

NOM : <i>Coumes</i>	Prénoms : <i>Simon ; Mikhaïl ; Nathan ;</i>
Classe : <i>MP</i>	
Lycée : <i>Bellerive</i>	Numéro de candidat : <i>44881</i>
Ville : <i>Toulouse</i>	

Concours auxquels vous êtes admissible, dans la banque MP inter-ENS (les indiquer par une croix) :

ENS Cachan	MP - Option MP		MP - Option MPI	
	Informatique			
ENS Lyon	MP - Option MP		MP - Option MPI	
	Informatique - Option M		Informatique - Option P	
ENS Rennes	MP - Option MP		MP - Option MPI	
	Informatique	<input checked="" type="checkbox"/>		
ENS Paris	MP - Option MP		MP - Option MPI	
	Informatique			

Matière dominante du TIPE (la sélectionner d'une croix inscrite dans la case correspondante) :

Informatique	<input checked="" type="checkbox"/>	Mathématiques	<input type="checkbox"/>	Physique	<input type="checkbox"/>
--------------	-------------------------------------	---------------	--------------------------	----------	--------------------------

Titre du TIPE :

*Structures de Turing*

Nombre de pages (à indiquer dans les cases ci-dessous) :

Texte	<i>4</i>	Illustration	<i>2</i>	Bibliographie	<i>1</i>
-------	----------	--------------	----------	---------------	----------

Résumé ou descriptif succinct du TIPE (5 lignes, maximum) :

*Ce TIPE se penche sur la théorie des morphogènes de Turing, théorie dans l'objet est la formation de motifs sur les pelées d'animaux. Nous cherchons à valider les idées de Turing en reproduisant les motifs observés dans la nature dans le cadre de simulations.*

À *Toulouse*Le *12/06/2018*

Signature du (de la) candidat(e)

*Coumes Simon*

Signature du professeur responsable de la classe préparatoire dans la discipline

*Coumes Simon*

Cachet de l'établissement

La signature du professeur responsable et le tampon de l'établissement ne sont pas indispensables pour les candidats libres (hors CPGE).

# Etude des Structures de Turing

Coumes Simon

## **Introduction**

Alan Turing, plus connu comme étant le père de l' informatique moderne, est à l' origine de la théorie des morphogènes visant à expliquer l' apparition de taches sur les pelages de certains animaux. Dans ce TIPE nous cherchons à tester différents modèles basés sur cette théorie. Pour ce faire, nous avons réalisé plusieurs simulations informatiques et avons cherché à reproduire certains motifs présent dans la nature dans le cadre de ces simulations.

## **1) Présentation des modèles**

### **1.1) Théorie de Turing, morphogènes**

Dans son article "The chemical basis of Morphogenesis" publié en 1952, Alan Turing explique l' appartition de motifs sur les pelages animaux par la diffusion de morphogènes à la surface de leur peau. Un morphogène est un réactif chimique dont la concentration détermine l'état du milieu. Dans le cas d' un animal, la concentration du morphogène détermine la couleur de la peau. La non uniformité de la concentration du morphogène est responsable de la présence de motifs.

La théorie de Turing stipule que le morphogène se propage et se crée dans le corps de l' animal en même temps qu'un autre composé chimique, appelé inhibiteur, et dont la présence engendre la destruction du morphogène.

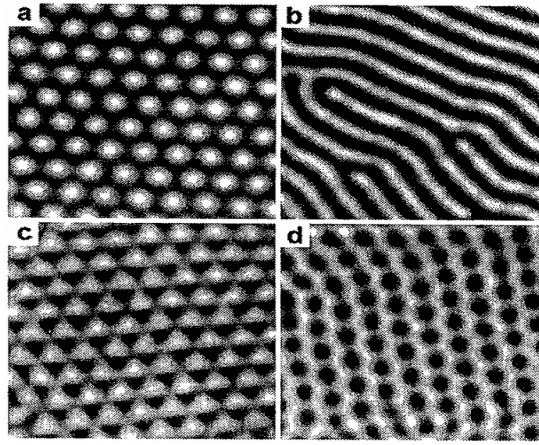
L' evolution des concentrations en morphogènes et en inhibiteurs dans le corps de l' animal suit donc une équation de réaction-diffusion à deux composés.

Au stade embryonnaire, la concentration en morphogène est considérée comme quasiment homogène avec de légères variations ( $U_{\max} - U_{\min} < U_{\min} / 10$ , avec  $U$  la concentration en morphogène). C'est sur la base de ce profil de concentration que se formeront les motifs observés dans la nature, suivant un processus de réaction-diffusion jusqu'à atteindre un état d' équilibre.

### **1.2) Vérification expérimentale**

A ce jour, il n' existe aucune confirmation expérimentale de l' existence de morphogènes tels que les décrit Turing dans les corps d' animaux. Cependant, certaines expériences ont su reproduire en laboratoire des motifs similaires à ceux présents sur les corps d' animaux par le biais de processus de réaction-diffusion semblables à ceux décrits par Turing.

L'étude de simulations basées sur les idées de Turing constitue un bon moyen d' en évaluer la pertinence, en attendant l' éventuelle observation directe de morphogènes.



*Image 1 : Motifs obtenus en laboratoire par processus de réaction-diffusion  
Expérience menée par la Brandeis University*

### 1.3) Division en deux modèles

Dans le cadre de ce TIPE deux méthodes de modélisation des idées de Turing ont été retenues. La première se base sur une vision continue de l'espace et fait directement appel aux équations de réaction-diffusion. La deuxième se base sur une discrétisation de l'espace et considère l'ensemble des cellules de l'animal comme un automate cellulaire. Ces deux approches seront développées en parties 2 et 3.

## 2) Modèle continu

### 2.1) Principe

Dans le cadre de cette approche, nous considérons l'espace comme un plan dans lequel se répandent deux réactifs de concentration en un point  $u(x,y)$  et  $v(x,y)$ . Le réactif  $u$  représente le morphogène, les zones de forte concentration de  $u$  correspondent donc aux taches sur le pelage de l'animal dans le cadre de la simulation. Le réactif  $v$  représente l'inhibiteur, dont la présence tend à faire décroître la dérivée temporelle de  $u$ . Les variations de  $u$  et  $v$  satisfont les équations suivantes :

$$\frac{\partial u}{\partial t} = D_u \Delta u + f(u, v) \quad (1)$$

$$\frac{\partial v}{\partial t} = D_v \Delta v + g(u, v) \quad (2)$$

*Image 1 : Équations de réaction-diffusion*

Avec  $f$  et  $g$  des fonctions qui restent à déterminer.

Dans le cadre de notre simulation informatique, l'espace et le temps sont discrétisés, les pas de discrétisation faisant partie des paramètres qu'il est possible de modifier avant de lancer la simulation. Les laplacien de  $u$  et de  $v$  sont approximatés par la méthode d'Euler, les bords de la zone de simulation étants considérés comme vides de réactifs ( $u = 0$  et  $v = 0$ ).

Pour la situation initiale, on commence par chercher une situation d'équilibre uniforme, soit  $u$  et  $v$  uniformes tels que  $f(u,v) = 0$  et  $g(u,v) = 0$ .

Ensuite, partant d'une telle situation d'équilibre, on modifie aléatoirement  $u$  (respectivement  $v$ ) en certains points, la variation étant faible devant  $u$  (respectivement  $v$ ).

Cette nouvelle situation se veut proche du stade embryonnaire décrit en 1.1, elle nous sert de situation initiale.

## 2.2) Sous modèles, choix de Brusselator

Les fonctions  $f$  et  $g$  dépendent des réactions génératrices de  $u$  et  $v$ . Nos recherches nous ont indiqué que le modèle dit de Brusselator est considéré comme l'un des modèles les plus simples aptes à représenter les processus de réaction-diffusion décrits par Turing (cf bibliographie #7).

Nous avons choisit de baser nos simulations sur ce modèle, ce qui revient à prendre :

$$\begin{aligned} f(u,v) &= A - (B + 1)u + u^2v \\ g(u,v) &= B*u - u^2v \end{aligned}$$

Avec  $A$  et  $B$  des coefficients positifs.

## 2.3) Balayage des coefficients

Le choix des coefficients  $A$ ,  $B$ ,  $D_u$ , et  $D_v$  se fait sans information supplémentaire.

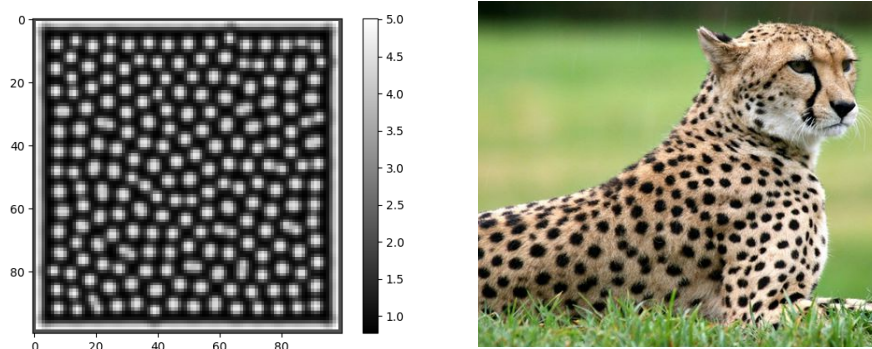
Ces coefficients varient d'un animal à l'autre et influent fortement sur le motif obtenu.

Nous avons balayés différents ensembles de valeurs possibles par un procédé automatisé. De nombreuses images ont été générées, dans lesquels nous avons du chercher manuellement des motifs semblables à ceux présents dans la nature.

Nous avons ensuite légèrement modifié certains coefficients dans les ensembles sélectionnés, afin de chercher à nous rapprocher des motifs désirés.

## 2.4) Résultats

Nous avons constaté que l'approche continue entraîne des temps de calculs relativement longs (de l'ordre de deux heures pour le résultat présenté en image 3). Cette approche a également le défaut d'être difficile à adapter aux géométries complexes, telles que les oreilles ou la queue d'un animal. Nous avons obtenu des images présentant des motifs d'apparence semblable à ceux espérés (voir image 3), quoi que moins contrastés que ceux trouvés dans la nature.



*Image 3 : Résultat de notre simulation (à gauche)  
Guépard commun (à droite)*

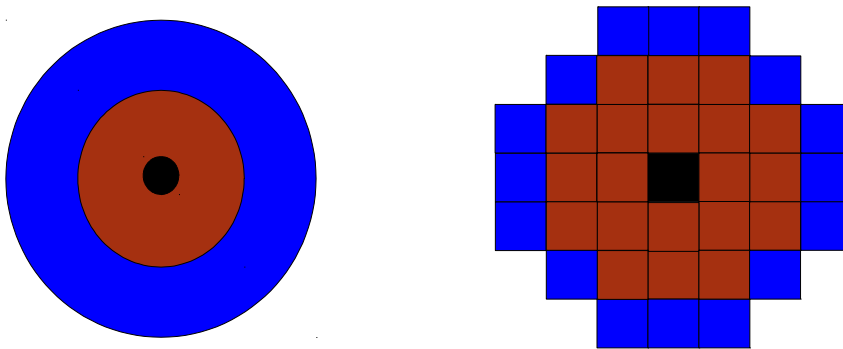
### 3) Modèle discret, automate cellulaire

#### 3.1) Principe

Dans le cadre de l'approche discrète, nous modélisons la peau de l'animal par un ensemble de cellules, réparties sur les intersections d'une grille en deux ou trois dimensions. Chaque cellule ne peut avoir que deux états : active ou non-active.

L'état "active" représente une concentration dominante de morphogène tandis que l'état "non-active" représente une concentration dominante d'inhibiteur. Il est ici bon de noter qu'une cellule non-active n'est pas parfaitement neutre, et tend à inhiber les cellules voisines.

Une cellule active tend à inhiber les cellules voisines dans un rayon défini et à activer les cellules voisines dans un autre rayon (plus faible). Au contraire, une cellule non-active aura tendance à activer les cellules éloignées et à inhiber les cellules proches.



*Image 4 : Schéma de principe.*

*Avant discrétisation de l'espace (à gauche) et après discrétisation (à droite)*

*En noir : cellule considérée*

*En rouge : zone d'effet proche*

*En bleu : zone d'effet longue distance*

Deux coefficients, dis coefficient d'action distante et coefficient d'action proche sont également définis comme paramètres de la simulation. On définit de plus un seuil d'activation.

Le temps est discrétisé et parcouru instant par instant.

Pour faciliter les calculs suivants, on représente une cellule active par la valeur 1 et une cellule non active par la valeur -1. A l'instant initial, l'état des cellules est aléatoire.

La mise à jour de l'état d'une cellule se fait selon la formule suivante :

$$cellule_i(t+1) = \text{signe} \left[ h + J1 \sum_{r_{ij} < R1} cellule_j(t) + J2 \sum_{R1 \leq r_{ij} < R2} cellule_j(t) \right]$$

*Image 5 : formule de mise à jour d'une cellule,  
formule issue des travaux de El Mellah Ileyk, Loh Alan, et Pottier Alizée*

Avec : h le seuil

J1 le coefficient d'action proche (positif)

J2 le coefficient d'action longue distance (négatif)

R1 le rayon de la zone d'action proche

R2 le rayon de la zone d'action longue distance

Lors de la mise à jour d'une cellule, chaque cellule voisine a un effet sur la cellule mise à jour. Cet effet dépend à la fois de l'état de la cellule voisine considéré et de la distance la séparant de la cellule mise à jour.

Pour passer de l'instant n à l'instant n+1, le calcul présenté ci-dessus est effectué pour chaque cellule à partir de l'états des cellules à l'instant n.

Les cellules sont ensuite toutes mises à jour en même temps, ce qui évite que la modification d'une cellule impacte une autre avant l'état n+2.

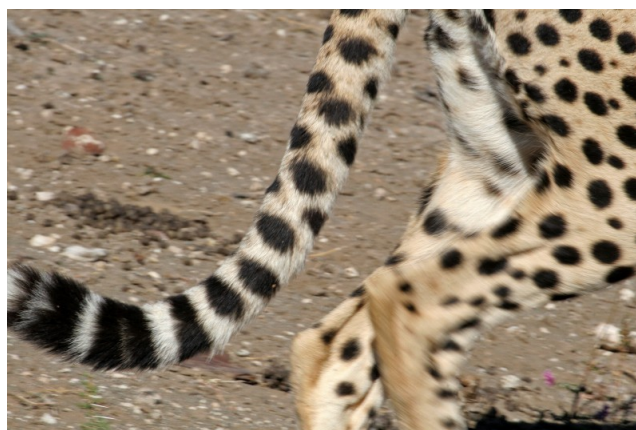
La simulation consiste à parcourir une succession d'instants jusqu'à une date prédéfinie. Chaque transition d'un instant n à un instant n+1 consiste en la mise à jour de toutes les cellules en présence.

### 3.2) Résolution en trois dimensions

Le modèle discret permet, en choisissant à quelles intersections de la grille les cellules sont placées, de modéliser des formes et structures complexes. Ce modèle permet notamment de représenter des surfaces complexes en trois dimensions.

Il suffit pour cela que l'ensemble des cellules choisies, placées sur une grille en trois dimensions, approxime la surface que l'on souhaite modéliser.

Cela permet notamment de rendre compte des motifs spécifiques présents aux bouts de queue d'animaux.

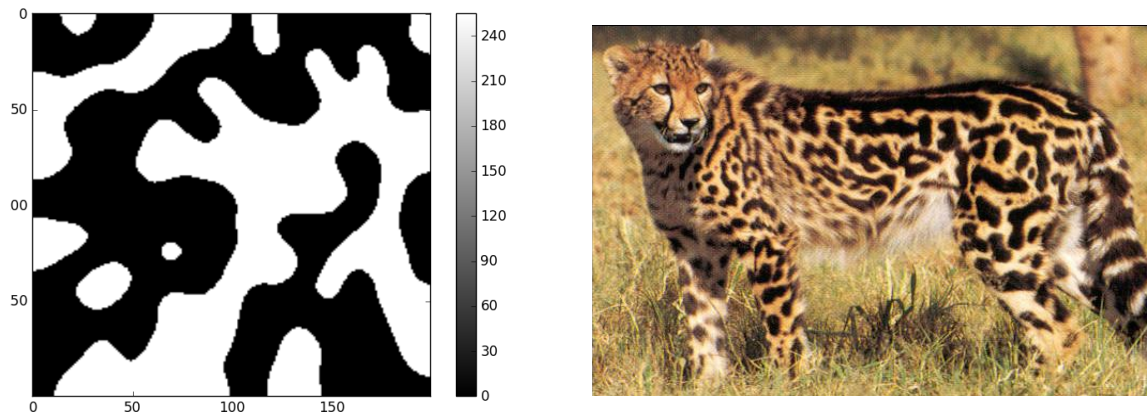


*Image 6 : Queue de guépard. Les taches caractéristiques du reste du pelage laissent place à des rayures en bout de queue.*



### 3.3) Résultats

En se limitant aux surfaces planes, le modèle discret permet d'obtenir de bons résultats en des temps bien plus courts que le modèle continu. Dans le cas d'une grille de côté 1000 cellules, un motif stable est obtenu en moins de 30min sur un ordinateur de bureautique standard. Les motifs observés sont de plus très similaires à ceux attendus (voir image 7).



*Image 7 : Résultat de notre simulation (à gauche)  
Guépard royal (à droite)*

En revanche, le passage à des surfaces en trois dimensions s'est avéré trop coûteux en calculs pour les machines à notre disposition.

Nous avons arrêté notre simulation après que le calcul de la première transition ait pris plus de cinq heures (pour une grille de côté 200 cellules).

### Conclusion

Le modèle discret donne de meilleurs résultats que le modèle continu (pour une précision spatiale similaire), nécessite moins de temps de calcul, et permet la modélisation de surfaces en trois dimensions (avec néanmoins de très longs temps de calcul). La modélisation de l'équation de réaction diffusion considérée par un automate cellulaire nous semble donc être une bonne solution. De plus, l'obtention de motifs similaires à ceux observés dans la nature tend à confirmer les hypothèses de Turing.

## **Bibliographie**

- #1 Alain Turing, "The Chemical Basis of Morphogenesis", 1952
- #2 Association Mathématique du Québec, "La formation de motifs et l'instabilité de Turing"
- #3 TER : Analyse numérique et simulation de systèmes de réaction-diffusion
- #4 [https://media4.obspm.fr/public/M2R/appliquettes/Turing/AutomateTuring\\_website.html](https://media4.obspm.fr/public/M2R/appliquettes/Turing/AutomateTuring_website.html),
- #5 Helsinki University of Technology Laboratory of Computational Engineering Publications, "COMPUTATIONAL STUDIES OF PATTERN FORMATION IN TURING SYSTEMS"
- #6 Judit Horváth, István Szalai, Patrick De Kepper, "An Experimental Design Method Leading to Chemical Turing Patterns"
- #7 Instituto de Física, Universidad de Navarra, "Stability of Turing patterns in the Brusselator model"