



AIX-MARSEILLE UNIVERSITÉ

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

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	Résultats du TER	2
1.4	Objectifs du stage	3
2	Améliorations de la marche 1D	4
2.1	Cas de la reproduction aléatoire	4
2.1.1	Choix de la loi	4
2.1.2	Simulations	4
2.1.3	Partie théorique	6
2.2	Probabilité de décès évoluant avec l'âge	9
2.2.1	Choix de la loi	9
2.2.2	Conditions sur les paramètres pour la survie	10
3	Marches aléatoires 2D	13
3.1	Caractérisation des marches aléatoires 2D récurrentes	13
3.1.1	Définitions	13
3.1.2	Réurrence	13
3.1.3	Unicité pour la récurrence des marches aléatoires 2D	15
3.2	Critère de survie dans le cas général	18
3.2.1	Outils mathématiques	18
3.2.2	Démonstration	20
3.3	Marches aléatoires 2D permettant la survie	22
3.3.1	Lien entre probabilité de retour et fonction de Green	22
3.3.2	Simulations	23
4	Conclusion	26

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 Résultats du TER

Dans le cadre du Travail Encadré de Recherche, nous avons abordé cette problématique en nous appuyant sur l’article *On Random Walks with Geometric Lifetimes* de Elcio Lebensztayn et Vincenzo Pereira [1]. Cet article propose une formalisation du comportement d’un individu à travers une chaîne de Markov à temps discret décrivant ses 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.

Nous avons alors obtenu deux résultats principaux : la survie est possible si, et seulement si, $\alpha > \frac{\sqrt{3}}{2}$ et $\frac{1}{4} < p < \frac{3}{4}$.

1.4 Objectifs du stage

Le modèle étudié lors du TER constitue une première approche pertinente pour analyser les dynamiques de survie, mais il présente certaines limites. L'objectif de ce stage est donc d'enrichir ce modèle afin de le rendre plus représentatif des mécanismes biologiques réels. Nous commencerons par améliorer la représentation de la reproduction, en introduisant une part d'aléa dans le nombre de nouveaux individus produits à chaque retour à l'origine. Nous modifierons ensuite la probabilité de survie α , en la faisant décroître avec l'âge, afin de mieux modéliser la durée de vie des individus. Enfin, nous étendrons le modèle aux marches aléatoires en deux dimensions, ce qui permettra une modélisation plus réaliste des déplacements dans l'espace.

2 Améliorations de la marche 1D

2.1 Cas de la reproduction aléatoire

Nous nous intéressons désormais à un cas où, lors d'un retour à l'origine, un individu ne donne plus naissance à un unique descendant, mais à un nombre variable de descendants, selon une certaine loi de probabilité. Nous commencerons par justifier le choix de cette loi, puis nous réaliserons des simulations afin d'analyser son influence sur la valeur critique de α . Enfin, nous chercherons à retrouver ces résultats par un raisonnement théorique.

2.1.1 Choix de la loi

Pour choisir cette loi, reprenons les hypothèses biologiques de départ. Ce modèle s'inspire d'espèces comme les tortues ou les saumons, qui retournent sur leur lieu de naissance pour se reproduire. Ces espèces pondent un très grand nombre d'œufs, chacun ayant une probabilité très faible de donner naissance à un individu vivant.

Si cette probabilité est indépendante pour chaque œuf, alors le nombre d'enfants vivants X suit une loi binomiale :

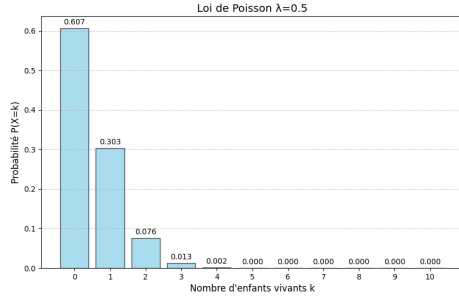
$$X \sim \text{Bin}(N, p),$$

où N est le nombre d'œufs, et p la probabilité qu'un œuf donne naissance à un individu vivant.

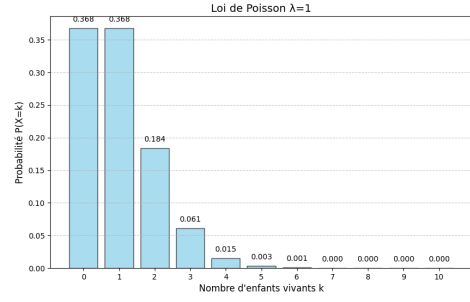
Or, lorsque N est grand et p très petit (ce qui correspond bien à notre cas), la loi binomiale converge vers une loi de Poisson de paramètre $\lambda = Np$. Ainsi, nous choisissons de modéliser le nombre d'enfants produits à chaque retour à l'origine par une loi de Poisson d'espérance λ .

2.1.2 Simulations

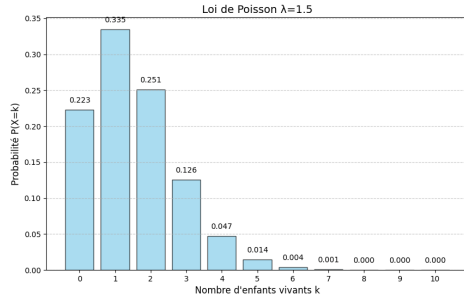
Afin d'étudier l'effet du paramètre λ sur la valeur critique de α , en dessous de laquelle la survie est impossible, nous réalisons plusieurs simulations. Pour rester dans un cadre biologiquement plausible, nous testons les valeurs suivantes : $\lambda = 0.5$, $\lambda = 1$, $\lambda = 1.5$ et $\lambda = 2$.



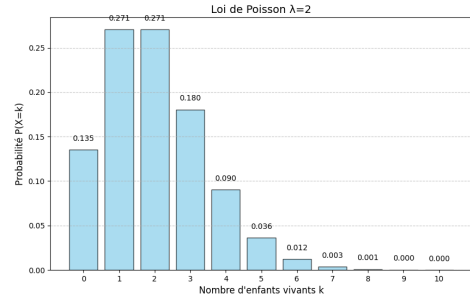
(a) $\lambda = 0.5$



(b) $\lambda = 1$



(c) $\lambda = 1.5$



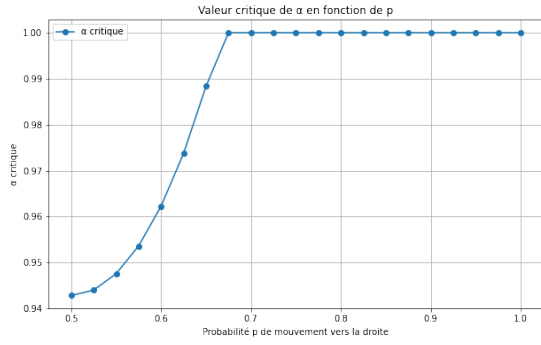
(d) $\lambda = 2$

FIGURE 1 – Répartitions des valeurs pour des lois Poisson(λ), pour différentes valeurs de λ

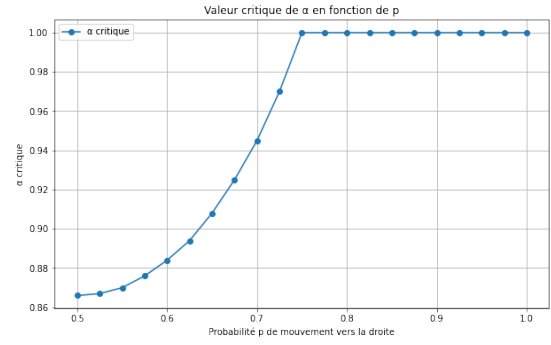
Pour réaliser ces simulations, nous réutilisons le code développé dans le cas d'une reproduction avec un unique descendant. Nous y apportons une seule modification : le nombre d'individus ajoutés à la population lors d'un retour à l'origine.

Nous introduisons pour cela un nouveau paramètre `l`, représentant l'espérance λ de la loi de Poisson. À l'aide de la fonction `poisson` du module `scipy.stats`, nous simulons alors un nombre de descendants `nb_descendants` selon une loi de Poisson de paramètre `l` (voir code en annexe).

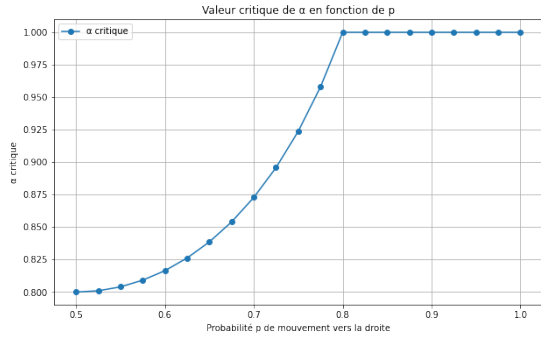
En faisant varier ce paramètre `l`, nous obtenons les graphiques suivants :



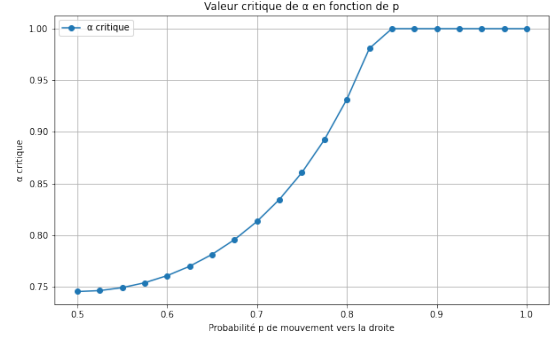
(a) $\lambda = 0.5$



(b) $\lambda = 1$



(c) $\lambda = 1.5$



(d) $\lambda = 2$

FIGURE 2 – Valeur critique de α en fonction de p , pour différentes valeurs de λ

On observe que plus l'espérance λ est faible, plus l'intervalle de valeurs de p permettant la survie est restreint. De plus, à p fixé, une valeur plus faible de λ nécessite une valeur plus élevée de α pour assurer la survie.

Cela est intuitivement cohérent : plus un individu a de chances d'avoir de nombreux descendants, plus l'espèce a de chances de survivre, autrement dit, plus il existe de couples (p, α) assurant la survie.

Notons que, lorsque $\lambda = 1$, le graphique obtenu est identique à celui du cas avec un seul descendant par retour à l'origine, ce qui est logique puisque dans les deux cas, l'espérance du nombre de descendants est égale à 1.

Nous allons maintenant chercher à retrouver ces résultats de manière théorique et à exprimer la probabilité de survie en fonction des paramètres λ , p et α .

2.1.3 Partie théorique

Soient $\lambda > 0$, $p \in [0, 1]$ et $\alpha \in [0, 1[$. On note :

- $\psi(\lambda, p, \alpha)$: la probabilité d'extinction,
- $\theta(\lambda, p, \alpha) = 1 - \psi(\lambda, p, \alpha)$: la probabilité de survie, c'est-à-dire la probabilité que l'espèce ne s'éteigne jamais,
- $\mu(\lambda, p, \alpha)$: le nombre moyen de descendants directs par individu (c'est-à-dire les descendants qu'il a engendrés lui-même, sans compter ses "petits-enfants").

Il a été établi lors du TER que le nombre moyen de retours à l'origine par individu est donné par :

$$\frac{1}{\sqrt{1-4x}} - 1,$$

où $x = \alpha^2 p(1-p)$.

Le nombre moyen de descendants par individu, μ , correspond alors au produit du nombre moyen de retours à l'origine par le nombre moyen de descendants par retour. Or, puisque le nombre de descendants lors d'un retour à l'origine suit une loi Poisson(λ), ce nombre moyen est l'espérance de cette loi, soit λ . On en déduit :

$$\mu(\lambda, p, \alpha) = \lambda \left(\frac{1}{\sqrt{1-4x}} - 1 \right).$$

Par ailleurs, il a également été démontré que la survie de l'espèce est possible si, et seulement si, $\mu(\lambda, p, \alpha) > 1$. Résolvons cette inéquation :

$$\mu(\lambda, p, \alpha) > 1 \Leftrightarrow \frac{1}{\sqrt{1-4x}} - 1 > \frac{1}{\lambda} \Leftrightarrow \sqrt{1-4x} < \frac{\lambda}{1+\lambda}.$$

Cela équivaut à :

$$1-4x < \frac{\lambda^2}{(1+\lambda)^2} \Leftrightarrow 4x > \frac{2\lambda+1}{(1+\lambda)^2} \Leftrightarrow \alpha^2 p(1-p) > \frac{2\lambda+1}{4(1+\lambda)^2}.$$

Nous cherchons alors les valeurs de p pour lesquelles la survie est possible. Étant donné que $\alpha \in [0, 1]$, on a :

$$\alpha^2 p(1-p) > \frac{2\lambda+1}{4(1+\lambda)^2} \Rightarrow p(1-p) > \frac{2\lambda+1}{4(1+\lambda)^2} \Leftrightarrow -p^2 + p - \frac{2\lambda+1}{4(1+\lambda)^2} > 0.$$

Cherchons donc les racines du polynôme $-p^2 + p - \frac{2\lambda+1}{4(1+\lambda)^2}$. Son discriminant est :

$$\Delta = 1 - 4 \cdot \frac{2\lambda+1}{4(1+\lambda)^2} = \frac{(1+\lambda)^2 - (2\lambda+1)}{(1+\lambda)^2} = \frac{\lambda^2}{(1+\lambda)^2}.$$

Les racines sont alors :

$$p_1 = \frac{-1 + \frac{\lambda}{1+\lambda}}{-2} = \frac{1}{2(1+\lambda)} \quad \text{et} \quad p_2 = \frac{-1 - \frac{\lambda}{1+\lambda}}{-2} = \frac{1+2\lambda}{2(1+\lambda)}.$$

Le coefficient du terme de degré 2 étant strictement négatif, le polynôme est positif entre ses deux racines, et négatif en dehors. Ainsi, l'inéquation est vérifiée si :

$$p \in \left] \frac{1}{2(1+\lambda)}, \frac{1+2\lambda}{2(1+\lambda)} \right[.$$

La survie de l'espèce est donc possible uniquement si :

$$p \in \left] \frac{1}{2(1+\lambda)}, \frac{1+2\lambda}{2(1+\lambda)} \right[.$$

Dans le cas particulier où $\lambda = 1$, on retrouve bien le résultat observé dans le cas d'un modèle de reproduction avec un seul descendant : la survie est possible si $p \in \left] \frac{1}{4}, \frac{3}{4} \right[$.

Pour d'autres valeurs de λ , on obtient :

$$\lambda = 0.5 \Rightarrow p \in \left] \frac{1}{3}, \frac{2}{3} \right[\approx]0.333, 0.667[$$

$$\begin{aligned}\lambda = 1.5 &\Rightarrow p \in \left] \frac{1}{5}, \frac{4}{5} \right[=]0.2, 0.8[\\ \lambda = 2 &\Rightarrow p \in \left] \frac{1}{6}, \frac{5}{6} \right[\approx]0.167, 0.833[\end{aligned}$$

Ces différents résultats confirment les observations graphiques réalisées lors des simulations (voir Figure 2).

Nous cherchons maintenant à exprimer la valeur critique de α en fonction des deux autres paramètres. La survie est possible si et seulement si :

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

La valeur critique de α , notée α_c , en dessous de laquelle la survie est impossible, est donc :

$$\alpha_c = \frac{\sqrt{2\lambda + 1}}{2(1+\lambda)\sqrt{p(1-p)}}.$$

Dans le cas $\lambda = 1$, on retrouve bien le résultat obtenu lors du TER :

$$\alpha_c = \frac{\sqrt{3}}{4\sqrt{p(1-p)}}.$$

Pour d'autres valeurs de λ , on obtient les résultats suivants. En prenant $p = \frac{1}{2}$:

$$\begin{aligned}\lambda = 0.5 &\Rightarrow \alpha_c = \frac{\sqrt{2}}{1.5} \approx 0.943 \\ \lambda = 1.5 &\Rightarrow \alpha_c = \frac{\sqrt{4}}{2.5} = 0.8 \\ \lambda = 2 &\Rightarrow \alpha_c = \frac{\sqrt{5}}{3} \approx 0.745 \end{aligned}$$

Ces résultats correspondent bien aux valeurs observées graphiquement dans la Figure 2. Les calculs théoriques confirment donc nos simulations.

Nous allons à présent exprimer la probabilité de survie θ en fonction des trois paramètres λ , p et α . D'après les résultats obtenus lors du TER, cette probabilité s'écrit :

$$\theta(\lambda, p, \alpha) = 1 - \frac{1}{\mu(\lambda, p, \alpha)}.$$

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

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

On retrouve à nouveau exactement la même expression que celle obtenue dans le TER pour le cas $\lambda = 1$.

L'introduction d'une reproduction aléatoire nous a permis d'enrichir ce modèle par l'ajout d'un nouveau paramètre, rendant ainsi la modélisation plus proche de la réalité biologique. Les différentes observations confirment l'intuition : plus l'espérance de la loi régissant la reproduction est élevée, plus les chances de survie de l'espèce augmentent.

2.2 Probabilité de décès évoluant avec l'âge

Dans les simulations précédentes, la probabilité de survie à chaque étape, notée α , était supposée constante, indépendamment du rang de l'étape dans la marche aléatoire. Afin de mieux représenter les dynamiques biologiques réelles, nous faisons désormais évoluer cette probabilité α au cours du temps, de manière à ce qu'elle décroisse avec le nombre d'étapes.

Dans cette partie, nous reviendrons à une reproduction simple à l'origine — comme cela avait été fait lors du TER — afin de limiter le nombre de paramètres influençant la possibilité de survie. Nous commencerons par justifier le choix de la loi de décroissance, avant d'estimer, par des simulations, les conditions sur les paramètres permettant la survie.

2.2.1 Choix de la loi

Soit t l'étape actuelle de l'individu. On introduit alors une fonction $\alpha(t)$, représentant la probabilité de survie à cette étape.

En nous appuyant sur des travaux existants [2] et dans un souci de réalisme biologique, nous faisons le choix d'une loi de Makeham discrète (car notre marche se fait sur \mathbb{Z}). Cette loi s'écrit :

$$\alpha(t) = \exp(-A - BC^t) \quad \text{où } A > 0, \quad B > 0, \quad C > 1.$$

La probabilité de survie $\alpha(t)$ dépend désormais de trois paramètres :

- Le paramètre A , constant avec l'âge, modélise la mortalité accidentelle indépendante de l'âge. Il est généralement très faible dans la plupart des espèces.
- Le paramètre B ajuste l'intensité de la mortalité liée à l'âge, et contrôle l'impact de la croissance exponentielle du terme C^t . Il est lui aussi souvent faible.
- Le paramètre C modélise l'augmentation exponentielle de la mortalité avec l'âge. Sa valeur typique est comprise entre 1 et 10 : elle est proche de 1 pour les espèces à longue durée de vie, et proche de 10 pour celles ayant une espérance de vie courte.

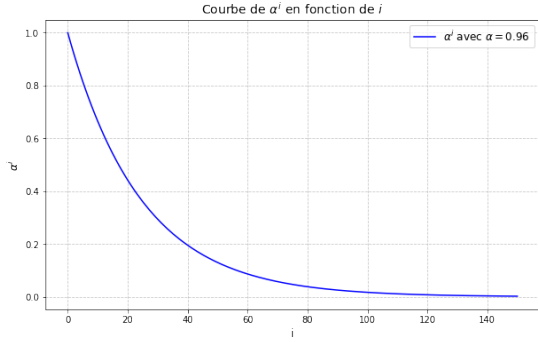
Soit τ la durée de vie d'un individu. On a alors :

$$\mathbb{P}(\tau \geq i) = \prod_{t=0}^{i-1} \alpha(t) = \prod_{t=0}^{i-1} \exp(-A - BC^t) = \exp\left(-\sum_{t=0}^{i-1} A + BC^t\right) = \exp\left(-Ai - B\frac{C^i - 1}{C - 1}\right)$$

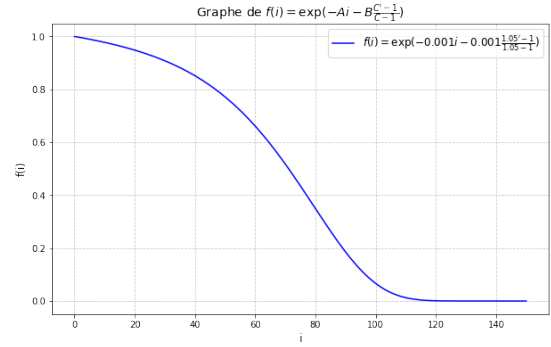
Pour une espèce comme les tortues marines, connues pour leur grande longévité, on peut fixer :

$$A = 0.001, \quad B = 0.001, \quad C = 1.05.$$

On obtient alors la courbe suivante représentant la probabilité que la durée de vie d'un individu dépasse i :



(a) Probabilité de survie constante



(b) Probabilité de survie évoluant avec l'âge

FIGURE 3 – Probabilité qu'un individu vive plus longtemps que l'âge i en abscisses

On observe que la courbe de droite, associée à une loi de Makeham discrète, fournit une modélisation plus réaliste de la durée de vie.

2.2.2 Conditions sur les paramètres pour la survie

Le nombre moyen de descendants par individu, noté μ , s'écrit :

$$\mu(A, B, C) = \sum_{i=1}^{+\infty} \mathbb{P}(\tau \geq i) \cdot \mathbb{P}(S_i = 0)$$

Dans le cadre de la marche aléatoire sur \mathbb{Z} , la probabilité de retour en 0 s'écrit, pour $i = 2j$:

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

Ainsi, on obtient :

$$\mu(A, B, C) = \sum_{j=1}^{+\infty} \exp\left(-2Aj - B \frac{C^{2j} - 1}{C - 1}\right) \binom{2j}{j} (p(1-p))^j$$

La survie est possible si et seulement si $\mu(A, B, C) > 1$.

Nous allons donc chercher les triplets (A, B, C) rendant cette condition vraie. Pour ce faire, nous utilisons un code *Python* afin d'estimer μ pour différentes valeurs de ces paramètres.

- Nous choisissons $j_{\max} = 200$, car au-delà de $2j = 400$ étapes, la probabilité de survie devient négligeable.
- Nous fixons $p = \frac{1}{2}$, correspondant au cas d'une marche symétrique.

Nous calculons ensuite μ et repérons les zones où $\mu > 1$. Dans un premier temps, nous fixons successivement les paramètres à de faibles valeurs pour cerner leurs plages de variation compatibles avec la survie (voir code en annexes). Cela donne les graphiques suivants :

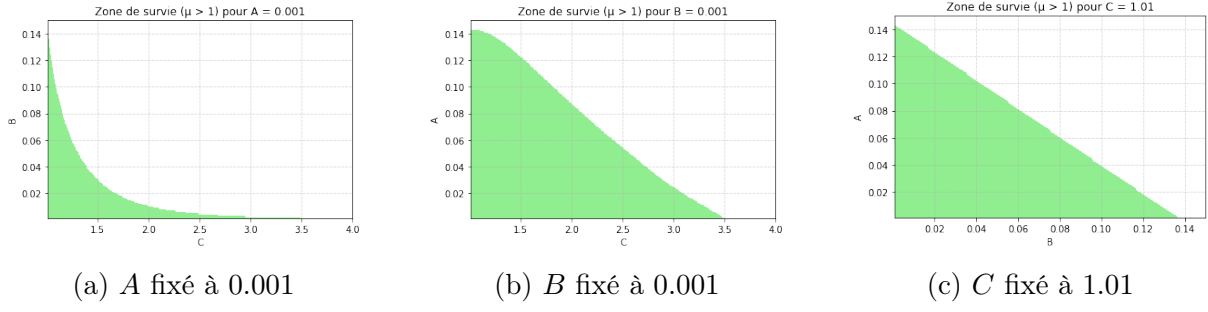


FIGURE 4 – Zone (en vert) où la survie est possible selon le paramètre fixé

Dans la suite, nous limiterons donc l'étude aux plages suivantes :

$$A \in [0.001, 0.150], \quad B \in [0.001, 0.150], \quad C \in [1.01, 4.00].$$

En faisant varier p , on retrouve la condition classique de survie : $\frac{1}{4} < p < \frac{3}{4}$. Comme on le voit sur la Figure 5, il n'y a plus aucune zone verte (où $\mu > 1$) pour $p = 0.75$, tandis qu'il en reste encore pour $p = 0.74$.

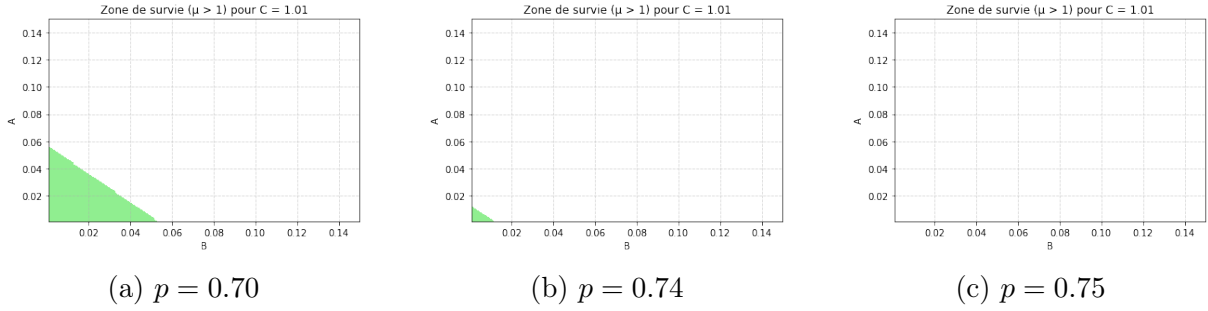


FIGURE 5 – Zone de survie pour différentes valeurs de p

Enfin, pour visualiser les triplets (A, B, C) compatibles avec la survie dans le cas symétrique, nous faisons varier les trois paramètres dans les plages précédemment mentionnées. On obtient les graphiques suivants :

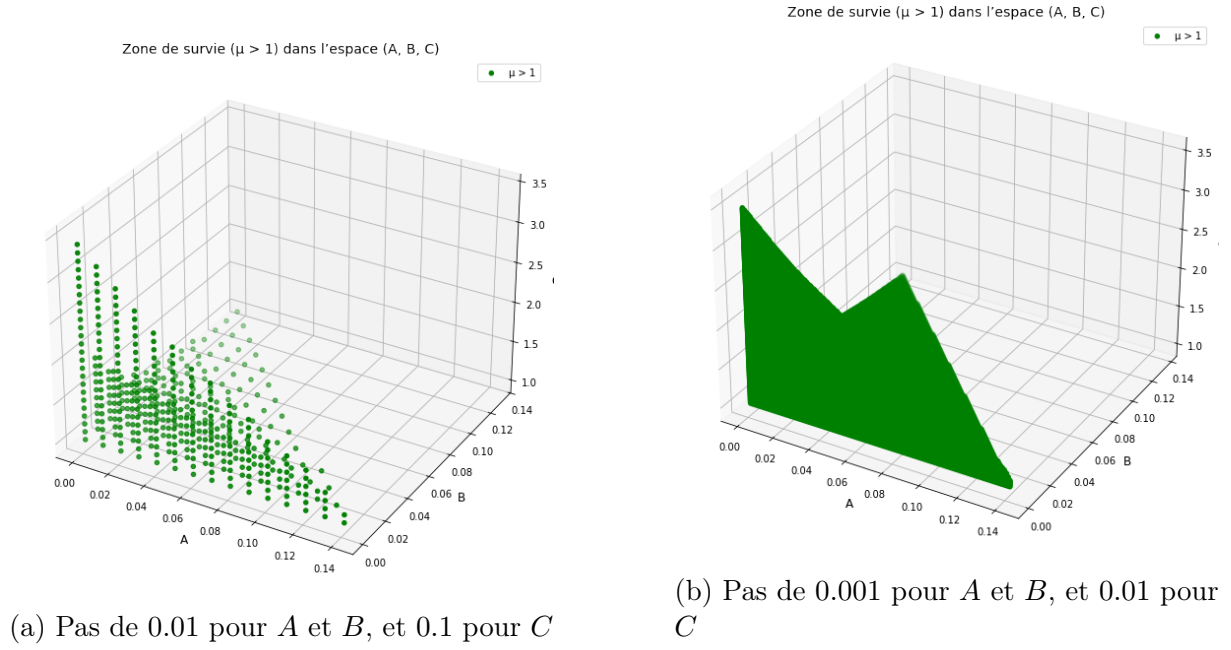


FIGURE 6 – Triplets (en vert) pour lesquels la survie est possible

Une représentation en isosurfaces permet également d'illustrer les frontières de ces zones de survie.

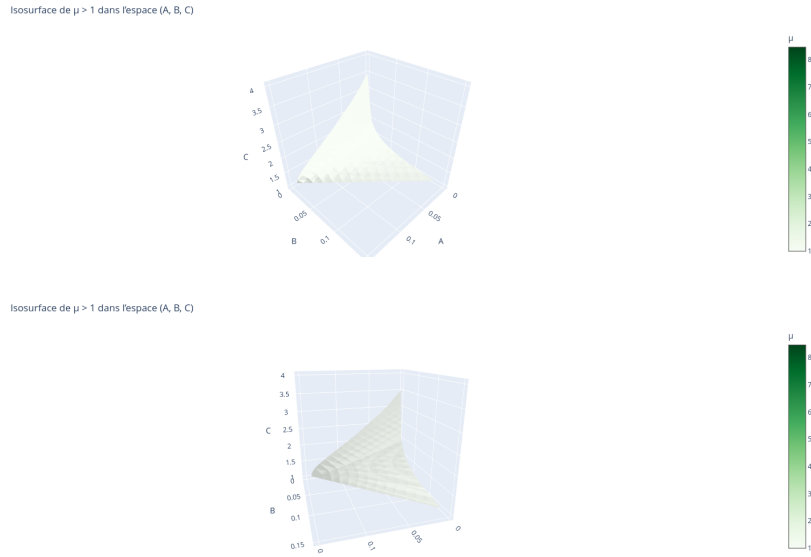


FIGURE 7 – Isosurfaces de la zone de survie

On confirme ainsi que la survie est uniquement possible pour des valeurs de A et B inférieures à 0.15 et C inférieure à 3.50. Même dans le cas symétrique, peu de combinaisons (A, B, C) permettent à l'espèce de survivre même si cette approche laisse tout de même plus de possibilités de survie que l'approche avec un α constant au cours du temps.

3 Marches aléatoires 2D

Après avoir proposé des pistes d'amélioration pour le modèle de marche aléatoire en une dimension, nous nous intéressons à présent à son extension en deux dimensions en considérant une reproduction simple à l'origine et une probabilité de survie α constante au cours du temps. Dans ce cadre, nous étudions le comportement de marches aléatoires 2D, où un individu se déplace avec une probabilité a vers le haut, b vers la droite, c vers le bas et d vers la gauche, sous la contrainte $a+b+c+d = 1$. Cette modélisation bidimensionnelle permet de mieux représenter les déplacements des individus dans un environnement plus proche de la réalité biologique.

Nous commencerons par identifier les marches récurrentes en 2D, la récurrence garantissant une possibilité de survie pour l'espèce. Nous chercherons ensuite à établir un critère général permettant de déterminer si la survie est possible pour une marche donnée, quel que soit son type. Enfin, nous appuierons notre analyse par des simulations afin d'identifier les marches 2D satisfaisant ce critère, c'est-à-dire celles pour lesquelles la survie est possible, y compris au-delà des seules marches récurrentes.

3.1 Caractérisation des marches aléatoires 2D récurrentes

3.1.1 Définitions

On considère deux marches aléatoires simples symétriques sur \mathbb{Z} :

- Une marche horizontale $(\tilde{X}_k)_{k \in \mathbb{N}}$, avec des sauts de $+1$ ou -1 chacun de probabilité $1/2$,
- Une marche verticale $(\tilde{Y}_\ell)_{\ell \in \mathbb{N}}$, de même loi que \tilde{X} .

On construit une marche aléatoire $(Z_n)_{n \in \mathbb{N}}$ à valeurs dans \mathbb{Z}^2 définie comme suit :

- À chaque instant n , on choisit de se déplacer sur l'axe horizontal avec probabilité $p \in [0, 1]$, et sur l'axe vertical avec probabilité $1 - p$,
- On effectue ensuite un déplacement de ± 1 dans la direction choisie, avec probabilité $1/2$ pour chaque sens.

La position au temps n est alors notée $Z_n = (X_n, Y_n)$. On note $N_n^{(X)}$ le nombre de fois où la direction horizontale a été choisie entre les instants 0 et $n - 1$.

Au temps n , conditionnellement à $N_n^{(X)} = k$, on a :

$$Z_n = (\tilde{X}_k, \tilde{Y}_{n-k}).$$

Notre objectif est de montrer que la marche Z_n est récurrente, c'est-à-dire qu'elle retourne à l'origine avec probabilité 1, et ce, une infinité de fois.

3.1.2 Récurrence

On se place au temps $2n$ (pair, pour que le retour à zéro soit possible sur \mathbb{Z}). Alors :

$$\mathbb{P}(Z_{2n} = (0, 0)) = \sum_{k=0}^{2n} \mathbb{P}(N_{2n}^{(X)} = k) \cdot \mathbb{P}(\tilde{X}_k = 0) \cdot \mathbb{P}(\tilde{Y}_{2n-k} = 0).$$

- $N_{2n}^{(X)} \sim \text{Bin}(2n, p)$, variable binomiale de paramètres $2n$ et p ,

— Pour k pair, la probabilité que $\tilde{X}_k = 0$ est donnée par :

$$\mathbb{P}(\tilde{X}_k = 0) = \binom{k}{k/2} \cdot 2^{-k}.$$

En utilisant le développement de Stirling :

$$\binom{k}{k/2} \sim \frac{2^k}{\sqrt{\pi k/2}}, \quad \text{d'où} \quad \mathbb{P}(\tilde{X}_k = 0) \sim \sqrt{\frac{2}{\pi}} \cdot \frac{1}{\sqrt{k}} =: \frac{c_1}{\sqrt{k}}.$$

Avec $c_1 = \sqrt{2/\pi}$.

— De même :

$$\mathbb{P}(\tilde{Y}_{2n-k} = 0) \sim \frac{c_2}{\sqrt{2n-k}}, \quad \text{avec } c_2 = \sqrt{2/\pi}.$$

— Pour la loi binomiale : par le théorème local de la limite centrale,

$$\mathbb{P}(N_{2n}^{(X)} = k) \sim \frac{1}{\sqrt{2\pi \cdot 2n \cdot p(1-p)}} = \frac{1}{\sqrt{4\pi np(1-p)}} = \frac{c_3}{\sqrt{n}},$$

$$\text{avec } c_3 = \frac{1}{\sqrt{4\pi p(1-p)}}.$$

Considérons un intervalle centré en $2np$, c'est-à-dire autour de l'espérance de $N_{2n}^{(X)}$. Fixons $\delta > 0$ petit et posons :

$$I_n = \{k \in [2np - \delta n, 2np + \delta n] \cap 2\mathbb{N}\}.$$

Pour tout $k \in I_n$, on a $k = \mathcal{O}(n)$, $2n - k = \mathcal{O}(n)$, et :

$$\begin{aligned} \mathbb{P}(\tilde{X}_k = 0) &\sim \frac{c_1}{\sqrt{k}} \sim \frac{c_1}{\sqrt{2np}} \sim \frac{c'_1}{\sqrt{n}}, \quad \text{avec } c'_1 = \frac{c_1}{\sqrt{2p}}, \\ \mathbb{P}(\tilde{Y}_{2n-k} = 0) &\sim \frac{c_2}{\sqrt{2n-k}} \sim \frac{c_2}{\sqrt{2n(1-p)}} \sim \frac{c'_2}{\sqrt{n}}, \quad \text{avec } c'_2 = \frac{c_2}{\sqrt{2(1-p)}}, \\ \mathbb{P}(N_{2n}^{(X)} = k) &\sim \frac{c_3}{\sqrt{n}}. \end{aligned}$$

Le produit des trois termes donne :

$$\mathbb{P}(N_{2n}^{(X)} = k) \cdot \mathbb{P}(\tilde{X}_k = 0) \cdot \mathbb{P}(\tilde{Y}_{2n-k} = 0) \sim \frac{c_3 \cdot c'_1 \cdot c'_2}{n^{3/2}} =: \frac{c_4}{n^{3/2}}.$$

avec

$$c_4 = \frac{c_1 c_2 c_3}{\sqrt{2p} \sqrt{2(1-p)}} = \frac{2/\pi}{\sqrt{4\pi p(1-p)} \cdot \sqrt{4p(1-p)}} = \frac{1}{\sqrt{4\pi^3 p^2 (1-p)^2}} > 0.$$

L'intervalle I_n contient $\sim \delta n$ entiers pairs. Donc :

$$\mathbb{P}(Z_{2n} = (0, 0)) \geq \sum_{k \in I_n} \frac{c_4}{n^{3/2}} \sim \delta n \cdot \frac{c_4}{n^{3/2}} = \delta c_4 \cdot \frac{1}{\sqrt{n}} =: \frac{c_5}{\sqrt{n}},$$

$$\text{où } c_5 = \delta \cdot \frac{1}{\sqrt{4\pi^3 p^2 (1-p)^2}} > 0.$$

On obtient :

$$\sum_{n=1}^{\infty} \mathbb{P}(Z_{2n} = (0, 0)) \geq \sum_{n=1}^{\infty} \frac{c_5}{\sqrt{n}} = +\infty,$$

puisque la série $\sum 1/\sqrt{n}$ diverge et $c_5 > 0$.

Par le critère de récurrence (critère de divergence des probabilités de retour), on conclut que la marche Z_n est récurrente.

3.1.3 Unicité pour la récurrence des marches aléatoires 2D

On veut maintenant montrer que les marches définies comme précédemment sont les seules et uniques marches 2D récurrentes pour des déplacements de pas 1 dans les directions cardinales. On va donc supposer ici que l'une des deux composantes, disons (X_n) , possède une dérive non nulle.

On considère une suite de variables aléatoires $(\xi_k)_{k \geq 1}$, i.i.d., à valeurs dans $\{-1, 0, +1\}$, définies par :

$$\mathbb{P}(\xi_k = +1) = b, \quad \mathbb{P}(\xi_k = -1) = d, \quad \mathbb{P}(\xi_k = 0) = 1 - b - d, \quad \text{avec } b \neq d.$$

On pose :

$$\mu = \mathbb{E}[\xi_k] = b - d, \quad \sigma^2 = \text{Var}(\xi_k) = \mathbb{E}[\xi_k^2] - \mu^2 = b + d - (b - d)^2.$$

Définissons la somme partielle :

$$X_n = \sum_{k=1}^n \xi_k.$$

On cherche à majorer la probabilité que X_n prenne une valeur entière donnée $k \in \mathbb{Z}$, c'est-à-dire $\mathbb{P}(X_n = k)$.

La loi de X_n peut être obtenue via sa fonction caractéristique $\phi_n(t) = \mathbb{E}[e^{itX_n}]$, qui vérifie :

$$\phi_n(t) = (\phi(t))^n, \quad \text{où } \phi(t) = \mathbb{E}[e^{it\xi_1}].$$

La formule d'inversion discrète donne, pour tout $k \in \mathbb{Z}$:

$$\mathbb{P}(X_n = k) = \frac{1}{2\pi} \int_{-\pi}^{\pi} e^{-itk} \phi(t)^n dt.$$

En effectuant un développement limité de $\phi(t)$ autour de $t = 0$, on obtient, sous l'hypothèse $\mathbb{E}[\xi_1^2] < \infty$:

$$\phi(t) = 1 + i\mu t - \frac{\sigma^2 t^2}{2} + o(t^2).$$

On s'intéresse à l'expression de $\phi(t)^n$ lorsque n est grand et t est petit. On utilise l'approximation classique :

$$(1 + \varepsilon_n)^n \approx \exp(n\varepsilon_n),$$

valable lorsque $\varepsilon_n \rightarrow 0$. En posant :

$$\varepsilon_n(t) = i\mu t - \frac{\sigma^2 t^2}{2} + o(t^2),$$

on obtient :

$$\phi(t)^n = (1 + \varepsilon_n(t))^n \approx \exp(n\varepsilon_n(t)).$$

On en déduit :

$$\phi(t)^n \approx \exp\left(iu\mu\sqrt{n} - \frac{u^2\sigma^2}{2}\right).$$

Dès lors, dans un voisinage de 0, on peut approximer l'intégrale :

$$\int_{-\delta}^{\delta} e^{-itk} \phi(t)^n dt \approx \int_{-\delta}^{\delta} e^{-it(k-n\mu)} e^{-\frac{n\sigma^2}{2}t^2} dt.$$

Par changement de variable $u = \sqrt{n}t$, on obtient :

$$\int_{-\delta}^{\delta} e^{-it(k-n\mu)} e^{-\frac{n\sigma^2}{2}t^2} dt = \frac{1}{\sqrt{n}} \int_{-\delta\sqrt{n}}^{\delta\sqrt{n}} e^{-iu \cdot \frac{k-n\mu}{\sqrt{n}}} e^{-\frac{\sigma^2}{2}u^2} du.$$

On pose $x = \frac{k-n\mu}{\sqrt{n}}$. Cette expression peut alors être réécrite sous la forme :

$$\frac{1}{\sqrt{n}} \int_{-\delta\sqrt{n}}^{\delta\sqrt{n}} e^{-iux} \cdot e^{-\frac{\sigma^2}{2}u^2} du.$$

On reconnaît ici l'intégrale de Fourier de la fonction $u \mapsto e^{-\frac{\sigma^2}{2}u^2}$, évaluée en x . Or, cette fonction est la transformée de Fourier de la densité f de la loi normale $\mathcal{N}(0, \sigma^2)$, qui s'écrit :

$$f(x) = \frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} \exp\left(-\frac{x^2}{2\sigma^2}\right).$$

Sa transformée de Fourier est donnée par :

$$\widehat{f}(u) = \int_{\mathbb{R}} e^{iux} f(x) dx = e^{-\frac{\sigma^2}{2}u^2}.$$

Par la formule d'inversion de Fourier (valide ici car f est de classe \mathcal{S}), on a :

$$f(x) = \frac{1}{2\pi} \int_{\mathbb{R}} e^{-iux} \cdot \widehat{f}(u) du = \frac{1}{2\pi} \int_{\mathbb{R}} e^{-iux} \cdot e^{-\frac{\sigma^2}{2}u^2} du.$$

On souhaite maintenant montrer que la contribution de l'intégrale en dehors d'un intervalle centré est négligeable lorsque $n \rightarrow \infty$. Plus précisément, on considère l'intégrale suivante :

$$\int_{|u| > \delta\sqrt{n}} e^{-\frac{\sigma^2}{2}u^2} du,$$

et l'on souhaite montrer qu'elle tend vers zéro exponentiellement vite.

On va utiliser une estimation classique des queues de la gaussienne :

$$\int_A^\infty e^{-x^2} dx = \left[-\frac{1}{2x} e^{-x^2} \right]_A^\infty - \int_A^\infty \frac{1}{2x^2} e^{-x^2} dx \leq \frac{1}{2A} e^{-A^2} \quad \text{pour tout } A > 0.$$

Posons $\alpha = \frac{\sigma^2}{2}$. Par changement de variable $v = \sqrt{\alpha}u$, on obtient :

$$\int_{\delta\sqrt{n}}^\infty e^{-\frac{\sigma^2}{2}u^2} du = \frac{1}{\sqrt{\alpha}} \int_{\delta\sqrt{n}\sqrt{\alpha}}^\infty e^{-v^2} dv \leq \frac{1}{2\sqrt{\alpha} \cdot \delta\sqrt{n}} \exp(-\alpha\delta^2 n).$$

Ainsi, l'intégrale des queues est majorée par :

$$\int_{|u| > \delta\sqrt{n}} e^{-\frac{\sigma^2}{2}u^2} du = 2 \int_{\delta\sqrt{n}}^\infty e^{-\alpha u^2} du \leq \frac{C}{\sqrt{n}} \exp(-cn),$$

pour des constantes $C, c > 0$ dépendant de σ et δ .

Cela montre que la contribution des queues de l'intégrale gaussienne décroît exponentiellement vite avec n , et devient donc négligeable.

On en déduit que :

$$\frac{1}{\sqrt{n}} \int_{-\delta\sqrt{n}}^{\delta\sqrt{n}} e^{-iux} e^{-\frac{\sigma^2}{2}u^2} du \sim \frac{1}{\sqrt{n}} \int_{\mathbb{R}} e^{-iux} e^{-\frac{\sigma^2}{2}u^2} du = \frac{2\pi}{\sqrt{n}} f(x).$$

Finalement, on a :

$$\mathbb{P}(X_n = k) \sim \frac{C}{\sqrt{n}} \exp\left(-\frac{(k - n\mu)^2}{2n\sigma^2}\right),$$

pour une constante $C > 0$, ce qui conduit alors à :

$$\mathbb{P}(X_n = k) \leq \frac{C}{\sqrt{n}} \exp\left(-\frac{(k - n\mu)^2}{2n\sigma^2}\right),$$

pour une certaine constante $C > 0$, pour tout n suffisamment grand et $k \in \mathbb{Z}$.

On va maintenant appliquer cette inégalité au cas $k = 0$:

$$\mathbb{P}(X_n = 0) \leq \frac{C}{\sqrt{n}} \exp\left(-\frac{(n\mu)^2}{2n\sigma^2}\right) = \frac{C}{\sqrt{n}} \exp\left(-\frac{n\mu^2}{2\sigma^2}\right).$$

Posons $c = \frac{\mu^2}{2\sigma^2} > 0$, ce qui donne :

$$\mathbb{P}(X_n = 0) \leq \frac{C}{\sqrt{n}} e^{-cn}.$$

Puisque $Z_n = (X_n, Y_n)$ et que les composantes sont indépendantes, on a :

$$\mathbb{P}(Z_n = 0) = \mathbb{P}(X_n = 0, Y_n = 0) = \mathbb{P}(X_n = 0) \cdot \mathbb{P}(Y_n = 0) \leq \mathbb{P}(X_n = 0).$$

Ainsi :

$$\mathbb{P}(Z_n = 0) \leq \frac{C}{\sqrt{n}} e^{-cn}.$$

Nous voulons démontrer que la série

$$\sum_{n=1}^{\infty} \mathbb{P}(Z_n = 0)$$

converge. On utilise la majoration précédente :

$$\mathbb{P}(Z_n = 0) \leq \frac{C}{\sqrt{n}} e^{-cn}.$$

Considérons le terme général $u_n = \frac{C}{\sqrt{n}} e^{-cn}$. On compare cette série à une série géométrique.

On sait que pour tout $\varepsilon > 0$, il existe $N \in \mathbb{N}$ tel que :

$$\frac{1}{\sqrt{n}} \leq e^{\varepsilon n}, \quad \text{pour tout } n \geq N.$$

Alors :

$$u_n = \frac{C}{\sqrt{n}} e^{-cn} \leq C e^{-(c-\varepsilon)n}, \quad \text{pour tout } n \geq N.$$

La série

$$\sum_{n=N}^{\infty} e^{-(c-\varepsilon)n}$$

est une série géométrique convergente (puisque $c - \varepsilon > 0$), donc :

$$\sum_{n=1}^{\infty} \frac{C}{\sqrt{n}} e^{-cn} < \infty.$$

Par conséquent :

$$\sum_{n=1}^{\infty} \mathbb{P}(Z_n = 0) < \infty.$$

Par définition, une marche aléatoire (Z_n) est récurrente si :

$$\sum_{n=0}^{\infty} \mathbb{P}(Z_n = 0) = \infty.$$

Sinon, elle est transiente.

Dans notre cas, la série converge donc la marche est transiente. Autrement dit :

$$\mathbb{P}(Z_n = 0 \text{ pour une infinité de } n) = 0,$$

et la probabilité que la marche revienne une infinité de fois à l'origine est nulle.

En conclusion, si une des composantes de la marche possède une dérive non nulle, alors la probabilité de retour à l'origine décroît exponentiellement vite, la série des retours est convergente, et donc la marche (Z_n) est transiente.

3.2 Critère de survie dans le cas général

Dans cette partie, nous nous appuyons sur l'article *Can a rudderless species survive?* de Rinaldo Schinazi [3]. L'objectif est de déterminer sous quelles conditions il existe une valeur critique de α au-delà de laquelle la survie devient possible.

Soit $\alpha \in]0, 1[$, et soit β la probabilité pour qu'un individu situé à l'origine y revienne. Nous cherchons à démontrer que :

- si $\beta \leq \frac{1}{2}$, alors la survie est impossible, c'est-à-dire que $\theta(\alpha) = 0$ pour tout $\alpha \in]0, 1[$;
- si $\beta > \frac{1}{2}$, alors il existe une valeur critique $\alpha_c \in]0, 1[$ telle que :

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

3.2.1 Outils mathématiques

Soit $(b_n)_{n \geq 1}$ une suite de réels positifs telle que la série $\sum_{n \geq 1} b_n s^n$ converge pour tout $s \in [0, 1[$. Montrons que :

$$\lim_{s \rightarrow 1^-} \sum_{n=1}^{\infty} b_n s^n = \sum_{n=1}^{\infty} b_n,$$

où les deux membres peuvent éventuellement valoir $+\infty$.

La série $\sum b_n s^n$ possède un rayon de convergence $R \geq 1$, puisqu'elle converge pour tout $s \in [0, 1[$. Notons :

$$f(s) = \sum_{n=1}^{\infty} b_n s^n.$$

La fonction f est bien définie et continue sur $[0, 1[$, grâce à la convergence normale sur tout compact inclus dans cet intervalle.

Cas 1 : Supposons que $\sum_{n=1}^{\infty} b_n < +\infty$. Les b_n étant positifs, la série converge. Pour tout $s \in [0, 1[$, la suite $(s^n)_{n \geq 1}$ est décroissante et bornée. On peut donc appliquer le critère d'Abel : la série $\sum b_n s^n$ converge uniformément sur tout segment $[0, r]$ avec $0 < r < 1$.

Par conséquent, la fonction f admet une limite finie en $s = 1$, et se prolonge par continuité en ce point. De plus, grâce à la convergence uniforme sur $[0, 1 - \varepsilon]$ pour tout $\varepsilon > 0$, on peut intervertir limite et somme :

$$\lim_{s \rightarrow 1^-} f(s) = \sum_{n=1}^{\infty} b_n.$$

Cas 2 : Supposons maintenant que $\sum_{n=1}^{\infty} b_n = +\infty$. Pour tout $0 \leq s < t < 1$, on a $b_n s^n \leq b_n t^n$, donc $f(s) \leq f(t)$. Ainsi, f est croissante sur $[0, 1[$.

De plus, $f(s) \geq f(0) = 0$, donc f est croissante et minorée, ce qui garantit l'existence d'une limite à gauche en 1.

Montrons que cette limite est infinie. Pour tout $N \geq 1$, on a :

$$f(s) = \sum_{n=1}^{\infty} b_n s^n \geq \sum_{n=1}^N b_n s^n.$$

En passant à la limite $s \rightarrow 1^-$, on obtient :

$$\lim_{s \rightarrow 1^-} f(s) \geq \sum_{n=1}^N b_n.$$

Or, puisque $\sum b_n = +\infty$, pour tout $M > 0$, il existe N tel que $\sum_{n=1}^N b_n > M$. Donc :

$$\lim_{s \rightarrow 1^-} f(s) \geq M.$$

Cela étant valable pour tout $M > 0$, on en déduit :

$$\lim_{s \rightarrow 1^-} f(s) = +\infty = \sum_{n=1}^{\infty} b_n.$$

En résumé :

- Si $\sum b_n < +\infty$, alors $\lim_{s \rightarrow 1^-} f(s) = \sum b_n$, par continuité ;
- Si $\sum b_n = +\infty$, alors $\lim_{s \rightarrow 1^-} f(s) = +\infty$, par croissance et passage à la limite.

Dans tous les cas, on obtient bien :

$$\lim_{s \rightarrow 1^-} \sum_{n=1}^{\infty} b_n s^n = \sum_{n=1}^{\infty} b_n.$$

3.2.2 Démonstration

Comme vu lors du TER, le modèle étudié peut être assimilé à un processus de Bienaymé–Galton–Watson. Dans ce cadre, la recherche d’un seuil critique α_c tel que

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

revient à déterminer une valeur critique α_c telle que :

$$\forall \alpha \leq \alpha_c, \quad \mu(\alpha) \leq 1 \quad \text{et} \quad \forall \alpha > \alpha_c, \quad \mu(\alpha) > 1.$$

Or, toujours d’après les résultats établis dans le TER, on a :

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

où $\{S_n\}_{n \geq 0}$ désigne une marche aléatoire irréductible sur un ensemble dénombrable, démarrante en 0 et représentant la trajectoire d’un individu.

Commençons par le cas où $\beta = 1$. Cela signifie que la probabilité de retour à l’origine est égale à 1 : la chaîne de Markov est donc récurrente. Il est bien connu que, pour une chaîne de Markov irréductible récurrente, on a :

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

Dès lors, en utilisant le lemme démontré précédemment, on obtient :

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

Par ailleurs, comme $\mathbb{P}(S_i = 0) \leq 1$, on a :

$$\mu(\alpha) \leq \sum_{i=1}^{+\infty} \alpha^i,$$

et cette série géométrique converge pour $\alpha \in]0, 1[$, avec :

$$\sum_{n=1}^{+\infty} \alpha^n = \frac{\alpha}{1 - \alpha}.$$

Ainsi, on obtient la majoration suivante :

$$\mu(\alpha) \leq \frac{\alpha}{1 - \alpha}.$$

Or,

$$\lim_{\alpha \rightarrow 0^+} \frac{\alpha}{1 - \alpha} = 0.$$

Comme $\mu(\alpha) \geq 0$ et $\mu(\alpha) \leq \frac{\alpha}{1-\alpha}$, on peut appliquer le théorème des gendarmes, ce qui donne :

$$\lim_{\alpha \rightarrow 0^+} \mu(\alpha) = 0.$$

$\mathbb{P}(S_i = 0) \leq 1$ donc $\mu(\alpha) \leq \sum_{i=1}^{+\infty} \alpha^i$ qui est une série géométrique qui converge pour tout $\alpha \in [0, 1[$. Donc pour tout $\alpha \in [0, 1[$, la série $\mu(\alpha) = \sum_{i=1}^{+\infty} \alpha^i \cdot \mathbb{P}(S_i = 0)$ converge, car les termes sont majorés par ceux d'une série géométrique convergente.

On en déduit que la fonction μ est continue sur l'intervalle $[0, 1[$. Comme $\mu(0) = 0$ et $\lim_{\alpha \rightarrow 1^-} \mu(\alpha) = +\infty$, le théorème des valeurs intermédiaires garantit l'existence d'un réel $\alpha_c \in]0, 1[$ tel que :

$$\mu(\alpha_c) = 1.$$

Examinons à présent la dérivée de μ sur $]0, 1[$. On a :

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

Cette dérivée est bien définie car $|i\alpha^{i-1} \cdot \mathbb{P}(S_i = 0)| \leq i\alpha^{i-1}$, et la série $\sum_{i=1}^{+\infty} i\alpha^{i-1}$ converge pour tout $\alpha \in [0, 1[$. Par ailleurs, cette dérivée est strictement positive sur $]0, 1[$, car $\alpha > 0$ et, comme la chaîne est irréductible, il existe au moins un i tel que $\mathbb{P}(S_i = 0) > 0$.

On a donc $\mu'(\alpha) > 0$, ce qui montre que la fonction μ est strictement croissante sur $]0, 1[$. On a donc bien :

$$\mu(\alpha) < 1 \quad \text{pour tout } \alpha < \alpha_c, \quad \mu(\alpha) > 1 \quad \text{pour tout } \alpha > \alpha_c.$$

Considérons maintenant le cas $\beta < 1$. On note η le nombre total de retours à l'origine. Si $\alpha = 1$, c'est-à-dire si l'individu ne peut pas mourir, alors :

$$\mathbb{P}(\eta = j) = (1 - \beta)\beta^j, \quad \text{pour } j = 0, 1, 2, \dots$$

Comme $\beta \in]0, 1[$, cette distribution est une loi géométrique de paramètre $1 - \beta$. On a vu dans le TER que son espérance est donnée par :

$$\mathbb{E}[\eta] = \frac{\beta}{1 - \beta}.$$

Or, μ représente précisément le nombre moyen de retours à l'origine, soit l'espérance de η . Ainsi :

$$\mu(1) = \frac{\beta}{1 - \beta},$$

ce qui est bien défini puisque l'on est dans le cas transient, avec $\beta < 1$.

De plus, toujours d'après le lemme précédent :

$$\lim_{\alpha \rightarrow 1^-} \mu(\alpha) = \sum_{i=1}^{+\infty} \mathbb{P}(S_i = 0) = \mu(1),$$

ce qui montre que μ est continue en $\alpha = 1$, donc sur tout l'intervalle $[0, 1]$ dans le cas transient.

Deux cas se présentent alors :

- Si $\beta \leq \frac{1}{2}$, alors $\mu(1) \leq 1$. Comme μ est continue sur $[0, 1]$ et strictement croissante sur $]0, 1[$, on en déduit que :

$$\forall \alpha \in [0, 1], \quad \mu(\alpha) \leq 1,$$

donc la survie est impossible quel que soit α .

- Si $\frac{1}{2} < \beta < 1$, alors $\mu(1) > 1$. Comme $\mu(0) = 0$, que μ est continue sur $[0, 1]$ et strictement croissante sur $]0, 1[$, il existe $\alpha_c \in]0, 1[$ tel que :

$$\mu(\alpha_c) = 1,$$

et :

$$\mu(\alpha) < 1 \quad \text{pour tout } \alpha < \alpha_c, \quad \mu(\alpha) > 1 \quad \text{pour tout } \alpha > \alpha_c.$$

On a donc bien montré qu'il existe une valeur critique $\alpha_c \in]0, 1[$ telle que :

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

si et seulement si la probabilité β pour qu'un individu situé à l'origine y revienne est strictement supérieure à $\frac{1}{2}$.

3.3 Marches aléatoires 2D permettant la survie

L'objectif de cette partie est de déterminer, à l'aide de simulations, pour quelles valeurs des probabilités a, b, c et d la survie est possible. Pour cela, nous nous appuierons sur le résultat établi dans la partie précédente, et chercherons l'ensemble des quadruplets (a, b, c, d) tels que $\beta > \frac{1}{2}$.

3.3.1 Lien entre probabilité de retour et fonction de Green

Soit $(X_n)_{n \geq 0}$ une marche aléatoire sur \mathbb{Z}^2 , partant de l'origine.

On définit la fonction de Green en un point $x \in \mathbb{Z}^2$ comme la somme des probabilités de visite de ce point à tous les instants :

$$G(0, x) = \sum_{n=0}^{\infty} \mathbb{P}_0(X_n = x).$$

En particulier, la fonction de Green à l'origine est donnée par :

$$G(0, 0) = \sum_{n=0}^{\infty} \mathbb{P}_0(X_n = 0),$$

c'est-à-dire l'espérance du nombre total de visites à l'origine, en partant de l'origine.

Par ailleurs, on sait que β désigne la probabilité de retour en un temps fini à l'origine, et que l'on a la relation :

$$\mathbb{E}[\eta] = \frac{\beta}{1 - \beta},$$

où η est le nombre total de retours à l'origine (sans compter l'instant initial).

Puisque $G(0, 0)$ correspond à l'espérance du nombre total de visites à l'origine, et que η compte tous les retours après le temps initial, on a :

$$G(0, 0) = \mathbb{E}[\eta] + 1 = \frac{\beta}{1 - \beta} + 1 = \frac{1}{1 - \beta}.$$

On en déduit la relation fondamentale entre $G(0, 0)$ et β :

$$\beta = 1 - \frac{1}{G(0, 0)}.$$

D'autre part, pour une marche aléatoire sur \mathbb{Z}^2 avec déplacements de norme 1 dans les directions cardinales et probabilités a, b, c, d d'aller respectivement en haut, à droite, en bas et à gauche, on dispose de l'expression suivante pour $G(0, 0)$:

$$G(0, 0) = \frac{1}{(2\pi)^2} \int_{-\pi}^{\pi} \int_{-\pi}^{\pi} \frac{1}{1 - ae^{i\theta_2} - be^{i\theta_1} - ce^{-i\theta_2} - de^{-i\theta_1}} d\theta_1 d\theta_2.$$

Nous allons donc, à l'aide de simulations Python, estimer les valeurs des paramètres a, b, c et d telles que :

$$\frac{1}{(2\pi)^2} \int_{-\pi}^{\pi} \int_{-\pi}^{\pi} \frac{1}{1 - ae^{i\theta_2} - be^{i\theta_1} - ce^{-i\theta_2} - de^{-i\theta_1}} d\theta_1 d\theta_2 > 2,$$

ce qui, d'après la relation précédente, correspond à $\beta > \frac{1}{2}$, et donc à une possibilité de survie pour l'espèce.

3.3.2 Simulations

Pour réaliser nos simulations en Python, nous avons utilisé la fonction `dblquad` du module `scipy.integrate` afin d'estimer numériquement la valeur de la double intégrale intervenant dans l'expression de $G(0, 0)$.

Nous avons ensuite considéré $G(0, 0)$ comme une fonction des quatre probabilités de transition (a, b, c, d) , et fait varier ces paramètres pour identifier les configurations permettant la survie, c'est-à-dire celles pour lesquelles $G(0, 0) > 2$ (voir code en annexe).

Dans un premier temps, nous avons étudié les deux cas suivants :

- $d = b$, c'est-à-dire une symétrie dans la direction horizontale ;
- $d = b + 0.1$, introduisant une légère dérive horizontale.

Les résultats obtenus sont présentés ci-dessous. Les points verts correspondent aux couples (a, c) pour lesquels $G(0, 0) > 2$, donc à une possibilité de survie :

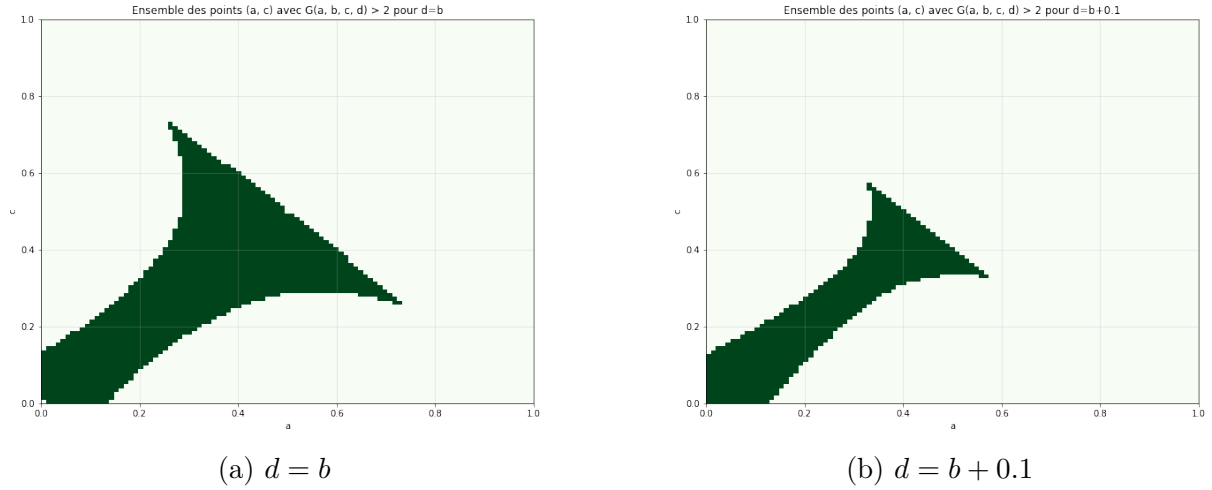


FIGURE 8 – Configurations (a, c) avec $G(0, 0) > 2$

Comme on pouvait s’y attendre, lorsque $b \neq d$, le nombre de couples (a, c) permettant la survie est significativement réduit. En effet, une dérive horizontale introduite par un écart entre b et d doit être compensée par une réduction de la dérive verticale ($a - c$) pour préserver une chance de retour à l’origine, ce qui restreint fortement l’ensemble des couples (a, c) admissibles.

Par exemple, pour une dérive plus marquée ($d = b + 0.2$), seuls quelques points proches de $(0.1, 0.1)$ permettent encore la survie, comme dans le cas $(a, b, c, d) = (0.1, 0.3, 0.1, 0.5)$.

Par ailleurs, dans le cas symétrique ($b = d = 0$), on retrouve bien les bornes sur $p = a$ ou c obtenues pour la marche aléatoire en une dimension : $\frac{1}{4} < p < \frac{3}{4}$.

Nous avons ensuite adopté une nouvelle stratégie consistant à fixer la valeur de d , puis à rechercher les couples (a, b) (et donc les triplets (a, b, c) avec $c = 1 - a - b - d$) pour lesquels la survie est possible.

Cela nous permet de déterminer, pour chaque valeur fixée de d , les dérivées horizontales maximales admissibles. Les résultats sont illustrés dans la figure suivante :

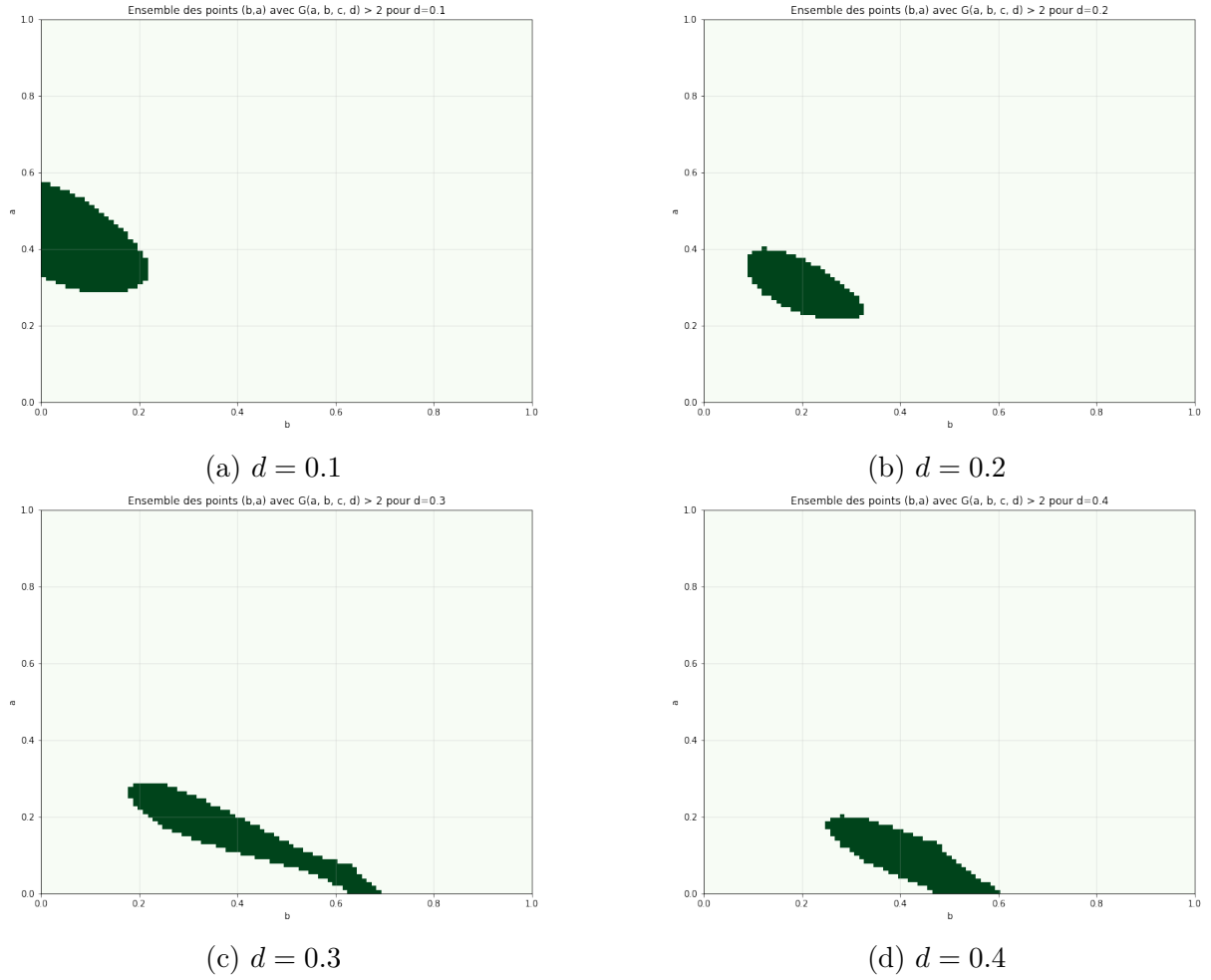


FIGURE 9 – Configurations (a, b) avec $G(0, 0) > 2$ pour différentes valeurs de d

Les observations principales sont les suivantes :

- Pour $d = 0.1$ (figure 9a) : la survie est possible pour $b \in [0, 0.21]$, avec a et c entre 0.3 et 0.6. Par exemple, la configuration $(a, b, c, d) = (0.45, 0.05, 0.40, 0.10)$ permet la survie.
- Pour $d = 0.2$ (figure 9b) : la survie est possible pour $b \in [0.09, 0.32]$, avec a et c entre 0.2 et 0.4.
- Pour $d = 0.3$ (figure 9c) : la plage de valeurs de b permettant la survie est plus large ($b \in [0.18, 0.70]$), mais les valeurs de a et c deviennent plus proches, formant un nuage de points très étroit.
- Pour $d = 0.4$ (figure 9d) : la survie est possible pour $b \in [0.25, 0.60]$, et a et c doivent rester faibles (entre 0.0 et 0.2).

Notons que ces résultats confirment bien certaines observations déjà établies dans le cas unidimensionnel, comme la survie possible pour $(b, d) = (0.7, 0.3)$ ou encore pour $(b, d) = (0.6, 0.4)$.

En conclusion, ces différentes visualisations offrent un premier aperçu des conditions assurant la survie en dehors des cas strictement récurrents. Il apparaît clairement que la survie reste possible pour de nombreuses combinaisons de (a, b, c, d) , à condition de maintenir des dérives faibles, c'est-à-dire des différences limitées entre a et c , et entre b et d .

4 Conclusion

Ce stage a permis d'étendre significativement le modèle de marche aléatoire étudié lors du TER, en l'enrichissant de plusieurs composantes biologiquement réalistes. Nous avons d'abord généralisé le mécanisme de reproduction en considérant un nombre aléatoire de descendants suivant une loi de Poisson, établissant ainsi un lien clair entre le taux de reproduction et la probabilité de survie de la population. Cette approche a confirmé que l'espérance du nombre de descendants joue un rôle crucial dans la persistance de l'espèce. Dans un second temps, nous avons complexifié le modèle en introduisant une mortalité dépendante de l'âge via une loi de Makeham discrète. Cette modification, bien que rendant l'analyse théorique plus délicate, offre une représentation plus fidèle des dynamiques observées dans la nature. Les simulations numériques ont permis d'identifier les plages de paramètres compatibles avec la survie de la population.

Enfin, l'extension aux marches bidimensionnelles a constitué l'apport principal de ce stage. En nous appuyant sur des résultats récents concernant les probabilités de retour, nous avons pu établir un critère général de survie et identifier des configurations de déplacement permettant la persistance de l'espèce, même dans des cas non récurrents. Ces résultats ouvrent des perspectives intéressantes pour modéliser des environnements plus réalistes. Plusieurs prolongements naturels se dessinent à l'issue de ce travail. D'un point de vue mathématique, l'étude des marches en dimension supérieure ou combiner les différentes améliorations proposées dans ce stage représenterait une avancée significative. Sur le plan appliqué, l'introduction de zones plus ou moins favorables ou d'interactions entre individus permettrait de mieux coller aux situations biologiques réelles.

Ce travail illustre comment la modélisation stochastique peut apporter un éclairage précieux sur des questions biologiques complexes, tout en soulevant de nouveaux défis théoriques passionnants.

Références

- [1] LEBENSZTAYN E. et PEREIRA V., On Random Walks with Geometric Lifetimes, 01 Juillet 2022, <https://doi.org/10.1080/00029890.2023.2274783>
- [2] Comission d'Agrément, Guideline Mortalité, Septembre 2005, https://www.institutdesactuaire.com/global/gene/link.php?doc_id=154&fg=1
- [3] SCHINAZI R., Can a rudderless species survive?, 22 Mars 2024, <https://doi.org/10.48550/arXiv.2403.13874>

Annexes

Fonction marche_aleatoire_poisson

```
1 def marche_aleatoire_poisson(p, alpha, steps, simulations, l):
2     survivants = []
3
4     for _ in range(simulations):
5         positions = [0] # Population initiale à l'origine
6         traj = [len(positions)] # Stocke l'évolution de la
           population
7
8         for _ in range(steps):
9             new_positions = []
10
11             for pos in positions:
12                 if np.random.rand() < alpha: # Survie
13                     new_pos = (pos + (1 if np.random.rand() < p
14                                     else -1))
15                     new_positions.append(new_pos)
16
17                     if new_pos == 0: # Reproduction à l'origine
18                         # Nombre de descendants suivant une loi de
19                         Poisson l
20                         nb_descendants = poisson.rvs(l)
21                         new_positions.extend([0] * nb_descendants)
22
23             positions = new_positions # Mise à jour de la
           population
24             traj.append(len(positions))
25
26             if len(positions) == 0:
27                 break # Arrêt si toute la population disparaît
28
29         survivants.append(traj)
30
31     return survivants
```

Fonction trouver_alpha_critique_poisson

```
1 def trouver_alpha_critique_poisson(p, steps, simulations, precision
  , 1):
2     alpha = 0.5 # Point de départ pour la recherche
3
4     while alpha < 1.0:
5         survivants = marche_aleatoire_poisson(p, alpha, steps,
            simulations, 1)
6
7         # Il existe au moins une population qui a survécu
8         if any(len(traj) == steps + 1 and traj[-1] > 0 for traj in
            survivants):
9             return alpha
10
11         alpha += precision # Augmente alpha progressivement
12
13     return 1.0 # Si aucune valeur trouvée, alpha critique est 1.0
```

Fonction calculer_mu

```
1 def calculer_mu(A, B, C, p=0.5, jmax=200):
2     total = 0
3     for j in range(1, jmax + 1):
4         term = comb(2 * j, j) * (p * (1 - p))**j
5         exp_part = np.exp(-2 * A * j - B * (C**(2 * j) - 1) / (C -
            1))
6         total += term * exp_part
7     return total
```

Fonction G

```
1 def integrand(theta1, theta2, a, b, c, d, epsilon=1e-12):
2     denominator = 1 - a*np.exp(1j*theta2) - b*np.exp(1j*theta1) - c
        *np.exp(-1j*theta2) - d*np.exp(-1j*theta1)
3     if np.abs(denominator) < epsilon: # Évite la division par zéro
4         return 1 / ((2*np.pi)**2 * epsilon)
5     return np.real(1 / ((2*np.pi)**2 * denominator))
6
7 # Définition de la fonction G
8 def G(a, b, c, d):
9     result, _ = dblquad(lambda t1, t2: integrand(t1, t2, a, b, c, d
        ),
10                        -np.pi, np.pi, lambda _: -np.pi, lambda _ :
        np.pi,
11                        epsabs=1e-4, epsrel=1e-4)
12     return result
```