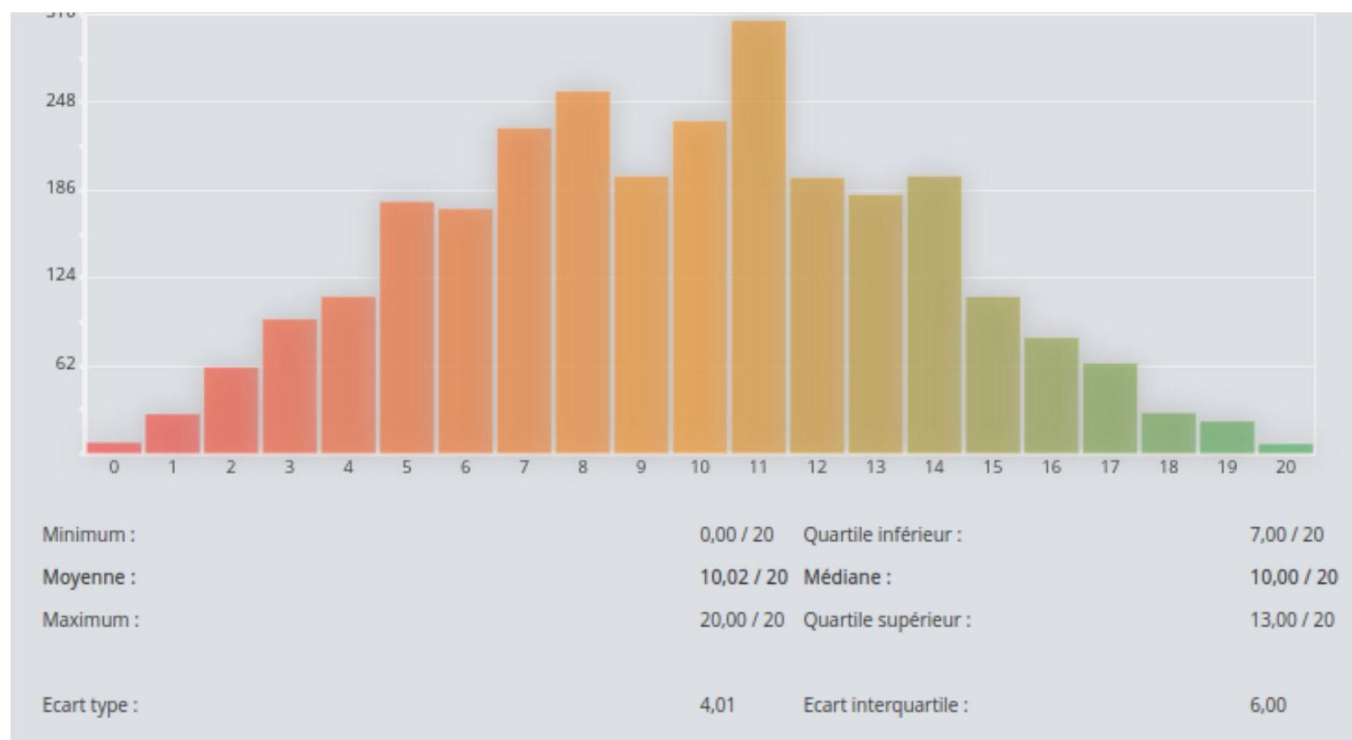


MODÉLISATION MATHÉMATIQUE ET INFORMATIQUE - 2025

1 Statistiques de l'épreuve



2 Introduction

Le sujet se composait d'un problème en 3 parties portant sur la modélisation de l'expression génétique bactérienne. La première partie présentait une première approche déterministe et comportait une étude de fonction classique (tangente, limite, tableau de variation) ainsi que la résolution d'un système d'équation différentielle par utilisation d'un changement de base. Cette partie utilisait notamment les techniques classiques d'algèbre linéaire (changement de base, diagonalisation, inversion de matrice). La seconde partie proposait une seconde façon de modéliser cette situation, en utilisant une approche probabiliste et un algorithme appelé l'algorithme de Gillespie. Cette seconde partie mobilisait des résultats de probabilités ainsi que des compétences informatiques. L'accent était également mis dans cette partie sur l'aspect modélisation du phénomène. La troisième partie, plus complexe, faisait le lien entre ces deux approches. Cette partie demandait du recul sur le modèle étudié ainsi que des compétences informatiques avancées.

3 Remarques générales

Le sujet était moyennement long, les meilleures copies ayant réussi à l'aborder entièrement. La dernière partie a été réellement investie par environ un tiers des copies. En particulier, les questions 15, 16, 17, 22 et 23 ont été très rarement abordées. En revanche les questions 18 et 24 étaient accessibles et ont pu bénéficier à des candidats ou candidates lucides sur la fin d'épreuve.

Ce sujet présentait une composante informatique importante et un peu originale, elle a récompensé les candidats et candidates qui maîtrisaient bien l'aspect algorithmique. Globalement le jury constate une amélioration de l'ensemble des candidats sur cet aspect et s'en réjouit.

Une difficulté de cette épreuve est d'arriver à lier les résultats mathématiques à une situation réelle, ici biologique. Les questions d'interprétation demandent d'arriver à se questionner sur la signification en termes biologiques et non seulement mathématiques. Certaines copies, en revanche, ont parfaitement fait le lien avec le programme de biologie.

4 Difficultés mathématiques notables

- La justification de la diagonalisabilité est souvent hasardeuse, la question 6.a a été bien trop peu réussie ;
- L'équation de la tangente n'est pas assez souvent connue ;
- La résolution d'équation linéaire est généralement bien connue mais la rédaction est parfois trop succincte ;
- La plupart des candidats et candidates maîtrisent le calcul linéaire ;

- Les copies qui maîtrisaient bien des résultats de cours comme la propriété d'absence de mémoire de la loi exponentielle ou l'identification d'une loi grâce à sa fonction de répartition ont été valorisées;
- Le théorème de Bienaymé-Tchebychev est souvent reconnu mais rarement bien justifié.

5 Difficultés informatiques notables

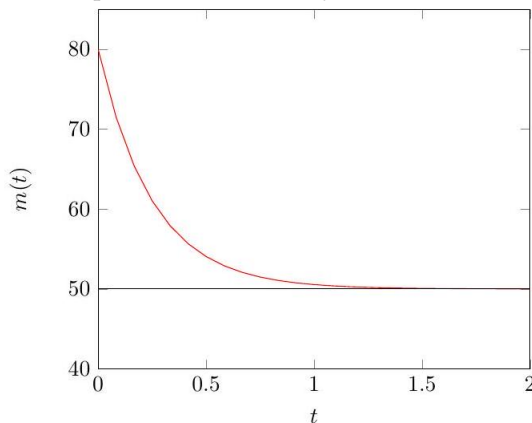
- Attention à éviter de « paraphraser » le code lorsque le sujet demande de justifier un algorithme;
- La fonction moyennes, difficile à appréhender, n'a été bien comprise que par très peu de candidates ou candidats;
- La manipulation de liste semble bien acquise;
- La structure des fonctions est en général maîtrisée;
- Quelques confusion entre le « et » et le « ou »;
- L'utilisation de compteurs est généralement bien maîtrisée.

6 Correction partielle

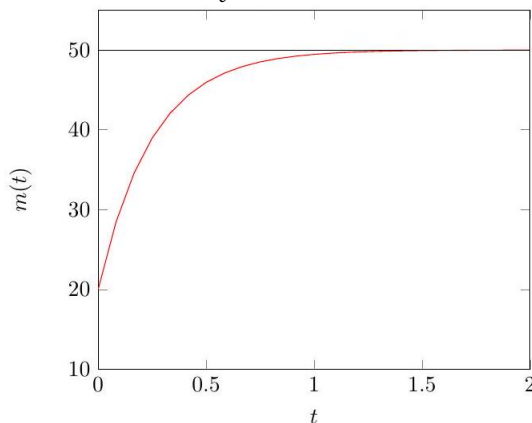
6.1 Partie 1 : Un premier modèle : un modèle déterministe

6.1.1 Sous-Partie 1.1 : Etude de la solution

1. $[a] = pg \cdot s^{-1}$ (picogramme) $[c] = [b] = [d] = s^{-1}$
2. l'ARNm se dégrade plus vite donc m va diminuer et par suite, p également.
3. (a) $m_{\infty} = \frac{a}{c}$
 (b) m est dérivable et $m'(0) = a - cm_0$ d'où l'équation de la tangente : $y = m_0 + (a - cm_0)t$
 (c) Si $m_0 > \frac{a}{c}$ le terme entre parenthèse de l'équation est positif et c également donc la fonction $m(t)$ est décroissante de forme exponentielle, valant m_0 en 0 et admettant une asymptote en m_{∞} . Soit :



et de même si $m_0 < \frac{a}{c}$ on trouve cette fois :



4. (a)

$$p_{\infty} = \lim_{t \rightarrow +\infty} p(t) = \frac{ab}{cd}$$

Il s'agit de la quantité de protéines à l'équilibre du système, il est logique qu'elle soit d'autant plus élevée que la transcription (donc a) et la traduction (donc b) soient intenses et d'autant plus faible que la dégradation (donc c et d) soit rapide.

- (b) Attention il y avait une erreur dans le sujet : il s'agissait des rapports b/d et a/c . Le jury a pris les dispositions nécessaires en valorisant tous les éléments de raisonnement ou de réponse cohérents. p_∞ est une fonction croissante en b/d . b/d peut être assimilé au rapport de création sur dégradation de protéines et donc plus il est élevé plus on a de protéines. p_∞ est une fonction linéaire croissante en a/c . a/c peut être assimilé au rapport de création sur dégradation d'ARN et donc : plus il est élevé, plus on a de protéines.

6.1.2 Sous-Partie 1.2 : Résolution en découplant par changement de base

5.

$$A\vec{x} + B = \begin{pmatrix} -1 & 0 \\ 1 & -2 \end{pmatrix} \times \begin{pmatrix} m(t) \\ p(t) \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} a \\ 0 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} a - m(t) \\ m(t) - 2p(t) \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} a - cm(t) \\ bm(t) - dp(t) \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \frac{dm}{dt} \\ \frac{dp}{dt} \end{pmatrix} = \frac{d\vec{x}}{dt}$$

6. (a) A est triangulaire donc trigonalisable et ses deux valeurs propres se lisent sur sa diagonale : -1 et -2, elles sont distinctes, A est donc diagonalisable. Calculons deux vecteurs propres associés.

$$A \times \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} = - \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} \iff \begin{cases} -x = -x \\ x - 2y = -y \end{cases} \iff x = y$$

Le vecteur $\vec{u}_1 = \begin{pmatrix} 1 \\ 1 \end{pmatrix}$ est donc un vecteur propre associé à la valeur propre -1.

De même :

$$A \times \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} = -2 \begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} \iff \begin{cases} -x = -2x \\ x - 2y = -2y \end{cases} \iff x = 0$$

Le vecteur $\vec{u}_2 = \begin{pmatrix} 0 \\ 1 \end{pmatrix}$ est donc un vecteur propre associé à la valeur propre -2.

(b)

$$P = (\vec{u}_1 \quad \vec{u}_2) = \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 1 & 1 \end{pmatrix}$$

convient.

(c)

$$P^{-1} = \frac{1}{\det(P)} \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ -1 & 1 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ -1 & 1 \end{pmatrix}$$

7. Il s'agit de montrer que :

$$\begin{pmatrix} \frac{dz_1}{dt} \\ \frac{dz_2}{dt} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \lambda_1 & 0 \\ 0 & \lambda_2 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} z_1 \\ z_2 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \end{pmatrix}$$

c'est-à-dire que :

$$\frac{d\vec{z}}{dt} = D\vec{z} + \begin{pmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \end{pmatrix}$$

soit :

$$\frac{dP^{-1}\vec{x}}{dt} = DP^{-1}\vec{x} + P^{-1}B$$

Le premier terme étant égal à $P^{-1}\frac{d\vec{x}}{dt}$, cette équation revient en multipliant tout par P (inversible) :

$$PP^{-1}\frac{d\vec{x}}{dt} = PDP^{-1}\vec{x} + PP^{-1}B$$

soit

$$\frac{d\vec{x}}{dt} = A\vec{x} + B$$

8. On a :

$$\begin{pmatrix} b_1 \\ b_2 \end{pmatrix} = P^{-1}B = \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ -1 & 1 \end{pmatrix} \times \begin{pmatrix} a \\ 0 \end{pmatrix}$$

donc :

$$\begin{cases} \frac{dz_1}{dt} = -z_1 + a \\ \frac{dz_2}{dt} = -2z_2 - a \end{cases}$$

Ces deux équations différentielles étant découplées on les résout indépendamment et on trouve, en additionnant solution de l'équation homogène (en rouge) et solution particulière (en bleu) :

$$\begin{cases} z_1(t) = C_1 e^{-t} + a \\ z_2(t) = C_2 e^{-2t} - \frac{a}{2} \end{cases}$$

où C_1 et C_2 sont des constantes à déterminer en fonction des conditions initiales. Celles-ci valent :

$$\begin{cases} z_1(0) = m_0 = C_1 + a \\ z_2(0) = p_0 - m_0 = C_2 - \frac{a}{2} \end{cases}$$

et finalement :

$$\begin{cases} z_1(t) = (m_0 - a) e^{-t} + a \\ z_2(t) = (p_0 - m_0 + \frac{a}{2}) e^{-2t} - \frac{a}{2} \end{cases}$$

9. $\vec{z} = P^{-1}\vec{x}$ donc $\vec{x} = P\vec{z} = \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 1 & 1 \end{pmatrix} \times \begin{pmatrix} z_1 \\ z_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} z_1 \\ z_1 + z_2 \end{pmatrix}$ d'où par la question précédente :

$$\begin{pmatrix} m(t) \\ p(t) \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} (m_0 - a) e^{-t} + a \\ (m_0 a) e^{-t} + a + (p_0 - m_0 + \frac{a}{2}) e^{-2t} - \frac{a}{2} \end{pmatrix}$$

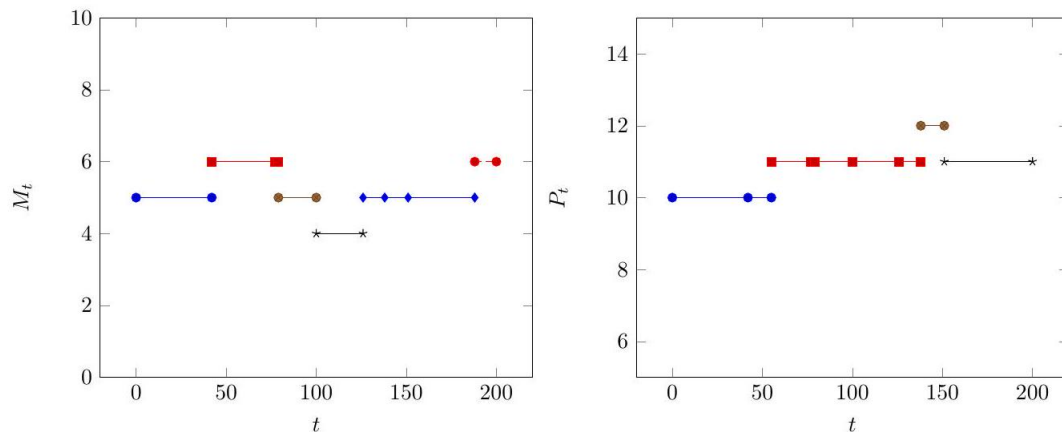
10. On aurait aussi pu résoudre la première équation, la réinjecter dans la seconde et la résoudre par la méthode de variation de la constante.

6.2 Partie 2 : Un second modèle : un modèle probabiliste

6.2.1 Sous-Partie 2.1 : Introduction du modèle

11. Au bout de 3 min soit 180 s il y a eu :

- 3 transcription donc apparition de 3 brin d'ARNm ;
 - 2 traduction donc apparition de 2 protéines ;
 - 2 dégradation d'ARNm ;
 - 1 dégradation de protéine
- il reste donc $5 + 3 - 2 = 6$ brins d'ARNm et $10 + 2 - 1 = 11$ protéines.



12. (a) $M_{T_k} = M_{T_{k-1}} + 1$ et $P_{T_k} = P_{T_{k-1}}$

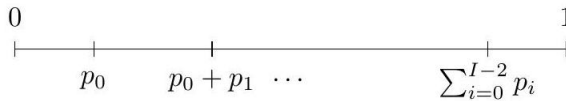
- (b) $M_{T_k} = M_{T_{k-1}}$ et $P_{T_k} = P_{T_{k-1}} + 1$
- (c) $M_{T_k} = M_{T_{k-1}} - 1$ et $P_{T_k} = P_{T_{k-1}}$
- (d) $M_{T_k} = M_{T_{k-1}}$ et $P_{T_k} = P_{T_{k-1}} - 1$

6.2.2 Sous-Partie 2.2 : Tirage aléatoire de la réaction

13. C'est un indicateur de l'intensité de réaction dans le système : plus il est élevé et plus les réactions sont fréquentes
14. Lorsque M_t augmente à P_t constant la proportion de brins d'ARN messenger augmente par rapport à celle de protéines ou de la quantité permanente d'ADN donc il y a plus de chance que la réaction tirée soit B ou C . En revanche la probabilité de tirer A ou D diminue.
15. (a) Une loi de Bernoulli de paramètre p ;
- (b) Attention cette question comporte une erreur. Le jury a pris les dispositions nécessaires en valorisant tous les éléments de raisonnement ou de réponse cohérents. Il faut partir de :

$$\mathbb{P}(X = a_i) = \mathbb{P}\left(U \in \left[\sum_{j=0}^{i-1} p_j, \sum_{j=0}^i p_j\right]\right)$$

Comme U suit une loi uniforme on a $\mathbb{P}\left(U \in \left[\sum_{j=0}^i p_j, \sum_{j=0}^{i-1} p_j\right]\right) = \sum_{j=0}^i p_j - \sum_{j=0}^{i-1} p_j = p_i$.
Ceci nous donne l'idée de décomposer l'intervalle $[0,1]$ ainsi :



et de tirer aléatoirement une variable aléatoire uniforme

sur $[0,1]$: si elle tombe dans le i ème intervalle alors on affectera X à a_i (en commençant par le 0ième intervalle).

```
(c) def loi_discrete_finie(liste_p) :
    I = len(liste_p)
    X = random()
    pcumul = 0
    for i in range(I) :
        pcumul = pcumul+liste_p[i]
        if X <= pcumul :
            return i
```

```
16. def reaction ( Mt, Pt ) :
    Rt = a + b*Mt + c Mt + d*Pt
    Proba = [a/Rt, b*Mt/Rt, c*Mt/Rt, d*Pt/Rt]
    choix = loi_discrete_finie(Proba)
    # autre solution
    # Chaîne='ABCD'
    # return Chaîne[choix]
    if choix == 0:
        return 'A'
    elif choix == 1:
        return 'B'
    elif choix == 2:
        return 'C'
    else:
        return 'D'
```

6.2.3 Sous-Partie 2.3 : Modélisation de la durée entre deux réactions

17. (a)

$$\mathbb{P}_{\Delta_k > t}(\Delta_k \geq t + s) = \frac{\mathbb{P}(\Delta_k \geq t + s)}{\mathbb{P}(\Delta_k \geq t)} = \frac{\exp(-r_{t_{k-1}}(t + s))}{\exp(-r_{t_{k-1}}t)} = \exp(-r_{t_{k-1}}s) = \mathbb{P}(\Delta_k \geq s) \quad (1)$$

(b) Justifier le choix de modéliser cette situation par une loi exponentielle.

La propriété précédente peut être interprétée ainsi : la loi exponentielle est une loi sans mémoire (modélisation des situations "sans vieillissement")

18. D'après le cours on a $\mathbb{E}[\Delta_k] = 1/r_{t_{k-1}} \cdot r_{t_{k-1}}$ représente l'intensité avec laquelle ont lieu les réactions : plus $r_{t_{k-1}}$ est grand, plus il y a d'individu, et donc plus la durée entre deux réactions devrait être faible. En choisissant $r_{t_{k-1}}$ comme paramètre, on assure qu'ainsi la durée moyenne avant la prochaine réaction (si on refaisait l'expérience une infinité de fois) est $\mathbb{E}[\Delta_k] = 1/r_{t_{k-1}}$, soit d'autant plus faible que $r_{t_{k-1}}$ est élevé.
19. Soit Z une variable aléatoire Z de loi exponentielle $\mathcal{E}(\mu)$. La fonction de répartition F_Z de Z est définie pour tout t par :

$$F_Z(t) = \mathbb{P}(Z \leq t) = \int_{-\infty}^t f_Z(z) dz$$

avec f_Z la densité de Z . Comme Z suit une loi exponentielle $\mathcal{E}(\mu)$ on a donc :

$$F_Z(t) = \begin{cases} \int_0^t \frac{1}{\mu} \exp(-z\mu) dz & \text{si } t > 0 \\ 0 & \text{sinon} \end{cases}$$

$$= \begin{cases} [-\exp(-z\mu)]_0^t = 1 - e^{-t\mu} & \text{si } t > 0 \\ 0 & \text{sinon} \end{cases}$$

De même la fonction de répartition F_Δ de Δ est définie par

$$F_\Delta(t) = \mathbb{P}(\Delta \leq t) = \mathbb{P}\left(-\frac{1}{\mu} \ln(U) \leq t\right) = \mathbb{P}\left(\ln\left(\frac{1}{U}\right) \leq t\mu\right)$$

d'où comme la fonction exponentielle est croissante :

$$F_\Delta(t) = \mathbb{P}\left(\frac{1}{U} \leq \exp(t\mu)\right)$$

et comme les termes sont positifs, en appliquant la formule de transfert à U dont la densité est la fonction indicatrice de $[0,1]$:

$$F_\Delta(t) = \mathbb{P}(\exp(-t\mu) \leq U)$$

$$= \int_{e^{-t\mu}}^1 du$$

$$= [u]_{e^{-t\mu}}^1$$

$$= 1 - e^{-t\mu}$$

La fonction de répartition caractérise la loi donc en remarquant qu'on trouve la même fonction de répartition aux deux questions précédentes on conclut que $\Delta \sim \mathcal{E}(\mu)$.

```
20. def duree (Mt,Pt):
    Rt = a + b*Mt + c*Mt + d*Pt
    Delta = -np.log(random())/Rt
    return Delta
```

6.2.4 Sous-Partie 2.4 : Simulation de trajectoire-Algorithmme de Gillespie

```
21. def trajectoire(tmax):
    liste_T = [0]
    liste_M = [m0]
    liste_P = [p0]

    i=0
    while liste_T[i] < tmax:
        DeltaT = duree(liste_M[i],liste_P[i])
        liste_T.append(liste_T[i]+DeltaT)
```

```

typeR = reaction(liste_M[i],liste_P[i])
if typeR == 'A' :
    liste_M.append(liste_M[i]+1)
    liste_P.append(liste_P[i])
elif typeR=='B' :
    liste_M.append(liste_M[i])
    liste_P.append(liste_P[i]+1)
elif typeR=='C' :
    liste_M.append(liste_M[i]-1)
    liste_P.append(liste_P[i])
else :
    liste_M.append(liste_M[i])
    liste_P.append(liste_P[i]-1)
i = i+1
liste_T[i] = tmax
liste_M[i] = liste_M[i-1]
liste_P[i] = liste_P[i-1]

return [liste_T,liste_M,liste_P]

```

Sans les lignes 24, 25 et 26 la boucle s'arrêterait au dernier instant de réaction avant tmax, ces lignes permettent de rajouter les valeurs des trajectoires en tmax ce qui sera utile pour la partie 3.

6.3 Partie 3 : Limite grande population

6.3.1 Sous-Partie 3.1 : Propriétés théoriques

22. Deux trajectoires ne partagent pas leurs instants de réaction, or la fonction trajectoire ne stocke que les instants de réactions, pour pouvoir moyenner deux trajectoires issues de cette fonction il va falloir concaténer les deux supports des trajectoires.
23. (a) Cette partie du code permet de stocker dans de nouvelles listes les valeurs des trajectoires en tous les points de l'union des deux supports.
- (b) Elle fait la même chose mais dans le cas où l'instant est un instant commun aux deux supports. Cela arrive notamment toujours en $t_{\max}$ puis trajectoire rajoute toujours cet instant aux supports.
- (c) La fonction aligne donne les valeurs des deux trajectoires en tous les points de l'union des deux supports pour faciliter le calcul de la moyenne des deux trajectoires par la suite.

```

24. def moyennes(tmax, n):
    for i in range(n):
        [liste_T,liste_M,liste_P] = trajectoire(tmax)
        if i == 0:
            nbmoy = 1
            Tmoy = liste_T
            Mmoy = liste_M
            Pmoy = liste_P
        else:
            [Tmoy,Mmoy,Pmoy,liste_M,liste_P]=aligne(Tmoy,Mmoy,Pmoy,liste_T,liste_M,liste_P)
            for i in range(len(Tmoy)):
                Mmoy[i] = (nbmoy*Mmoy[i]+liste_M[i])/(nbmoy+1)
                Pmoy[i] = (nbmoy*Pmoy[i]+liste_P[i])/(nbmoy+1)
            nbmoy = nbmoy+1
    return [Tmoy,Mmoy,Pmoy]

```

25. La moyenne d'un nombre infini de trajectoires du modèle probabiliste est la solution du modèle déterministe. C'est cohérent car le modèle déterministe fait l'hypothèse implicite que la quantité de protéine est assimilable à un flux et donc que le nombre de cellules est grand. La variance d'une trajectoire ne dépend pas du temps, la variabilité est donc une qualité intrinsèque de la population bactérienne. Plus celle-ci est grande et plus la trajectoire sur un site peut être différente de

celle des autres sites. On verra en partie 3.1 que cette caractéristique est importante car elle caractérise la capacité de la population bactérienne à s'adapter à son milieu.

26. L'espérance étant linéaire :

$$\mathbb{E}[\bar{P}_t] = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \mathbb{E}[P_t^{(i)}] = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n p(t) = p(t)$$

En moyenne sur un nombre infini d'observations $\bar{P}_t$ estime bien $p(t)$.

De plus les trajectoires étant indépendantes :

$$\text{var}(\bar{P}_t) = \frac{1}{n^2} \sum_{i=1}^n \text{var}(P_t^{(i)}) = \frac{\sigma^2}{n}$$

Enfin par la loi des grands nombres, la limite de $\bar{P}_t$ est $p(t)$ pour tout $t \in \mathbb{N}$. Ainsi par la LGN (il existe un moment d'ordre 1) lorsque n augmente, la moyenne des trajectoires va se rapprocher de la trajectoire moyenne qui est la trajectoire déterministe étudiée à la Partie 1, $\bar{P}_t$ est un estimateur consistant de $p(t)$.

6.3.2 Sous-Partie 3.2 : Application à la problématique de survie de la population de bactéries

27. L'antibiotique affecte le flux de transcription d'ADN en le diminuant : il inhibe l'action de l'ADN. On s'attend à ce que quand la dose d'antibiotique tend vers l'infini la probabilité d'extinction de la bactérie augmente, idéalement qu'elle tende vers 1.

28. Parce qu'il précède, lorsqu'il n'y a pas d'antibiotique on trouve :

$$\lim_{t \rightarrow \infty} p(t) = \frac{ab}{cd}$$

ainsi

$$p^* = \frac{ab}{cd}$$

et

$$p_\infty = \frac{ae^{-\theta}b}{cd}$$

en remplaçant a par le flux sous antibiotique. Finalement :

$$p^* - p_\infty = \frac{ab(1 - e^{-\theta})}{cd}$$

29. On applique l'inégalité de Bienaymé-Tchebychev à la variable $P_t^{(i)}$ qui possède bien un moment d'ordre 2 :

$$\mathbb{P}\left(\left|P_t^{(i)} - \mathbb{E}[P_t^{(i)}]\right| \geq a\right) \leq \frac{\sigma^2}{a^2}$$

pour tout $a > 0$.

Comme $\mathbb{E}[P_t^{(i)}] = p(t)$, en prenant $a = p^* - p(t)$ (a est bien strictement positif car p^* est la limite de p croissante) on obtient :

$$\mathbb{P}\left(\left|P_t^{(i)} - p(t)\right| \geq p^* - p(t)\right) \leq \frac{\sigma^2}{(p^* - p(t))^2}$$

et finalement en remarquant que :

$$\mathbb{P}\left(P_t^{(i)} - p(t) \geq p^* - p(t)\right) \leq \mathbb{P}\left(\left|P_t^{(i)} - p(t)\right| \geq p^* - p(t)\right)$$

puisque $|x| \geq x$.

30. La fonction p est croissante et tend vers p_∞ donc

$$\frac{1}{(p^* - p(t))^2} \leq \frac{1}{(p^* - p_\infty)^2}$$

Ainsi par les deux questions précédentes

$$\mathbb{P}\left(P_t^{(i)} - p(t) \geq p^* - p(t)\right) \leq \frac{\sigma^2}{(p^* - p_\infty)^2} = \left(\frac{\sigma cd}{ab(1 - e^{-\theta})}\right)^2$$

31. L'évènement "Extinction" correspond à $\bigcap_{i=1}^n \{P_t^{(i)} < p^*\}$, ainsi comme les trajectoires sont indépendantes :

$$\begin{aligned} \mathbb{P}(\text{Extinction}) &= \prod_{i=1}^n \mathbb{P}\left(P_t^{(i)} < p^*\right) \\ &= \left(\mathbb{P}\left(P_t^{(1)} < p^*\right)\right)^n \\ &= \left(1 - \mathbb{P}\left(P_t^{(i)} \geq p^*\right)\right)^n \end{aligned}$$

Et donc par la question précédente :

$$\mathbb{P}(\text{Extinction}) \geq \left(1 - \left(\frac{\sigma cd}{ab(1 - e^{-\theta})}\right)^2\right)^n$$

32. On trouve :

$$\lim_{\theta \rightarrow +\infty} \mathbb{P}(\text{Extinction}) \geq \left(1 - \left(\frac{\sigma cd}{ab}\right)^2\right)^n$$

Lorsqu'on fait tendre la dose d'antibiotique vers l'infini, la probabilité que la population de bactérie s'éteigne augmente et est bornée par $\left(1 - \left(\frac{\sigma cd}{ab}\right)^2\right)^n$

33. Lorsque la variabilité est faible, la probabilité que la population de bactérie survive est plus faible, en effet la trajectoire de la quantité de protéine n'a pas la possibilité de s'écarter de la solution déterministe qui se trouve strictement sous la valeur critique p^* . Ce terme σ peut donc être interprété comme un indice de résilience ou capacité du milieu à survivre aux changements. On ne trouve pas une probabilité certaine, soit parce que la borne mathématique n'est pas assez précise (c'est le cas ici) soit parce que l'antibiotique ne permet pas à lui seul de garantir l'extinction de la bactérie.