



PROJET MATHS-INFO : SUJET 4

---

## Modèle de développement des bactéries dans un substrat

---



QUENTIN DESCHAMPS  
RUXUE ZENG

ARTHUR GUILLEC  
VICTOR DROUARD

Avril 2020

## Table des matières

<b>1</b>	<b>Introduction</b>	<b>2</b>
<b>2</b>	<b>Implémentation informatique</b>	<b>2</b>
2.1	Répertoire mdl . . . . .	2
2.2	Répertoire tools . . . . .	3
2.3	Diagramme UML . . . . .	4
<b>3</b>	<b>Analyse du modèle</b>	<b>4</b>
3.1	Modèle de base . . . . .	4
3.2	Variation des paramètres . . . . .	7
<b>4</b>	<b>Analyse de la stabilité</b>	<b>10</b>
4.1	Points critiques . . . . .	10
4.2	Matrice jacobienne . . . . .	12
4.3	Stabilité . . . . .	12
<b>5</b>	<b>Interprétation physique des résultats</b>	<b>15</b>

# 1 Introduction

Ce rapport porte sur l'étude d'un modèle de développement des bactéries dans un substrat. Il est défini par le système de deux équations différentielles suivant :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\frac{\mu SX}{k+S+\frac{S^2}{l}} + (1-\delta)mX \\ \frac{dX}{dt} = \frac{\mu SX}{k+S+\frac{S^2}{l}} - mX \end{cases} \quad (1)$$

Où :

- $X$  représente la concentration de bactéries
- $S$  représente la concentration de nourriture
- $\mu$  est le taux de croissance des bactéries
- $l$  est un facteur inhibiteur pour la croissance des bactéries
- $k$  est le taux d'affinité des bactéries pour ce substrat
- $m$  est le taux de mortalité des bactéries
- $1 - \delta$  est le coefficient de recyclage des cellules

Dans un premier temps, nous verrons l'implémentation informatique du modèle. Ensuite, nous présenterons son analyse suivant les paramètres le définissant. Nous étudierons après sa stabilité. Enfin, nous expliquerons l'interprétation physique qui peut être donnée suite à cette étude.

## 2 Implémentation informatique

L'analyse de ce modèle a été réalisée avec l'aide d'une application en Python. Celle-ci est divisée en quatre répertoires :

- **img** : contient les images des graphes réalisés
- **mdl** : contient le fichier contenant la classe représentant le modèle
- **tools** : contient les fichiers contenant les classes représentant des outils pour analyser le modèle
- **uml** : contient le diagramme UML de l'application

Analysons désormais les différentes classes.

### 2.1 Répertoire mdl

Le répertoire **mdl** contient un seul fichier, nommé **model\_bacteries.py**. Celui-ci est composé de la classe **Bacteries**, qui représente le modèle étudié.

Pour initialiser une instance de cette classe, il faut donner les paramètres du modèle, c'est-à-dire  $\mu$ ,  $l$ ,  $k$ ,  $m$  et  $\delta$ . Le titre, les labels et les symboles permettent de légender les figures. Pour stocker les paramètres, au lieu d'utiliser un attribut pour chaque paramètre, nous avons opté pour un dictionnaire ayant pour clés les noms des paramètres (en chaînes de caractères) et pour valeurs la valeur associée

à chacun des paramètres. Cette implémentation nous permet de créer des outils dans le répertoire **tools** ne dépendant pas directement de notre modèle, c'est-à-dire que les outils peuvent être réutilisés pour d'autres modèles.

## 2.2 Répertoire tools

Le répertoire **tools** contient les différents outils utilisés pour analyser le modèle. Il comprend 8 fichiers :

- **line\_style\_form.py** : contient les classes **Color**, **Form** et **LineStyle**. Celles-ci permettent la gestion du style graphique d'une trajectoire, en pouvant choisir la couleur et la forme.
- **cnds\_initiales.py** : contient les classes **Initial** et **Initials**. Celles-ci permettent la gestion des conditions initiales, la première en gérant une seule et la seconde étant un conteneur d'instances de la première.
- **field.py** : contient la classe **Field** pour la gestion du champ des gradients. Cette classe est utilisée lors de la création du portrait des phases d'un modèle.
- **phase\_diag.py** : contient la classe **PhaseDiag** pour la gestion du portrait des phases d'un système autonome.
- **evolution.py** : contient la classe **Evolution**. Celle-ci permet de tracer les différentes composantes du système différentiel en fonction du temps grâce à la méthode **plot**. Ces composantes peuvent être tracées sur le même graphe si le paramètre *yaxis* est une liste avec un seul axe, ou sur des graphes séparés si cette liste contient plusieurs axes.
- **dynamic\_model.py** : contient la classe **DynamicModel**. La méthode **plot** de cette classe génère, grâce aux widgets de la librairie *matplotlib*, une fenêtre contenant une figure, représentant les composantes du modèle en fonction du temps, et des sliders, permettant de faire varier les paramètres (voir figure ci-dessous). La figure est alors actualisée quand un slider bouge. Grâce à cette classe, on peut voir rapidement l'influence de chaque paramètre sur le modèle. Il est aussi possible de générer le portrait des phases de la figure actuelle avec le bouton "Diagramme de phases" en bas à gauche. Le bouton "Reset" en bas à droite permet de réinitialiser les sliders. Vous pouvez voir en action cette fenêtre en cliquant **ici**.
- **analysis.py** : contient la classe **Analysis** permettant d'étudier l'influence de chaque paramètre avec la méthode **plot\_evol\_param**.

Vous verrez par la suite l'utilisation de ces différents outils grâce aux figures.

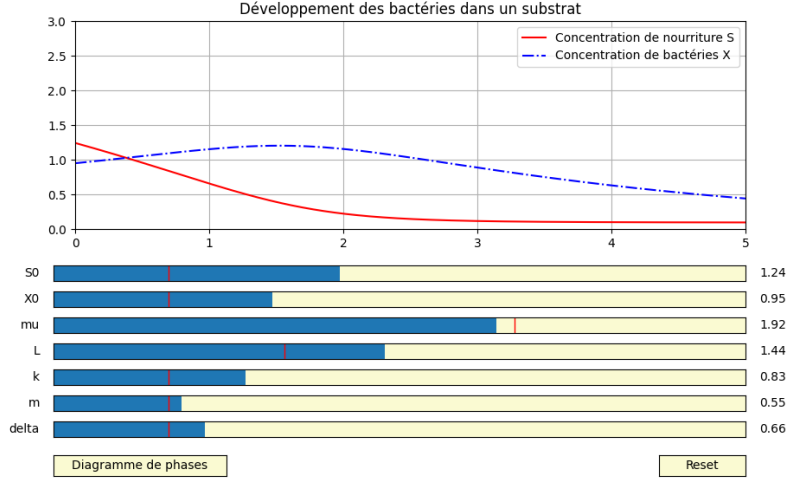


FIGURE 1 – Fenêtre du modèle dynamique

## 2.3 Diagramme UML

Vous retrouverez dans le répertoire **uml** le diagramme UML qui résume l'architecture de l'application (au format dot, png et pdf). Il a été généré grâce à l'outil *pyreverse*, et complété par la suite en mettant les types des attributs. Les flèches correspondent aux imports nécessaires entre les classes. Vous pouvez cliquer [ici](#) pour le visualiser directement.

## 3 Analyse du modèle

Dans cette partie, nous allons étudier l'influence de chaque paramètre sur le modèle. Nous partirons d'un modèle de base et ferons varier chacun des paramètres. Rappelons le système :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\frac{\mu SX}{k+S+\frac{S^2}{L}} + (1-\delta)mX \\ \frac{dX}{dt} = \frac{\mu SX}{k+S+\frac{S^2}{L}} - mX \end{cases}$$

Nous considérons trois conditions initiales différentes :

- $(S_0, X_0) = (0.5, 0.5)$ , en rouge, qui correspond au cas où  $S_0 = X_0$
- $(S_0, X_0) = (0.25, 0.75)$ , en bleu, qui correspond au cas où  $S_0 < X_0$
- $(S_0, X_0) = (0.75, 0.25)$ , en vert, qui correspond au cas où  $S_0 > X_0$

### 3.1 Modèle de base

Nous prenons ici les paramètres suivants :

- $\mu = 2$  (taux de croissance des bactéries)
- $l = 1$  (facteur inhibiteur de croissance)
- $k = 0.5$  (taux d'affinité)
- $m = 0.5$  (taux de mortalité)
- $\delta = 0.5$  (coefficient de recyclage)

Sur la figure ci-dessous, on peut voir l'évolution de la concentration de nourriture  $S$  et de bactéries  $X$  en fonction du temps.

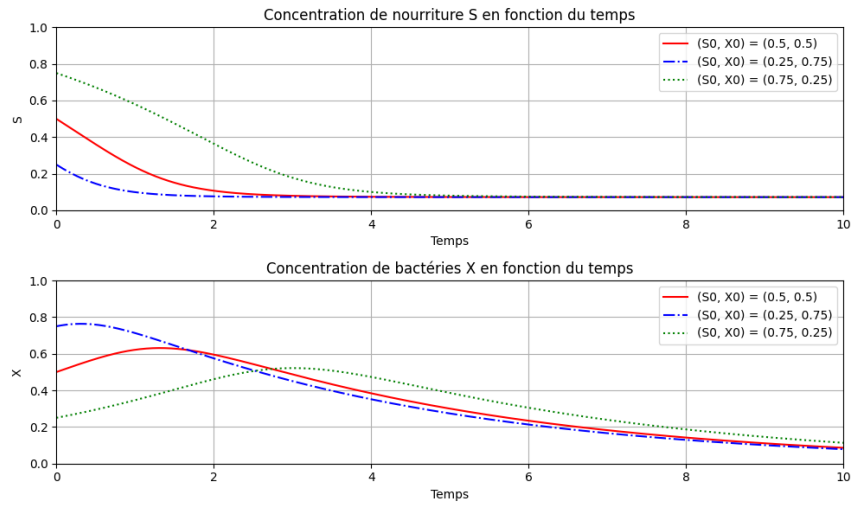


FIGURE 2 – Évolution de  $S$  et  $X$  en fonction du temps

Dans la suite, nous allons superposer ces courbes comme sur la figure suivante.

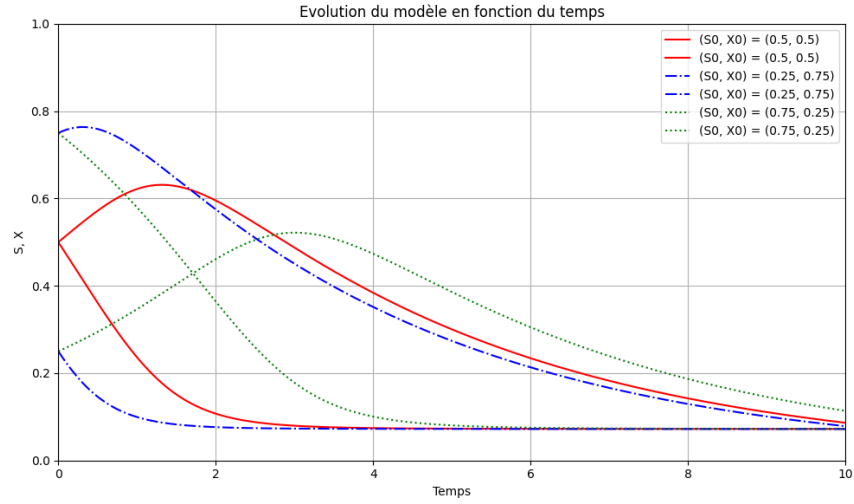


FIGURE 3 – Évolution de  $S$  et  $X$  en fonction du temps

Dans les trois cas, on peut constater que :

- La concentration de bactéries augmente puis diminue
- La concentration de nourriture diminue

On peut aussi tracer le portrait des phases du modèle. Sur la figure ci-dessous, la concentration de bactéries est représentée en fonction de la concentration de nourriture. Les flèches vertes correspondent au champ des gradients.

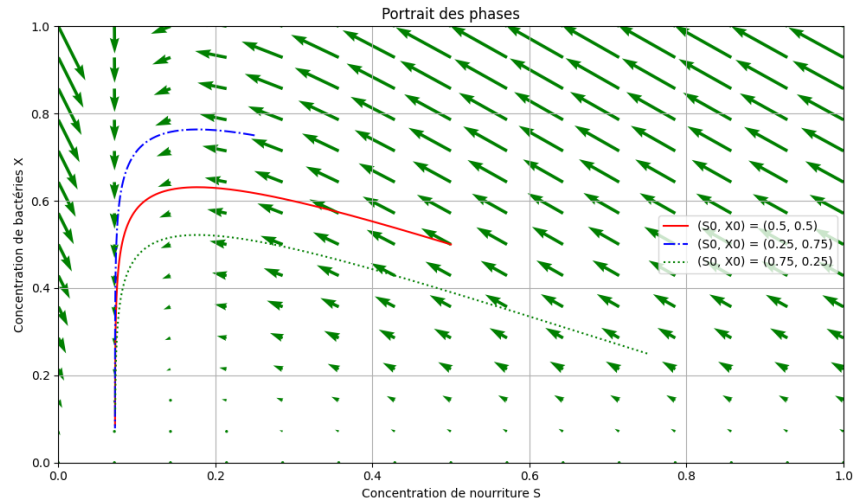


FIGURE 4 – Portrait des phases

### 3.2 Variation des paramètres

Nous allons maintenant étudier la variation des paramètres pour le modèle de base présenté précédemment. Nous avons étudié chacun des paramètres pour quatre valeurs différentes. Celles-ci sont étudiées pour chacune des trois conditions initiales.

Commençons par le paramètre  $\mu$ . Celui-ci représente le taux de croissance des bactéries. Il est donc d'autant plus grand que la population de bactéries croît vite.

Sur la figure suivante, on peut constater que quand  $\mu$  augmente, la concentration de bactéries atteint plus rapidement son pic : la croissance de la population est plus rapide.

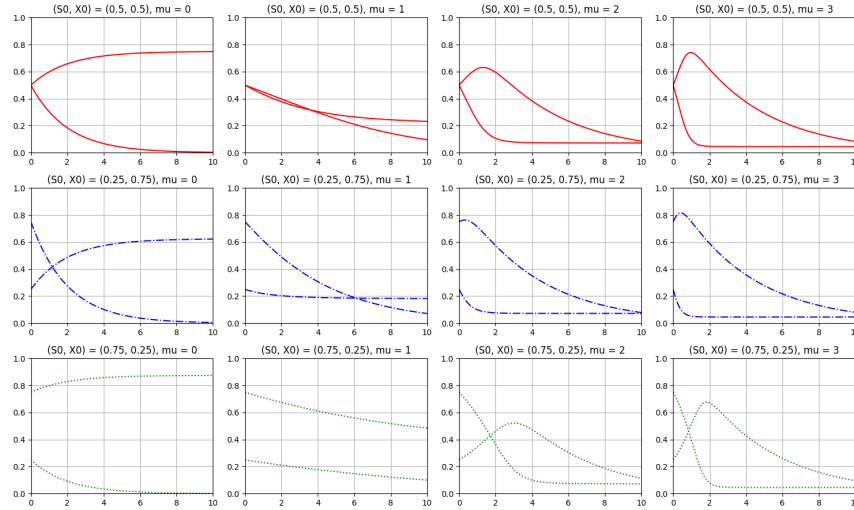


FIGURE 5 – Variation du paramètre  $\mu$

Ensuite, voyons le paramètre  $l$ . C'est un facteur inhibiteur pour la croissance des bactéries. On peut voir sur la figure suivante qu'il a une influence très faible sur le modèle. Néanmoins, comme le paramètre  $\mu$ , il influe sur la vitesse de croissance de la population.



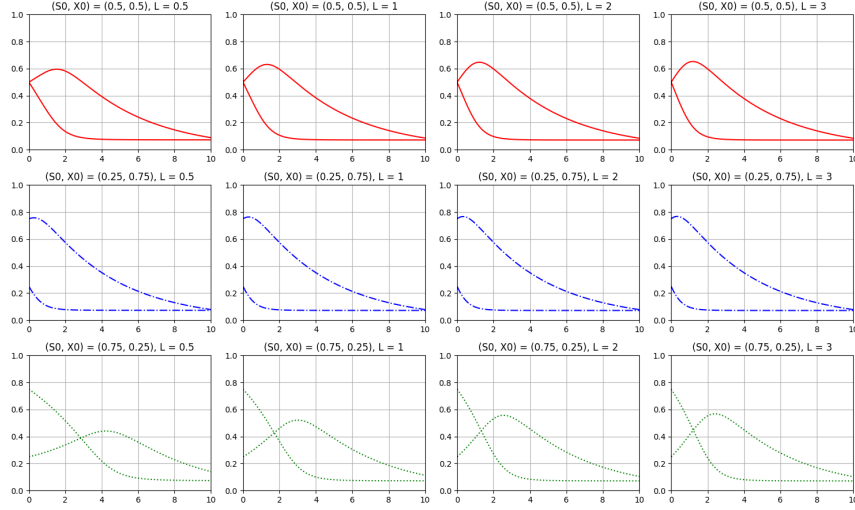


FIGURE 6 – Variation du paramètre  $l$

Voyons après le paramètre  $k$ . Il correspond au taux d'affinité des bactéries pour le substrat. Ce paramètre influence l'aptitude des bactéries à survivre dans le substrat. En effet, plus le taux d'affinité est faible et plus les bactéries ont besoin de consommer de la nourriture. La concentration de nourriture décroît alors plus vite. On peut le voir sur la figure ci-dessous.

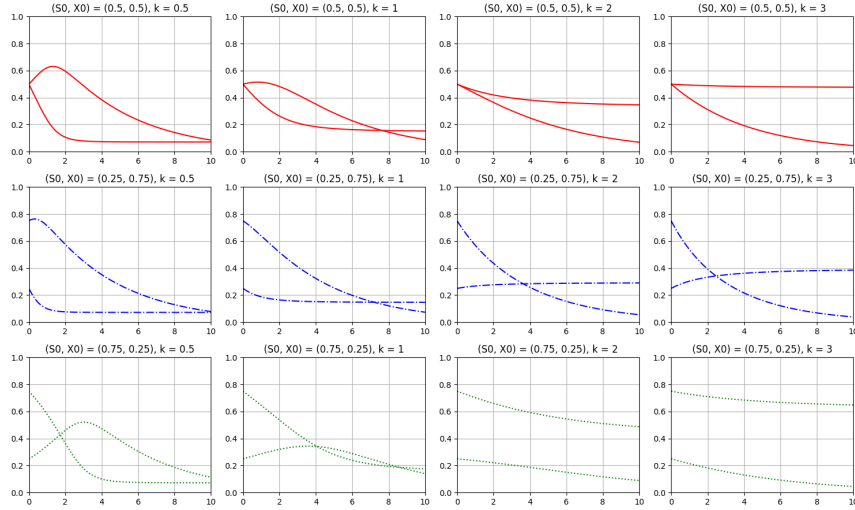


FIGURE 7 – Variation du paramètre  $k$

Étudions maintenant le paramètre  $m$ . Il correspond au taux de mortalité des

bactéries. On peut voir clairement sur la figure suivante que c'est un paramètre très influent sur l'évolution des concentrations de bactéries et de nourriture. Lorsque le taux de mortalité est nul (colonne de gauche), il est évident que la concentration de bactéries ne diminuera jamais. Ce cas n'est bien sûr pas réaliste. On peut voir dans les autres cas que plus le taux de mortalité est élevé et plus la concentration de bactéries diminue vite.

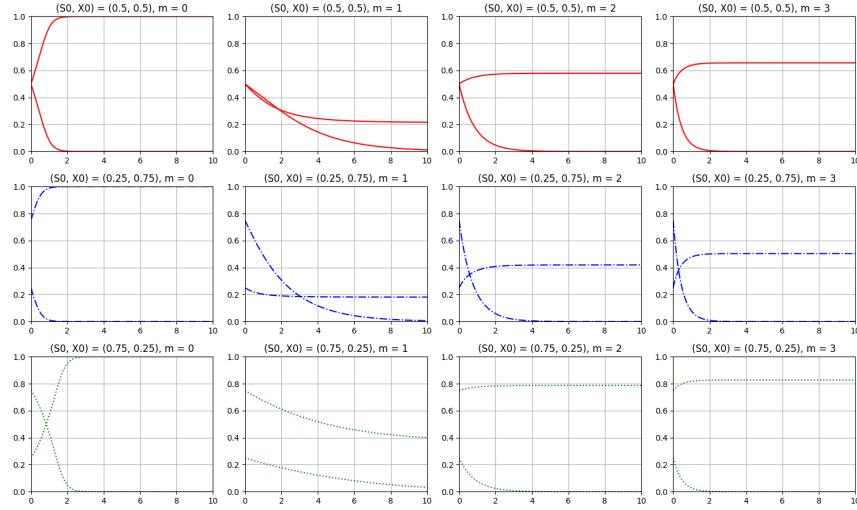


FIGURE 8 – Variation du paramètre  $m$

Enfin, regardons le paramètre  $\delta$ . C'est le coefficient de recyclage des cellules. Comme  $\mu$  et  $l$ , il influe la capacité de la population de bactéries à grandir. Plus ce coefficient est élevé et plus le pic de la concentration de bactéries arrive vite.

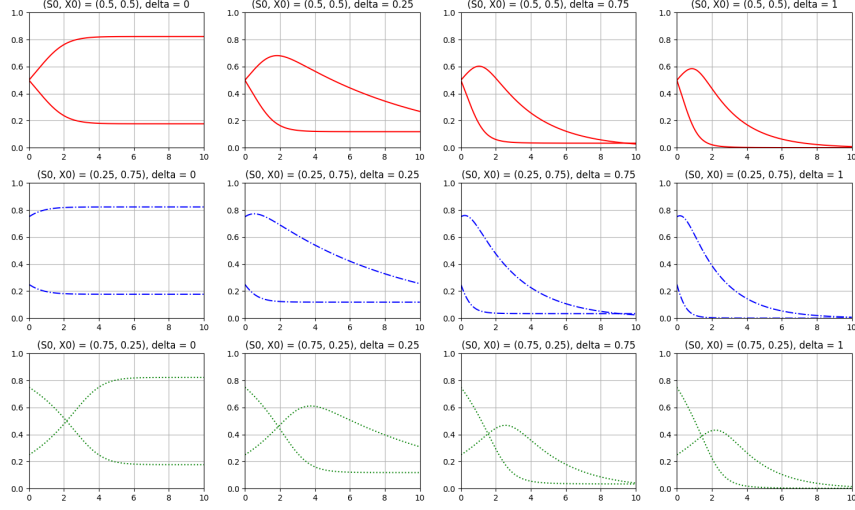


FIGURE 9 – Variation du paramètre  $\delta$

## 4 Analyse de la stabilité

Dans cette partie, nous allons analyser la stabilité du modèle. Tout d'abord, nous allons chercher les points critiques. Le système 1 peut se réécrire sous la forme suivante :

$$\begin{cases} S'(t) = f(S(t), X(t)) \\ X'(t) = g(S(t), X(t)) \end{cases} \quad (2)$$

Où :

$$\begin{cases} f : (S, X) \mapsto -\frac{\mu SX}{k+S+\frac{S^2}{l}} + (1-\delta)mX \\ g : (S, X) \mapsto \frac{\mu SX}{k+S+\frac{S^2}{l}} - mX \end{cases} \quad (3)$$

### 4.1 Points critiques

Pour trouver les points critiques, on résout alors le système suivant :

$$\begin{cases} f(S, X) = 0 \\ g(S, X) = 0 \end{cases} \quad (4)$$

Ce qui donne :

$$\begin{cases} -\frac{\mu SX}{k+S+\frac{S^2}{l}} + (1-\delta)mX = 0 \\ \frac{\mu SX}{k+S+\frac{S^2}{l}} - mX = 0 \end{cases} \quad (5)$$

En sommant les deux lignes du système 5, on obtient :

$$-\delta mX = 0 \quad (6)$$

Plusieurs cas s'offrent alors à nous.

Cas  $\delta = 0$

Cela correspond au cas où le coefficient de recyclage des cellules est égal à 1. La deuxième équation du système 5 donne alors :

$$\left( \frac{\mu S}{k + S + \frac{S^2}{l}} - m \right) X = 0 \quad (7)$$

On en déduit deux sous-cas : soit  $X = 0$ , soit  $\left( \frac{\mu S}{k + S + \frac{S^2}{l}} - m \right) = 0$ . Dans ce second cas, cela revient alors à résoudre une équation du second degré. En effet, cette expression peut se mettre sous la forme :

$$\frac{mS^2}{l} + S(m - \mu) + mk = 0 \quad (8)$$

Le discriminant est  $\Delta = (m - \mu)^2 - \frac{4m^2k}{l}$ .

- Si  $\Delta > 0$ , alors on a les deux racines réelles  $S = \frac{[(\mu - m) \pm \sqrt{\Delta}]l}{2m}$ , et  $X$  quelconque.
- Si  $\Delta = 0$ , alors on a une racine réelle  $S = \frac{(\mu - m)l}{2m}$ , et  $X$  quelconque.
- Si  $\Delta < 0$ , alors il n'y a pas de racines réelles.

Pour résumé, les points critiques  $(S, X)$  dans le cas où  $\delta = 0$  sont :

- $(\alpha, 0), \alpha \in \mathbb{R}$
- $\left( \frac{[(\mu - m) \pm \sqrt{(m - \mu)^2 - \frac{4m^2k}{l}}]l}{2m}, \beta \right), \beta \in \mathbb{R}$
- $\left( \frac{(\mu - m)l}{2m}, \gamma \right), \gamma \in \mathbb{R}$

Notons que ces points sont définis si  $m \neq 0$ , autrement dit, si on suppose que la mortalité des bactéries est non nulle.

Cas  $m = 0$

Cela correspond au cas où il n'y a pas de mortalité. La deuxième équation du système 5 donne ici :

$$\frac{\mu SX}{k + S + \frac{S^2}{l}} = 0 \quad (9)$$

Alors, soit  $\mu = 0$  (taux de croissance des bactéries nul), soit  $S = 0$ , soit  $X = 0$ . Nous obtenons donc les points critiques suivants :

- $(\alpha, \beta), \alpha, \beta \in \mathbb{R}$

- $(0, \gamma), \gamma \in \mathbb{R}$
- $(\delta, 0), \delta \in \mathbb{R}$

Cas  $X = 0$

Cela correspond au cas où la concentration en bactéries est nulle. Alors, les points critiques sont les  $(\alpha, 0)$ , où  $\alpha \in \mathbb{R}$

## 4.2 Matrice jacobienne

Pour analyser la stabilité de chaque point critique, nous calculons la matrice jacobienne. En calculant les dérivées partielles  $\frac{\partial f}{\partial S}, \frac{\partial f}{\partial X}, \frac{\partial g}{\partial S}$  et  $\frac{\partial g}{\partial X}$ , on obtient la matrice  $J_{f,g}(S, X)$  suivante :

$$J_{f,g}(S, X) = \begin{pmatrix} -\frac{\mu X}{k+S+\frac{S^2}{l}} + \frac{\mu SX(1+\frac{2}{l}S)}{(k+S+\frac{S^2}{l})^2} & -\frac{\mu S}{k+S+\frac{S^2}{l}} + (1-\delta)m \\ \frac{\mu X}{k+S+\frac{S^2}{l}} - \frac{\mu SX(1+\frac{2}{l}S)}{(k+S+\frac{S^2}{l})^2} & \frac{\mu S}{k+S+\frac{S^2}{l}} - m \end{pmatrix}$$

## 4.3 Stabilité

Pour analyser la stabilité des différents points critiques, nous calculons le polynôme caractéristique de la matrice jacobienne précédente. Tout d'abord, pour simplifier les calculs, nous posons :

$$Y = -\frac{\mu X}{k+S+\frac{S^2}{l}} + \frac{\mu SX(1+\frac{2}{l}S)}{(k+S+\frac{S^2}{l})^2}$$

La matrice jacobienne devient :

$$J_{f,g}(S, X) = \begin{pmatrix} Y & -\frac{\mu S}{k+S+\frac{S^2}{l}} + (1-\delta)m \\ -Y & \frac{\mu S}{k+S+\frac{S^2}{l}} - m \end{pmatrix}$$

Calculons le polynôme caractéristique :

$$\chi_{J_{f,g}(S,X)}(\lambda) = \begin{vmatrix} Y - \lambda & -\frac{\mu S}{k+S+\frac{S^2}{l}} + (1-\delta)m \\ -Y & \frac{\mu S}{k+S+\frac{S^2}{l}} - m - \lambda \end{vmatrix}$$

Après calculs, on trouve :

$$\chi_{J_{f,g}(S,X)}(\lambda) = \lambda^2 + \lambda \left( -Y - \frac{\mu S}{k+S+\frac{S^2}{l}} + m \right) - m\delta Y \quad (10)$$

Ensuite, on cherche les valeurs propres de la matrice jacobienne, qui correspondent aux racines du polynôme caractéristique (équation 10) pour les différents points critiques.

Rappelons que nous avons des points critiques dans trois cas différents :

- $\delta = 0$
- $m = 0$
- $X = 0$

Or, on remarque que ces trois cas annulent tous le coefficient constant du polynôme caractéristique. Celui-ci peut alors se réécrire comme ceci :

$$\chi_{J_{f,g}(S,X)}(\lambda) = \lambda \left( \lambda - Y - \frac{\mu S}{k + S + \frac{S^2}{l}} + m \right) \quad (11)$$

On en déduit que  $\lambda = 0$  est valeur propre, et on ne peut donc pas déterminer la stabilité des points critiques trouvés précédemment.

Nous pouvons néanmoins afficher l'évolution du modèle en prenant comme conditions initiales les points critiques. Pour les figures suivantes, nous avons repris les valeurs des paramètres du modèle basique précédent.

Cas  $\delta = 0$

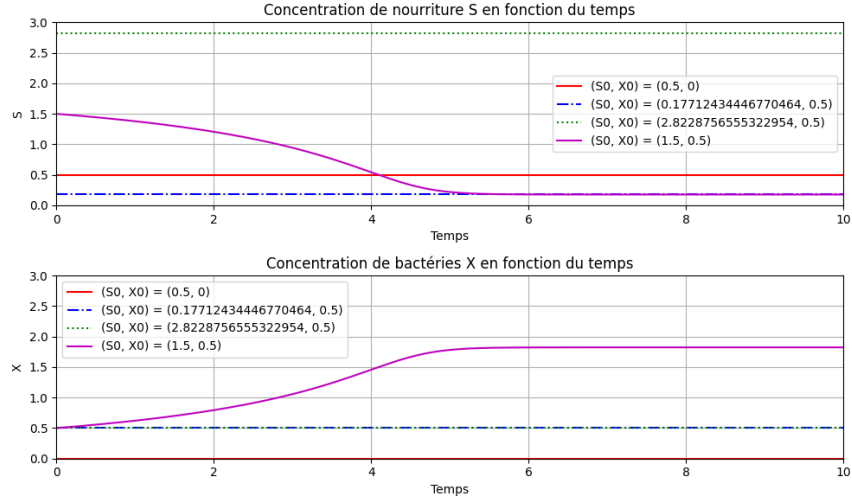


FIGURE 10 – Points critiques pour  $\delta = 0$

— En rouge : (0.5, 0)

— En bleu :  $\left( \frac{[(\mu - m) - \sqrt{(m - \mu)^2 - \frac{4m^2k}{l}}]l}{2m}, 0.5 \right)$

— En vert :  $\left( \frac{[(\mu-m) + \sqrt{(m-\mu)^2 - \frac{4m^2k}{l}}] l}{2m}, 0.5 \right)$

— En magenta :  $\left( \frac{(\mu-m)l}{2m}, 0.5 \right)$

Cas  $m = 0$

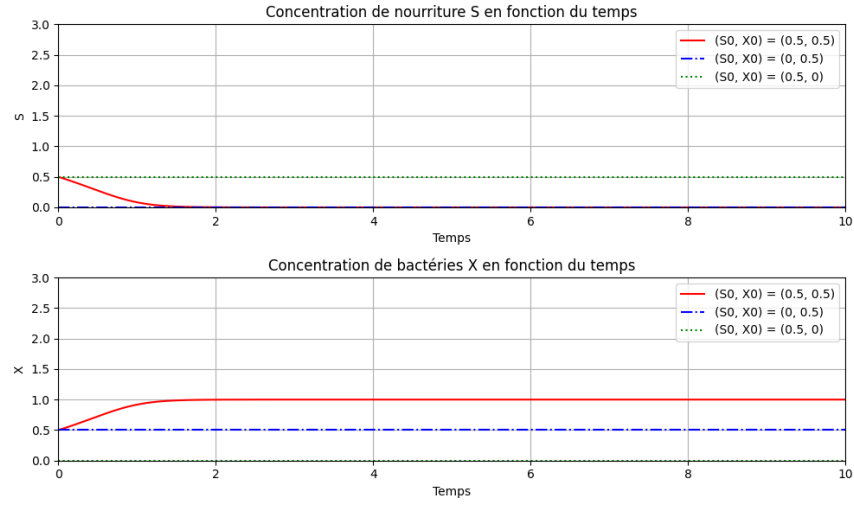


FIGURE 11 – Points critiques pour  $m = 0$

— En rouge :  $(0.5, 0.5)$

— En bleu :  $(0, 0.5)$

— En vert :  $(0.5, 0)$

### Cas $X = 0$

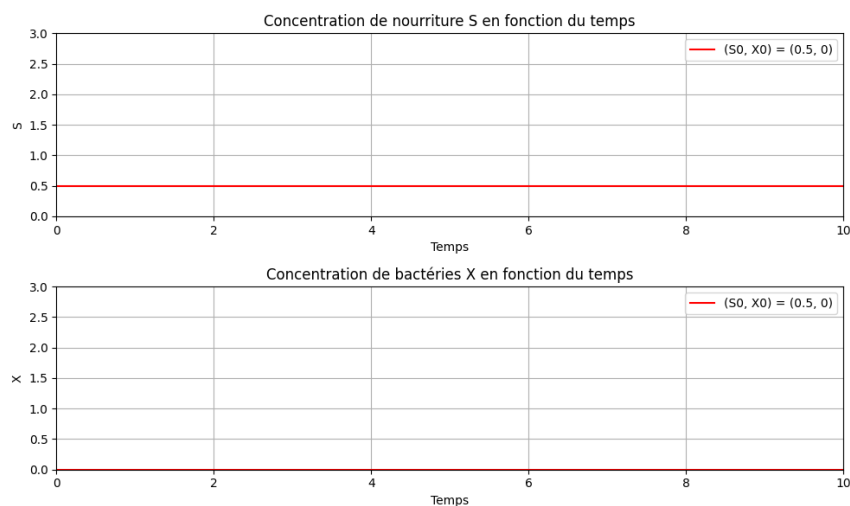


FIGURE 12 – Points critiques pour  $X = 0$

Avec en rouge  $(0.5, 0)$ .

Dans tous les cas, on peut voir qu'au bout d'un certain temps, les lignes deviennent parallèles : les concentrations de bactéries et de nourriture stagnent.

## 5 Interprétation physique des résultats

Pour conclure cette étude, nous allons donner une interprétation physique des résultats obtenus. Grâce à ce modèle, nous avons vu comment une population de bactéries se développe dans un substrat.

Tout d'abord, lorsque la concentration de bactéries est nulle au départ, elle le restera et il est évident que la concentration de nourriture sera constante aussi. Le modèle est donc bien défini.

Ensuite, dans les conditions du modèle de base énoncé précédemment, nous pouvons décrire l'évolution de la population de bactéries en plusieurs phases. On rappelle le graphe du modèle de base ci-dessous :



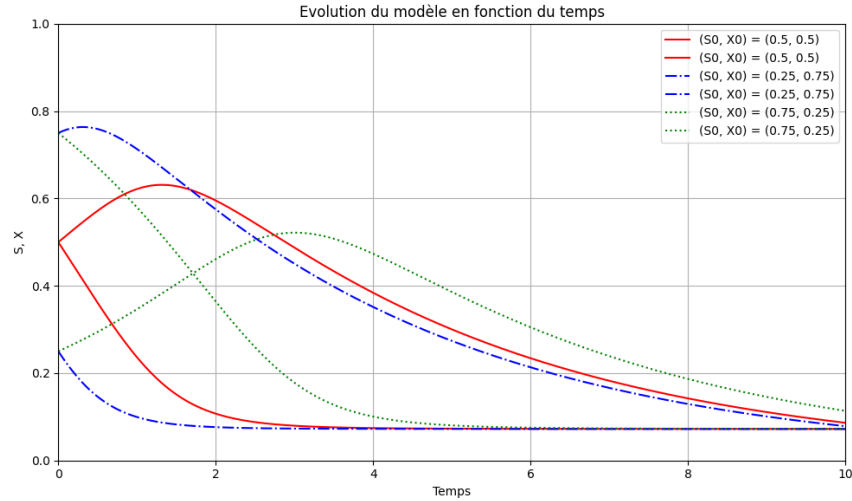


FIGURE 13 – Évolution de  $S$  et  $X$  en fonction du temps

L'expérience démarre en mettant une certaine quantité de bactéries et de nourriture dans un substrat. Voici les 3 phases :

1. **Phase de croissance** : la concentration de bactéries augmente rapidement, tandis que la concentration de nourriture diminue rapidement. Au cours de cette phase, la nourriture est abondante et les bactéries se développent et se reproduisent en consommant la nourriture.
2. **Phase de ralentissement** : l'augmentation de la concentration de bactéries commence à ralentir jusqu'à atteindre un pic. La concentration de nourriture diminue moins vite. En effet, la nourriture se fait plus rare ce qui ralentit la croissance des bactéries. Il n'y a bientôt plus assez de nourriture pour toutes les bactéries.
3. **Phase de décroissance** : après avoir atteint son pic, la concentration de bactéries décroît lentement du fait de leur mortalité. La concentration de nourriture est très faible et stagne. Cette phase correspond à l'extinction de la population des bactéries. Il n'y a plus de nourriture, donc plus de reproduction.

Lors de l'analyse des différents paramètres, on a vu que ces trois phases sont paramétrées par différents facteurs. Ceux-ci prennent en compte les caractéristiques de la population (taux de croissance, taux de mortalité notamment) ainsi que le milieu dans lequel les bactéries vivent avec le taux d'affinité pour le substrat.

Concernant les limites de notre étude, nous ne disposons pas de valeurs réelles mesurées par des expériences. Il aurait été intéressant de comparer ce modèle avec une vraie expérience afin de voir si le modèle se rapproche exactement de la

réalité ou non. Nous pouvons tout de même, grâce à ce modèle, reproduire les différentes phases du développement d'une population de bactéries.

## Annexe

Dépôt GitHub :  
<https://github.com/Quentin18/Model-Developpement-Bacteries>

### Table des figures

1	Fenêtre du modèle dynamique . . . . .	4
2	Évolution de $S$ et $X$ en fonction du temps . . . . .	5
3	Évolution de $S$ et $X$ en fonction du temps . . . . .	6
4	Portrait des phases . . . . .	6
5	Variation du paramètre $\mu$ . . . . .	7
6	Variation du paramètre $l$ . . . . .	8
7	Variation du paramètre $k$ . . . . .	8
8	Variation du paramètre $m$ . . . . .	9
9	Variation du paramètre $\delta$ . . . . .	10
10	Points critiques pour $\delta = 0$ . . . . .	13
11	Points critiques pour $m = 0$ . . . . .	14
12	Points critiques pour $X = 0$ . . . . .	15
13	Évolution de $S$ et $X$ en fonction du temps . . . . .	16