exprime comme la dérivée de la fonction génératrice G en 1 :

$$\mu = G'(1)$$

Or, la probabilité que l'individu ait exactement j descendants correspond à la probabilité qu'il effectue j retours à l'origine, soit :

$$p_j = \mathbb{P}(\eta = j)$$

Dès lors, la fonction génératrice s'écrit :

$$G(s) = \sum_{j=0}^{\infty} s^j p_j = \sum_{j=0}^{\infty} s^j \rho(\alpha) (1 - \rho(\alpha))^j = \rho(\alpha) \sum_{j=0}^{\infty} [s(1 - \rho(\alpha))]^j$$

On reconnaît ici une série géométrique de raison $s(1 - \rho(\alpha))$, qui converge dès lors que $s(1 - \rho(\alpha)) < 1$, c'est-à-dire pour $s < \frac{1}{1 - \rho(\alpha)}$. En particulier, la série converge pour tout $s \in [0, 1]$, et on peut alors écrire :

$$G(s) = \frac{\rho(\alpha)}{1 - s(1 - \rho(\alpha))}.$$

On dérive cette expression sur $s \in [0, 1]$:

$$G'(s) = \frac{d}{ds} \left(\frac{\rho(\alpha)}{1 - s(1 - \rho(\alpha))} \right) = \frac{\rho(\alpha)(1 - \rho(\alpha))}{(1 - s(1 - \rho(\alpha)))^2}$$

On en déduit :

$$\mu(\alpha) = \lim_{s \rightarrow 1} G'(s) = \frac{\rho(\alpha)(1 - \rho(\alpha))}{(1 - (1 - \rho(\alpha)))^2} = \frac{\rho(\alpha)(1 - \rho(\alpha))}{\rho(\alpha)^2} = \frac{1 - \rho(\alpha)}{\rho(\alpha)}$$

Rappelons que, d'après la partie précédente, on a aussi :

$$\mu(\alpha) = \frac{1}{\sqrt{1-\alpha^2}} - 1$$

On identifie donc :

$$\frac{1}{\sqrt{1-\alpha^2}} - 1 = \frac{1-\rho(\alpha)}{\rho(\alpha)} \Leftrightarrow \frac{1}{\sqrt{1-\alpha^2}} = \frac{1}{\rho(\alpha)} \Leftrightarrow \rho(\alpha) = \sqrt{1-\alpha^2} \in]0, 1[$$

On a vu dans la partie 3.2 que la probabilité d'extinction est donnée par l'unique solution dans $]0, 1[$ de l'équation :

$$G(s) = s$$

En remplaçant $G(s)$ par son expression, on obtient :

$$\frac{\rho(\alpha)}{1-s(1-\rho(\alpha))} = s$$

Ce qui revient à résoudre l'équation quadratique suivante :

$$(\rho(\alpha) - 1)s^2 + s - \rho(\alpha) = 0$$

Le discriminant de cette équation est :

$$\Delta = 1^2 - 4(\rho(\alpha) - 1)(-\rho(\alpha)) = 1 - 4\rho(\alpha) + 4\rho(\alpha)^2 = (2\rho(\alpha) - 1)^2$$

Les deux racines sont alors :

$$s_1 = \frac{1 + (2\rho(\alpha) - 1)}{2(1 - \rho(\alpha))} = \frac{2\rho(\alpha)}{2(1 - \rho(\alpha))} = \frac{\rho(\alpha)}{1 - \rho(\alpha)} = \frac{1}{\mu}$$

$$s_2 = \frac{1 - (2\rho(\alpha) - 1)}{2(1 - \rho(\alpha))} = \frac{2(1 - \rho(\alpha))}{2(1 - \rho(\alpha))} = 1$$

Or, seule la première solution s_1 est strictement inférieure à 1. C'est donc elle qui donne la probabilité d'extinction :

$$\psi(\alpha) = \frac{1}{\mu} = \frac{\rho(\alpha)}{1 - \rho(\alpha)} = \frac{\sqrt{1-\alpha^2}}{1 - \sqrt{1-\alpha^2}}$$

La probabilité de survie est donnée par :

$$\theta(\alpha) = 1 - \psi(\alpha)$$

On obtient alors l'expression suivante :

$$\theta(\alpha) = 1 - \frac{\sqrt{1-\alpha^2}}{1 - \sqrt{1-\alpha^2}} = \frac{1 - 2\sqrt{1-\alpha^2}}{1 - \sqrt{1-\alpha^2}}$$

Cette formule est valable pour tout $\alpha \in \left] \frac{\sqrt{3}}{2}, 1 \right]$.

4 Cas général

Nous nous plaçons désormais dans le cas général, c'est-à-dire pour $(p, \alpha) \in [0, 1]^2$. L'objectif est de déterminer l'expression de la probabilité de survie θ en fonction de ces deux paramètres. Ce cas général permet notamment de modéliser des situations où l'individu a une probabilité non équilibrée d'effectuer un pas vers la droite ou la gauche, ce qui peut refléter un biais directionnel dans son déplacement ou son comportement.

Notons que si $\alpha = 1$ — un cas biologiquement improbable — l'individu ne meurt jamais, ce qui entraîne une survie certaine pour tout $p \in [0, 1]$. Pour $\alpha = 0$ — un autre cas biologiquement improbable — l'individu meurt dès la première étape, ce qui entraîne une extinction certaine pour tout $p \in [0, 1]$. Nous nous concentrerons donc sur les valeurs $0 < \alpha < 1$, et chercherons les couples (p, α) pour lesquels la survie est possible.

Dans la section 3.2, nous avons établi un lien entre la probabilité de survie θ et le nombre moyen de descendants par individu, noté μ , sans utiliser l'hypothèse $p = \frac{1}{2}$. Il est donc légitime de rechercher les couples (p, α) tels que $\mu(p, \alpha) > 1$.

Considérons la marche aléatoire $\{S_n\}_{n \geq 0}$ sur \mathbb{Z} , partant de l'origine, représentant la trajectoire d'un individu. Le raisonnement mené dans le début de la section 3.3 ne repose pas non plus sur la symétrie, et l'on a ainsi :

$$\mu(p, \alpha) = \sum_{j=1}^{+\infty} \alpha^{2j} \cdot \mathbb{P}(S_{2j} = 0).$$

Pour que $S_{2j} = 0$, il faut que l'individu effectue autant de pas vers la gauche que vers la droite, soit j dans chaque direction. Chaque pas étant indépendant et orienté vers la droite avec probabilité p , on est en présence d'un schéma de Bernoulli avec remise. Par conséquent :

$$\mathbb{P}(S_{2j} = 0) = \binom{2j}{j} p^j (1-p)^j = \binom{2j}{j} (p(1-p))^j.$$

Il en découle :

$$\mu(p, \alpha) = \sum_{j=1}^{+\infty} \binom{2j}{j} (\alpha^2 p(1-p))^j.$$

On reconnaît ici une série génératrice classique :

$$\sum_{j=0}^{\infty} \binom{2j}{j} x^j = \frac{1}{\sqrt{1-4x}}, \quad \text{pour } |x| < \frac{1}{4}.$$

Posons $x = \alpha^2 p(1-p)$. On souhaite montrer que $x < \frac{1}{4}$.

Comme $\alpha \in [0, 1[$, on a $\alpha^2 < 1$, et il suffit donc d'étudier la borne supérieure de $f(p) = p(1-p)$ sur $[0, 1]$. On a :

$$f'(p) = 1 - 2p, \quad \text{donc} \quad f'(p) = 0 \Rightarrow p = \frac{1}{2}.$$

$$f''(p) = -2 < 0, \quad \text{donc } f \text{ atteint un maximum en } p = \frac{1}{2}.$$

$$f(0) = 0, \quad f\left(\frac{1}{2}\right) = \frac{1}{4}, \quad f(1) = 0.$$

Ainsi, pour tout $p \in [0, 1]$, $p(1 - p) \leq \frac{1}{4}$, et donc $x < \frac{1}{4}$.

Puisque $x < \frac{1}{4}$, la série converge et donne :

$$\mu(p, \alpha) = \left(\sum_{j=0}^{+\infty} \binom{2j}{j} x^j \right) - 1 = \frac{1}{\sqrt{1 - 4x}} - 1.$$

En réintroduisant $x = \alpha^2 p(1 - p)$, on obtient :

$$\mu(p, \alpha) = \frac{1}{\sqrt{1 - 4\alpha^2 p(1 - p)}} - 1.$$

Pour qu'il y ait une chance de survie, on doit avoir $\mu(p, \alpha) > 1$, soit :

$$\frac{1}{\sqrt{1 - 4\alpha^2 p(1 - p)}} - 1 > 1 \quad \Leftrightarrow \quad \sqrt{1 - 4\alpha^2 p(1 - p)} < \frac{1}{2}.$$

Ce qui implique :

$$1 - 4\alpha^2 p(1 - p) < \frac{1}{4} \quad \Leftrightarrow \quad \alpha^2 p(1 - p) > \frac{3}{16}.$$

Puisque $\alpha^2 \in [0, 1]$, la survie est possible uniquement si :

$$p(1 - p) > \frac{3}{16}.$$

On a vu que $f(p) = p(1 - p)$ est croissante sur $[0, \frac{1}{2}]$ et décroissante sur $[\frac{1}{2}, 1]$, avec :

$$f\left(\frac{1}{4}\right) = f\left(\frac{3}{4}\right) = \frac{3}{16}.$$

Par conséquent, pour $\alpha \neq 1$, la survie est possible si et seulement si :

$$\frac{1}{4} < p < \frac{3}{4}.$$

De plus, pour un tel p , la condition $\alpha^2 p(1 - p) > \frac{3}{16}$ devient :

$$\alpha > \frac{\sqrt{3}}{4\sqrt{p(1 - p)}},$$

car les deux membres sont positifs.

Ainsi, pour $\alpha \neq 1$, la survie est possible si et seulement si :

$$\frac{1}{4} < p < \frac{3}{4} \quad \text{et} \quad \alpha > \frac{\sqrt{3}}{4\sqrt{p(1 - p)}}.$$

On retrouve ici le cas particulier traité dans la section 3.3 lorsque $p = \frac{1}{2}$, ce qui valide cette généralisation.

D'après la section 3.4, on sait que pour $\alpha \in]0, 1[$, la probabilité d'extinction est $\psi(\alpha) = \frac{1}{\mu}$. Cette formule reste valable ici, car sa démonstration ne dépendait pas de la valeur de p . On a donc, pour $\frac{1}{4} < p < \frac{3}{4}$ et $\alpha > \frac{\sqrt{3}}{4\sqrt{p(1-p)}}$:

$$\theta(p, \alpha) = 1 - \frac{1}{\mu(p, \alpha)} = 1 - \frac{\sqrt{1 - 4\alpha^2 p(1-p)}}{1 - \sqrt{1 - 4\alpha^2 p(1-p)}} = \frac{1 - 2\sqrt{1 - 4\alpha^2 p(1-p)}}{1 - \sqrt{1 - 4\alpha^2 p(1-p)}}.$$

En résumé, pour tout $(p, \alpha) \in [0, 1]^2$, la probabilité de survie $\theta(p, \alpha)$ est donnée par :

$$\theta(p, \alpha) = \begin{cases} \frac{1 - 2\sqrt{1 - 4\alpha^2 p(1-p)}}{1 - \sqrt{1 - 4\alpha^2 p(1-p)}} & \text{si } \frac{1}{4} < p < \frac{3}{4} \text{ et } \alpha > \frac{\sqrt{3}}{4\sqrt{p(1-p)}}, \\ 1 & \text{si } \alpha = 1, \\ 0 & \text{sinon.} \end{cases}$$

On retrouve ainsi parfaitement les résultats obtenus par simulation, en particulier l'impossibilité de survie pour $\alpha \neq 1$ lorsque $p \notin]\frac{1}{4}, \frac{3}{4}[$. Ce résultat fournit une condition analytique explicite de survie à long terme dans le modèle, reliant les paramètres dynamiques p et α à la possibilité de survie.

5 Conclusion

Tout au long de ce travail, nous avons exploré une question en apparence simple, mais aux implications biologiques et mathématiques profondes : une espèce dépourvue de tout mécanisme de navigation peut-elle espérer survivre si sa reproduction dépend exclusivement de son retour au lieu de naissance ?

Pour y répondre, nous avons commencé par ancrer notre réflexion dans des exemples concrets issus du monde vivant, tels que les migrations impressionnantes des saumons ou des tortues marines. Ces espèces, capables de retrouver leur site de naissance après de longues distances parcourues, mobilisent des capacités de navigation remarquablement sophistiquées. À travers ces exemples, nous avons posé le cadre biologique qui sous-tend notre problématique.

Nous avons ensuite construit un modèle simplifié mais pertinent, basé sur une marche aléatoire unidimensionnelle sur l'ensemble des entiers relatifs \mathbb{Z} . À chaque étape, les individus se déplacent soit vers la droite avec une probabilité p , soit vers la gauche avec une probabilité $1 - p$, tout en survivant avec une probabilité α . Ce choix de modélisation permet un bon équilibre entre accessibilité mathématique et richesse dynamique.

Sur le plan théorique, nous avons mis en évidence que la survie de l'espèce dépend de manière cruciale de l'interaction entre deux paramètres fondamentaux :

- la probabilité de survie α ;
- la tendance directionnelle des déplacements, contrôlée par le paramètre p .

Grâce à l'analyse conjointe des processus de branchement et des propriétés de retour d'une marche aléatoire, nous avons pu établir l'existence d'une valeur critique $\alpha_c = \frac{\sqrt{3}}{2}$, au-delà de laquelle la probabilité de survie devient strictement positive. En dessous de ce seuil, l'extinction de l'espèce est certaine. Ce résultat s'inscrit également dans le cadre plus général des processus de branchement : lorsqu'un individu génère en moyenne un seul descendant ou moins, l'extinction est inévitable ; en revanche, un taux de reproduction moyen strictement supérieur à un permet l'espoir d'une survie.

Pour renforcer ces résultats, nous avons mené des simulations numériques qui ont confirmé et illustré les conclusions théoriques. Lorsque le mouvement est symétrique ($p = 0.5$), les conditions de retour sont favorables, et la survie est facilitée. À l'inverse, plus le mouvement devient asymétrique, plus la probabilité de retour décroît, et l'espèce doit alors compenser par une longévité accrue (valeur élevée de α) pour conserver une chance de survie. Ces observations confirment l'intuition selon laquelle un déplacement déséquilibré éloigne l'individu du point de naissance, rendant la reproduction beaucoup plus difficile.

Au-delà des résultats obtenus, ce travail a permis de mettre en lumière comment des modèles mathématiques relativement simples peuvent capturer des phénomènes biologiques complexes. Il illustre de manière concrète l'apport des probabilités, des processus stochastiques et de la simulation numérique à la compréhension des dynamiques de survie dans des environnements incertains.

Ce projet ouvre également des pistes de recherche intéressantes. Il serait notamment pertinent d'étendre ce modèle à des environnements multidimensionnels, où le retour au point d'origine devient encore plus rare, ou d'y intégrer des formes de navigation partielle, telles que la mémoire des trajectoires ou l'utilisation de repères environnementaux. Ces extensions permettraient d'enrichir notre compréhension des stratégies évolutives développées par les espèces face aux contraintes de dispersion spatiale.

En définitive, ce travail nous a permis de relier de manière concrète la théorie probabiliste à une problématique biologique réelle, tout en développant des compétences transversales

en modélisation mathématique, simulation informatique et travail collaboratif. Au-delà des résultats spécifiques, cette expérience a été l'occasion d'appréhender la richesse et la complexité des dynamiques de survie dans un monde régi par l'incertitude.

Références

- [1] SCHINAZI R., Can a rudderless species survive ?, 22 Mars 2024, <https://doi.org/10.48550/arXiv.2403.13874>
- [2] LEBENSZTAYN E. et PEREIRA V., On Random Walks with Geometric Lifetimes, 01 Juillet 2022, <https://doi.org/10.1080/00029890.2023.2274783>

Annexes

Fonction marche_aleatoire

```
1 def marche_aleatoire(p, alpha, steps, simulations):
2
3     survivants = []
4
5     for _ in range(simulations):
6         positions = [0] # Population initiale à l'origine
7         traj = [len(positions)] # Stocke l'évolution de la
            population
8
9         for _ in range(steps):
10             new_positions = []
11             for pos in positions:
12                 if np.random.rand() < alpha: # Survie
13                     new_pos = pos + (1 if np.random.rand() < p else
                        -1)
14                     new_positions.append(new_pos)
15
16                     if new_pos == 0: # Reproduction à l'origine
17                         new_positions.append(new_pos)
18
19             positions = new_positions # Mise à jour de la
                population
20             traj.append(len(positions))
21
22             if len(positions) == 0:
23                 break # Arrêt si toute la population disparaît
24
25             survivants.append(traj)
26
27     return survivants
```

Fonction trouver_alpha_critique

```
1 def trouver_alpha_critique(p, steps, simulations, precision):
2
3     alpha = 0.5 # Point de départ pour la recherche
4
5     while alpha < 1.0:
6         survivants = marche_aleatoire(p, alpha, steps, simulations)
7         if any(len(traj) == steps + 1 and traj[-1] > 0 for traj in
            survivants): # Il existe au moins une population qui a
                survécu
8             return alpha
9         alpha += precision # Augmente alpha progressivement
10
11     return 1.0 # Si aucune valeur trouvée, alpha critique est 1.0
```


Résultats

```
▷ ▾  
# Paramètres  
p = 0.5  
steps = 10000  
simulations = 1000  
precision = 0.001  
  
alpha_c = trouver_alpha_critique(p, steps, simulations, precision)  
print(f"p = {p:.3f} -> alpha_critique = {alpha_c:.3f}")  
[2] ✓ 20.2s  
... p = 0.500 -> alpha_critique = 0.866
```