

Une Approche Particulière de l'Identification et de l'Inférence en Microbiologie Prévisionnelle

J.P. Gauchi, J.P. Vila, C. Bidot, J.C. Augustin,
L. Coroller, P. Del Moral



- ① Problèmes de Microbiologie Prévisionnelle
- ② Une structure de modélisation commune
- ③ Approches actuelles
- ④ Extensions Inférentielles
- ⑤ Perspectives

PROBLEMATIQUE MICROBIOLOGIQUE

Milieu d'origine : substrat alimentaire

Ex : contamination par *Listeria Monocytogenes*



◀ ◻ ▶ ◀ ◻ ▶ ◀ ≡ ▶ ◀ ≡ ▶ ≡

Recueil de données

Séries de prélèvements et de dilutions successives

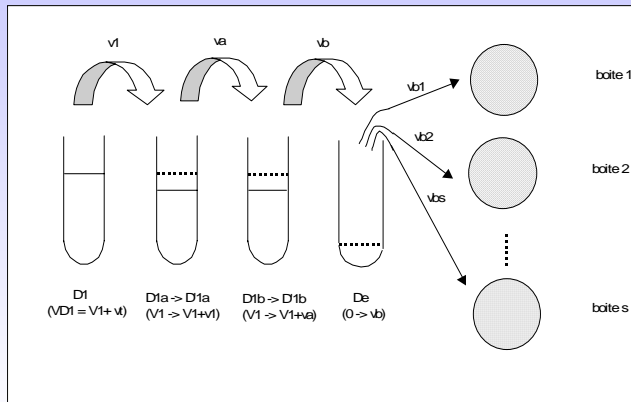


Schéma de dilution d'un tube D_1 .

Recueil de données - suite



Comptage bactérien en milieu de culture



Un modèle commun : HMM

Système à espace d'état non linéaire
observé indirectement :

(S)

$$\begin{cases} x_t \sim q_t(\cdot | x_{t-1}, \theta) \\ y_t \sim g_t(\cdot | x_t, \theta) \end{cases} \quad \text{ou} \quad \begin{cases} x_t = f_t(x_{t-1}, \theta, \varepsilon_t) \\ y_t = r_t(x_t, \theta, \eta_t) \end{cases}$$

$$x \in \mathbb{R}^d, \quad \theta \in \mathbb{R}^p, \quad y \in \mathbb{R}^s$$

Problème :

$$g_t(\cdot | x_t, \theta) : ?$$

Un modèle commun : HMM

Système à espace d'état non linéaire
observé indirectement :

(S)

$$\begin{cases} x_t \sim q_t(\cdot | x_{t-1}, \theta) \\ y_t \sim g_t(\cdot | x_t, \theta) \end{cases} \quad \text{ou} \quad \begin{cases} x_t = f_t(x_{t-1}, \theta, \varepsilon_t) \\ y_t = r_t(x_t, \theta, \eta_t) \end{cases}$$

$$x \in \mathbf{R}^d, \quad \theta \in \mathbf{R}^p, \quad y \in \mathbf{R}^s$$

Problème :

$$g_t(\cdot | x_t, \theta) : ?$$

Un modèle commun : HMM

Système à espace d'état non linéaire
observé indirectement :

(S)

$$\begin{cases} x_t \sim q_t(\cdot | x_{t-1}, \theta) \\ y_t \sim g_t(\cdot | x_t, \theta) \end{cases} \quad \text{ou} \quad \begin{cases} x_t = f_t(x_{t-1}, \theta, \varepsilon_t) \\ y_t = r_t(x_t, \theta, \eta_t) \end{cases}$$

$$x \in \mathbf{R}^d, \quad \theta \in \mathbf{R}^p, \quad y \in \mathbf{R}^s$$

Problème :

$$g_t(\cdot | x_t, \theta) : ?$$

⇒ inadaptation des techniques classiques

- ▶ *d'identification*
(MC, MV, EM, MCMC, Filtrage...)
- ▶ *d'inférence*
(test de rapport de vraisemblances,...)
- ▶ *de comparaison/sélection de modèles*
(AIC, BIC, Facteur de Bayes,...)
- ▶ *de détection de rupture de modèle*
(test CUSUM,...)

Des approches actuelles :

Des approches actuelles :

Méthodes SMC-ABC :

(Del Moral et al. 2011, Jasra et al. 2011)

Principe de base :

*Echantillonnages SMC dans des approximations ABC
d'une succession de densités cibles*

Des approches actuelles :

Filtrage à Convolution de Particules

(Rossi & Vila 2006)

Principe de base :

Estimations récursives non paramétriques des densités conditionnelles des variables d'état et des paramètres

Des approches actuelles :

Filtrage à Convolution de Particules

Principe de base :

Estimations récursives non paramétriques des densités conditionnelles des variables d'état et des paramètres



Adaptation à la Microbiologie Prévisionnelle

Plate-forme logicielle *FILTREX*

Filtrage à Convolution de Particules :

Filtrage à Convolution de Particules :

Objectif 1 : estimation en tout temps t de

- ▶ $p_t(x_t|y_1, \dots, y_t)$ et $E(x_t|y_1, \dots, y_t)$
- ▶ $p_t(\theta_t|y_1, \dots, y_t)$ et $E(\theta_t|y_1, \dots, y_t)$

Filtrage à Convolution de Particules :

Objectif 2 : combinaison avec les méthodes

- ▶ *d'inférence statistique*
- ▶ *de comparaison/sélection de modèles*
- ▶ *de détection statistique de rupture de modèle*
- ▶ *de contrôle stochastique*

Principe général : *estimation fonctionnelle non paramétrique des densités conditionnelles d'état*

Principe général : *estimation fonctionnelle non paramétrique des densités conditionnelles d'état*

Exemple :

Filtre à convolution de particules avec ré-échantillonnage

Principe général : *estimation fonctionnelle non paramétrique des densités conditionnelles d'état*

A chaque instant $t > 0$:

1. *Prédiction* : simulation de n particules

$$(\tilde{x}_t^i, \tilde{\theta}_t^i) \sim p_t^n(x, \theta | y_{1:t-1}), \quad i = 1, \dots, n:$$

► si $t = 1$:

$$\tilde{x}_1^i \sim q_1(x_0^i, \theta_0^i), \quad \tilde{\theta}_1^i = \theta_0^i, \quad \tilde{y}_1^i \sim g_1(\cdot | \tilde{x}_1^i, \tilde{\theta}_1^i)$$

► si $t > 1$:

$$(x_{t-1}^i, \theta_{t-1}^i) \sim p_{t-1}^n(x, \theta | y_{1:t-1})$$

$$\tilde{x}_t^i \sim q_t(x_{t-1}^i, \theta_{t-1}^i), \quad \tilde{\theta}_t^i = \theta_{t-1}^i, \quad \tilde{y}_t^i \sim g_t(\cdot | \tilde{x}_t^i, \tilde{\theta}_t^i)$$

Principe général : *estimation fonctionnelle non paramétrique des densités conditionnelles d'état*

A chaque instant $t > 0$:

2. *Correction* :

$$p_t^n(x|y_{1:t}) = \frac{\sum_{i=1}^n K_h^y(\tilde{y}_t^i - y_t) K_h^x(\tilde{x}_t^i - x)}{\sum_{i=1}^n K_h^y(\tilde{y}_t^i - y_t)}$$

$$p_t^n(\theta|y_{1:t}) = \frac{\sum_{i=1}^n K_h^y(\tilde{y}_t^i - y_t) K_h^\theta(\tilde{\theta}_t^i - \theta)}{\sum_{i=1}^n K_h^y(\tilde{y}_t^i - y_t)}$$

$$t = t + 1$$

Propriétés principales

Propriétés principales

Convergences fonctionnelles L_1 p.s

$$\begin{cases} \lim_{n \rightarrow \infty} \frac{nh_n^{s+d+p}}{\log n} = \infty \\ \lim_{n \rightarrow \infty} h_n = 0 \end{cases} \implies$$

$$\lim_{n \rightarrow \infty} \|p_t^n(x|y_{1:t}) - p_t(x|y_{1:t})\|_{L_1} = 0 \quad \text{p.s.}$$

$$\lim_{n \rightarrow \infty} \|p_t^n(\theta|y_{1:t}) - p_t(\theta|y_{1:t})\|_{L_1} = 0 \quad \text{p.s.}$$

(Rossi & Vila 2005, 2006)

Propriétés principales

Convergences ponctuelles p.s.

$$\begin{cases} h_n = O(n^{-\beta/(s+d+2p)}) \\ 0 < \beta < 1/2 \end{cases} \implies$$

$$\lim_{n \rightarrow \infty} p_t^n(x|y_{1:t}) = p_t(x|y_{1:t}) \quad p.s.$$

$$\lim_{n \rightarrow \infty} p_t^n(\theta|y_{1:t}) = p_t(\theta|y_{1:t}) \quad p.s.$$

(Vila 2011)

Propriétés principales

Convergences ponctuelles p.s.

$$\forall t \text{ soit } \hat{x}_t^n = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n x_t^i \quad \text{et} \quad \hat{\theta}_t^n = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \theta_t^i$$

alors

$$\lim_{n \rightarrow \infty} |\hat{x}_t^n - \mathbb{E}[x_t | y_{1:t}]| = 0 \quad \text{p.s.}$$

$$\lim_{n \rightarrow \infty} |\hat{\theta}_t^n - \mathbb{E}[\theta_t | y_{1:t}]| = 0 \quad \text{p.s.}$$

De plus :

$$\lim_{t \rightarrow \infty} \mathbb{E}[\theta | y_{1:t}] = \theta^* \quad \text{p.s.} \quad \implies \quad \lim_{n, t \rightarrow \infty} |\hat{\theta}_t^n - \theta^*| = 0 \quad \text{p.s.}$$

Ex : Dynamique de *Listeria Monocytogenes*

Modèle Primaire : Modèle de Baranyi II

$$\begin{aligned} \text{▶ } X_{t+1} = \\ \delta x_0 \exp(\mu_{\max} A_t) \frac{1}{B_t} \left(\mu_{\max} \frac{dA_t}{dt} - \frac{dB_t}{dt} \frac{1}{B_t} \right) + x_t + \varphi_t \end{aligned}$$

avec

$$\text{▶ } A_t = t + \frac{1}{\mu_{\max}} \ln(\exp(-\mu_{\max} t) + \exp(-\mu_{\max} \lambda) - \exp(-\mu_{\max} t - \mu_{\max} \lambda))$$

$$\text{▶ } B_t = 1 + \frac{\exp(\mu_{\max} A_t) - 1}{\frac{N_{\max}}{N_0}}$$

Ex : Dynamique de *Listeria Monocytogenes*

Modèle Primaire : Modèle de Baranyi II

$$\begin{aligned} &\triangleright X_{t+1} = \\ &\delta x_0 \exp(\mu_{\max} A_t) \frac{1}{B_t} \left(\mu_{\max} \frac{dA_t}{dt} - \frac{dB_t}{dt} \frac{1}{B_t} \right) + x_t + \varphi_t \end{aligned}$$

avec

$$\triangleright A_t = t + \frac{1}{\mu_{\max}} \ln(\exp(-\mu_{\max} t) + \exp(-\mu_{\max} \lambda) - \exp(-\mu_{\max} t - \mu_{\max} \lambda))$$

$$\triangleright B_t = 1 + \frac{\exp(\mu_{\max} A_t) - 1}{\frac{N_{\max}}{N_0}}$$

Ex : Dynamique de *Listeria Monocytogenes*

Modèle Primaire : Modèle de Baranyi II

$$\begin{aligned} &\triangleright X_{t+1} = \\ &\delta x_0 \exp(\mu_{\max} A_t) \frac{1}{B_t} \left(\mu_{\max} \frac{dA_t}{dt} - \frac{dB_t}{dt} \frac{1}{B_t} \right) + x_t + \varphi_t \end{aligned}$$

avec

$$\triangleright A_t = t + \frac{1}{\mu_{\max}} \ln(\exp(-\mu_{\max} t) + \exp(-\mu_{\max} \lambda) - \exp(-\mu_{\max} t - \mu_{\max} \lambda))$$

$$\triangleright B_t = 1 + \frac{\exp(\mu_{\max} A_t) - 1}{\frac{N_{\max}}{N_0}}$$

Ex : Dynamique de *Listeria Monocytogenes*

Modèle Primaire : Modèle de Baranyi II

$$\begin{aligned} &\triangleright X_{t+1} = \\ &\delta x_0 \exp(\mu_{max} A_t) \frac{1}{B_t} \left(\mu_{max} \frac{dA_t}{dt} - \frac{dB_t}{dt} \frac{1}{B_t} \right) + x_t + \varphi_t \end{aligned}$$

avec

$$\triangleright A_t = t + \frac{1}{\mu_{max}} \ln(\exp(-\mu_{max} t) + \exp(-\mu_{max} \lambda) - \exp(-\mu_{max} t - \mu_{max} \lambda))$$

$$\triangleright B_t = 1 + \frac{\exp(\mu_{max} A_t) - 1}{\frac{N_{max}}{N_0}}$$

Données : ENV-Alfort (J.C. Augustin)

Données : ENV-Alfort (J.C. Augustin)

Protocole :

- ▶ 10 instants de prélèvement (heures) :
1, 72, 120, 168, 240, 264, 288, 336, 408, 504.
- ▶ 3 prélèvements par instants.
- ▶ Facteurs de dilution :
 $1(1 - 120)$, $0.1(168)$, $10^{-3}(240 - 264)$,
 $10^{-4}(288 - 408)$, $10^{-5}(504)$.

Données : ENV-Alfort (J.C. Augustin)

Lois a priori :

- ▶ $\mu_{max} \sim U [0.01 - 2.]$
- ▶ $\lambda \sim U [20. - 50.]$
- ▶ $x_0 \sim U [100 - 400]$
- ▶ $x_{max} \sim U [10^8 - 10^9]$

Données : ENV-Alfort (J.C. Augustin)

Pas de temps du filtrage :

$$\delta = 24h.$$

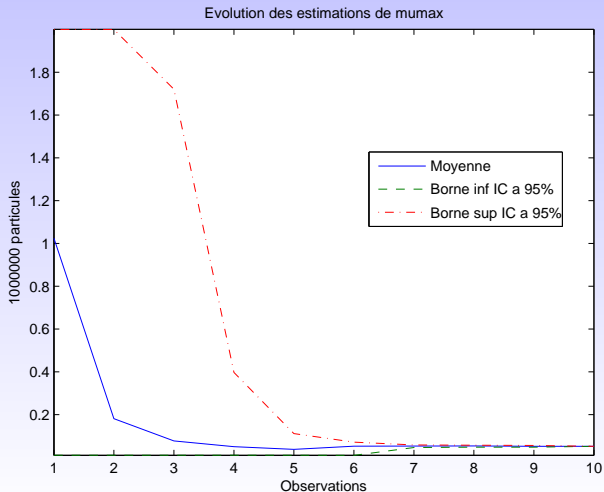
Données : ENV-Alfort (J.C. Augustin)

Nombre de particules :

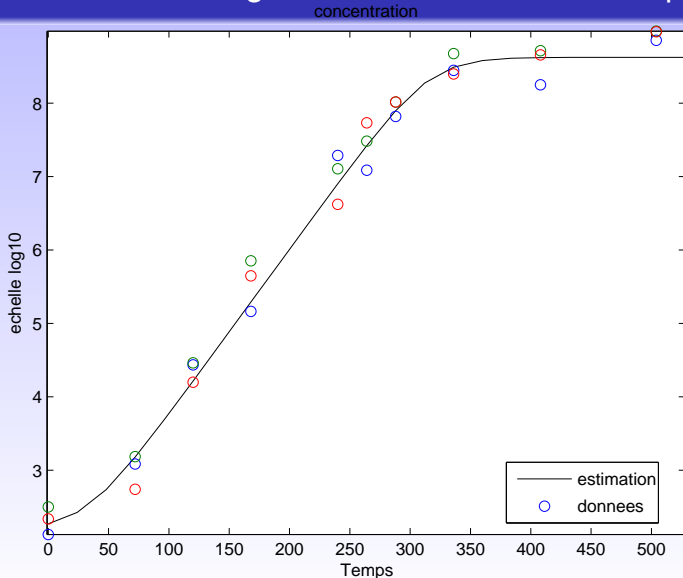
$$n = 10^5.$$

Identification du modèle de Baranyi :

Estimation par filtrage de μ_{max} : 0.051780



Résultats du filtrage : estimation de la cinétique de Baranyi



Temps d'exécution : 66 s. (pentium)

Extensions statistiques du filtrage à convolution

- ▶ *Sélection bayésienne de modèles :
estimation particulière de **Facteurs de Bayes***
- ▶ *Détection de rupture de modèle
(test séquentiel **CUSUM**,...)*
- ▶ *Construction de prédicteurs particulières à **k** pas
en avant :*
$$p_{t+k}^n(x|y_1, \dots, y_t) \text{ et } p_{t+k}^n(\theta|y_1, \dots, y_t)$$
- ▶ ***Contrôle prédictif** de prolifération bactérienne*

Extensions statistiques du filtrage à convolution

- ▶ *Sélection bayésienne de modèles :
estimation particulière de **Facteurs de Bayes***
- ▶ *Détection de rupture de modèle
(test séquentiel **CUSUM**,...)*
- ▶ *Construction de prédicteurs particulières à **k** pas
en avant :*
$$p_{t+k}^n(x|y_1, \dots, y_t) \text{ et } p_{t+k}^n(\theta|y_1, \dots, y_t)$$
- ▶ ***Contrôle prédictif** de prolifération bactérienne*

Extensions statistiques du filtrage à convolution

- ▶ *Sélection bayésienne de modèles :
estimation particulière de **Facteurs de Bayes***
- ▶ *Détection de rupture de modèle
(test séquentiel **CUSUM**,...)*
- ▶ *Construction de prédicteurs particulières à **k** pas
en avant :*
$$p_{t+k}^n(x|y_1, \dots, y_t) \text{ et } p_{t+k}^n(\theta|y_1, \dots, y_t)$$
- ▶ *Contrôle prédictif de prolifération bactérienne*

Extensions statistiques du filtrage à convolution

- ▶ *Sélection bayésienne de modèles :
estimation particulière de **Facteurs de Bayes***
- ▶ *Détection de rupture de modèle
(test séquentiel **CUSUM**,...)*
- ▶ *Construction de prédicteurs particulières à **k** pas
en avant :*
$$p_{t+k}^n(x|y_1, \dots, y_t) \quad \text{et} \quad p_{t+k}^n(\theta|y_1, \dots, y_t)$$
- ▶ *Contrôle prédictif de prolifération bactérienne*

Extensions statistiques du filtrage à convolution

- ▶ *Sélection bayésienne de modèles :
estimation particulière de **Facteurs de Bayes***
- ▶ *Détection de rupture de modèle
(test séquentiel **CUSUM**,...)*
- ▶ *Construction de prédicteurs particulières à **k** pas
en avant :*
$$p_{t+k}^n(x|y_1, \dots, y_t) \quad \text{et} \quad p_{t+k}^n(\theta|y_1, \dots, y_t)$$
- ▶ ***Contrôle prédictif** de prolifération bactérienne*

Plan d'échantillonnage optimal pour le filtrage

Objectifs : Favoriser l'estimation des paramètres par filtrage

⇒ choix des instants d'observations ?

Principe : Maximisation séquentielle de coefficients de sensibilité.

⇒ Accélération du rétrécissement des densités conditionnelles $p_t(\theta|y_0, \dots, y_t)$ autour de leurs modes.

Application à *Listeria Monocytogenes*

Recherche d'un plan d'échantillonnage optimal selon le modèle de Baranyi

- ▶ Domaine paramétrique :

$$[140; 260]_{x_0}; [0.5 \times 10^8; 10 \times 10^8]_{x_{\max}};$$
$$[0.01; 0.09]_{\mu_{\max}}; [10; 110]_{\lambda}$$

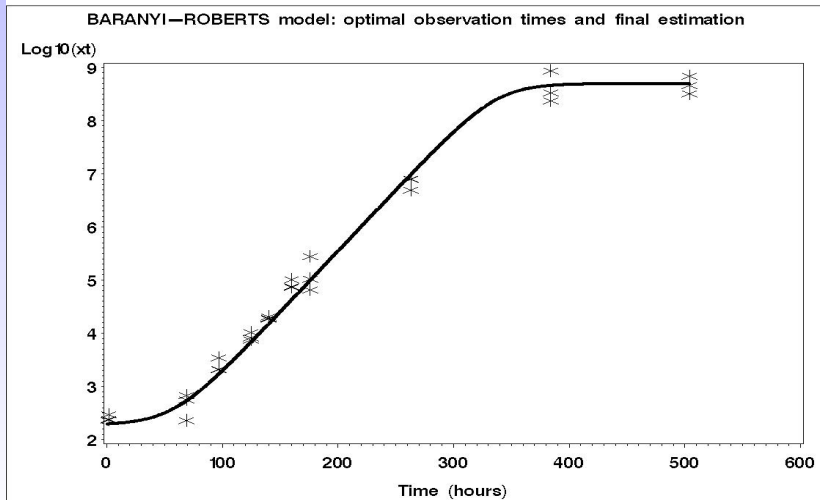
- ▶ Simulation de croissance avec :

$$x_0 = 200, x_{\max} = 5 \times 10^8, \mu_{\max} = 0.05, \lambda = 50.$$

\implies Plan optimal pour le filtrage (pour $H = 10$) :

$$t^* = 2, 69, 97, 125, 140, 160, 176, 263, 384, 504$$

Application à *Listeria Monocytogenes*



Application à *Listeria Monocytogenes*

Résultats :

(vraies valeurs : $x_0 = 200$, $x_{max} = 5 \times 10^8$, $\mu_{max} = 0.050$, $\lambda = 50$)

paramètre	x_0	x_{max}	μ_{max}	λ
<i>estimation</i>	198	5.6×10^8	0.051	51.6
borne inférieure	193	5.3×10^8	0.049	48.6
borne supérieure	204	5.8×10^8	0.053	54.6

Application à *Listeria Monocytogenes*

Résultats :

(vraies valeurs : $x_0 = 200$, $x_{max} = 5 \times 10^8$, $\mu_{max} = 0.050$, $\lambda = 50$)

paramètre	x_0	x_{max}	μ_{max}	λ
<i>estimation</i>	198	5.6×10^8	0.051	51.6
borne inférieure	193	5.3×10^8	0.049	48.6
borne supérieure	204	5.8×10^8	0.053	54.6

A comparer à ceux obtenus par le protocole initial des microbiologistes :

paramètre	x_0	x_{max}	μ_{max}	λ
<i>estimation</i>	196	5.85×10^8	0.054	65.1
borne inférieure	191	5.7×10^8	0.053	61.7
borne supérieure	200	6.0×10^8	0.055	68.5

Application à *Listeria Monocytogenes*

Résultats :

(vraies valeurs : $x_0 = 200$, $x_{max} = 5 \times 10^8$, $\mu_{max} = 0.050$, $\lambda = 50$) :

paramètre	x_0	x_{max}	μ_{max}	λ
<i>estimation</i>	198	5.6×10^8	0.051	51.6
borne inférieure	193	5.3×10^8	0.049	48.6
borne supérieure	204	5.8×10^8	0.053	54.6

Application à *Listeria Monocytogenes*

Résultats :

(vraies valeurs : $x_0 = 200$, $x_{max} = 5 \times 10^8$, $\mu_{max} = 0.050$, $\lambda = 50$) :

paramètre	x_0	x_{max}	μ_{max}	λ
<i>estimation</i>	198	5.6×10^8	0.051	51.6
borne inférieure	193	5.3×10^8	0.049	48.6
borne supérieure	204	5.8×10^8	0.053	54.6

...et avec les estimations obtenues à partir d'un protocole naïf :
10 temps équidistribués entre $t = 0$ et $t = 504$:

paramètre	x_0	x_{max}	μ_{max}	λ
<i>estimation</i>	195	5.29×10^8	0.055	64.0
borne inférieure	191	5.11×10^8	0.053	59.6
borne supérieure	199	5.47×10^8	0.056	68.4

Perspectives

Perspectives

Fonctionnalités FILTREX en projet :

- ▶ Modélisation multi-espèce et inférence.
- ▶ Caractérisation de dysfonctionnements de dispositifs de conservation.
- ▶ Caractérisation et simulation d'évènements rares.
- ▶ Contrôle d'évolutions bactériennes (par action sur facteurs de milieu)

Merci pour votre attention

Comparaison / Sélection bayésienne particulière de modèles dynamiques

- ▶ Soit : M_1, M_2 deux modèles probabilistes candidats.
- ▶ Soit : $Y = (y_1, \dots, y_T) = y_{1:T}$, T observations.

Comparaison / Sélection bayésienne particulière de modèles dynamiques

- ▶ Soit : M_1, M_2 deux modèles probabilistes candidats.
- ▶ Soit : $Y = (y_1, \dots, y_T) = y_{1:T}$, T observations.

Rappel : *Facteur de Bayes*

$$B_{12} = \frac{p_1(Y)}{p_2(Y)}$$

avec $p_i(Y) = \int_{\Theta_i} p_i(Y|\theta) p_i(\theta) d\theta \quad i = 1, 2.$

Comparaison / Sélection de Modèles - suite

Remarque :

$$p(Y) = p(y_{1:T}) = p(y_1) \prod_{t=1}^{T-1} p(y_{t+1} | y_{1:t})$$

Comparaison / Sélection de Modèles - suite

Remarque :

$$p(Y) = p(y_{1:T}) = p(y_1) \prod_{t=1}^{T-1} p(y_{t+1} | y_{1:t})$$

\implies *Estimation convergente du Facteur de Bayes :*

$$B_{12}^n = \frac{p_1^n(Y)}{p_2^n(Y)} \xrightarrow{n \rightarrow \infty} B_{12} = \frac{p_1(Y)}{p_2(Y)} \quad p.s.$$

avec

$$p^n(Y) = p_1^n(y_1) \prod_{t=1}^{T-1} p_{t+1}^n(y_{t+1} | y_{1:t}), \quad i = 1, 2$$

$$\text{et} \quad p_{t+1}^n(y_{t+1} | y_{1:t}) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n K_{h_n}^y(y_{t+1} - \tilde{y}_{t+1}^i)$$

Application : Comparaison Baranyi / Rosso

$$B_{B/R}^n(t) = \frac{p_{Baranyi}^n(y_{0:t})}{p_{Rosso}^n(y_{0:t})}$$

Pour $n = 10^4$

$t = 1, 72, 120, 168, 240, 264, 288, 336, 408, 504$:

t	1	72	120	168	240
$B_{B/R}^n(t)$	0.934	0.938	0.941	0.944	0.944

t	264	288	336	408	504
$B_{B/R}^n(t)$	0.925	0.889	0.922	0.591	0.817

Plan d'échantillonnage optimal pour le filtrage

Objectifs : Favoriser l'estimation des paramètres par filtrage

⇒ choix des instants d'observations ?

Principe : Maximisation séquentielle de coefficients de sensibilité.

⇒ Accélération du rétrécissement des densités conditionnelles $p_t(\theta|y_0, \dots, y_t)$ autour de leurs modes.

Plan d'échantillonnage optimal pour le filtrage

Pour H temps d'observations futurs $\in [0, T]$
et $t_H \leq T$:

- 1 Soit $(t_1^*, t_2^*, \dots, t_H^*) =$
 $\arg \max_{\{t < t_1 < t_2 < \dots < t_{H-1} < t_H < T\}} C(t_1, t_2, \dots, t_{H-1}, t_H)$

avec $C(t_1, t_2, \dots, t_{H-1}, t_H) = \sum_{j=1}^{j=H} K(t_j)$.

$$t \longleftarrow t_1^*$$

$$H \longleftarrow H - 1$$

- 2 Observation de y_t
tant que $H > 0$ aller à 1.

Plan d'échantillonnage optimal pour le filtrage

Choix de K :

$$K(t) = Q(t)^T Q(t)$$

avec $Q(t) = \left(S_1(t), S_2(t), \dots, S_j(t), \dots, S_p(t) \right)$.

et $S_j(t) = \frac{\text{Var}(\mathbb{E}[y_t | \theta_{j,t}])}{\text{Var}(y_t)}$

(coefficient de sensibilité de Sobol).

$S_j(t)$, $j = 1, \dots, p$: estimés par simulation
particulaire à partir de $p_t^n(\theta_t | y_{t_1}, y_{t_2}, \dots, y_t)$.

Application à *Listeria Monocytogenes*

Recherche d'un plan d'échantillonnage optimal selon le modèle de Baranyi

- ▶ Domaine paramétrique :

$$[140; 260]_{x_0}; [0.5 \times 10^8; 10 \times 10^8]_{x_{\max}};$$
$$[0.01; 0.09]_{\mu_{\max}}; [10; 110]_{\lambda}$$

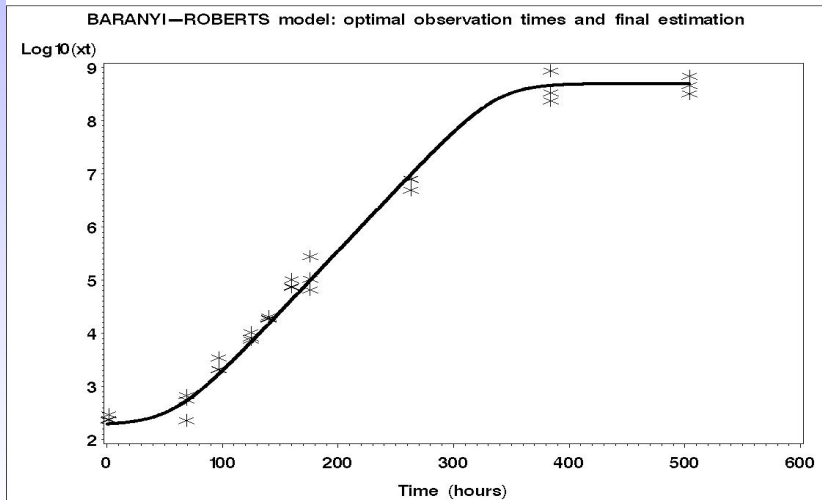
- ▶ Simulation de croissance avec :

$$x_0 = 200, x_{\max} = 5 \times 10^8, \mu_{\max} = 0.05, \lambda = 50.$$

\implies Plan optimal pour le filtrage (pour $H = 10$) :

$$t^* = 2, 69, 97, 125, 140, 160, 176, 263, 384, 504$$

Application à *Listeria Monocytogenes*



Application à *Listeria Monocytogenes*

Résultats :

(vraies valeurs : $x_0 = 200$, $x_{max} = 5 \times 10^8$, $\mu_{max} = 0.050$, $\lambda = 50$)

paramètre	x_0	x_{max}	μ_{max}	λ
<i>estimation</i>	198	5.6×10^8	0.051	51.6
borne inférieure	193	5.3×10^8	0.049	48.6
borne supérieure	204	5.8×10^8	0.053	54.6

Application à *Listeria Monocytogenes*

Résultats :

(vraies valeurs : $x_0 = 200$, $x_{max} = 5 \times 10^8$, $\mu_{max} = 0.050$, $\lambda = 50$)

paramètre	x_0	x_{max}	μ_{max}	λ
<i>estimation</i>	198	5.6×10^8	0.051	51.6
borne inférieure	193	5.3×10^8	0.049	48.6
borne supérieure	204	5.8×10^8	0.053	54.6

A comparer à ceux obtenus par le protocole initial des microbiologistes :

paramètre	x_0	x_{max}	μ_{max}	λ
<i>estimation</i>	196	5.85×10^8	0.054	65.1
borne inférieure	191	5.7×10^8	0.053	61.7
borne supérieure	200	6.0×10^8	0.055	68.5

Application à *Listeria Monocytogenes*

Résultats :

(vraies valeurs : $x_0 = 200$, $x_{max} = 5 \times 10^8$, $\mu_{max} = 0.050$, $\lambda = 50$) :

paramètre	x_0	x_{max}	μ_{max}	λ
<i>estimation</i>	198	5.6×10^8	0.051	51.6
borne inférieure	193	5.3×10^8	0.049	48.6
borne supérieure	204	5.8×10^8	0.053	54.6

Application à *Listeria Monocytogenes*

Résultats :

(vraies valeurs : $x_0 = 200$, $x_{max} = 5 \times 10^8$, $\mu_{max} = 0.050$, $\lambda = 50$) :

paramètre	x_0	x_{max}	μ_{max}	λ
estimation	198	5.6×10^8	0.051	51.6
borne inférieure	193	5.3×10^8	0.049	48.6
borne supérieure	204	5.8×10^8	0.053	54.6

...et avec les estimations obtenues à partir d'un protocole naïf :
10 temps équidistribués entre $t = 0$ et $t = 504$:

paramètre	x_0	x_{max}	μ_{max}	λ
estimation	195	5.29×10^8	0.055	64.0
borne inférieure	191	5.11×10^8	0.053	59.6
borne supérieure	199	5.47×10^8	0.056	68.4

Autres Travaux :

contrôle prédictif par retour d'état filtré

Critère : en $t = j$, pour un horizon H

$$\begin{aligned} J_H(U_{j:j+H-1}) \\ = \sum_{t=j}^{j+H-1} \mathbb{E} \left[c_{t+1}(x_{t+1}, U_t) \mid y_{1:j}, u_{0:j-1}, U_j, \dots, U_{t-1}, U_t \right] \end{aligned}$$

Algorithme :

- 1 Soit $u_j^*, \dots, u_{j+H-1}^* = \operatorname{argmin}_{U_j, \dots, U_{j+H-1}} J_H$.
- 2 appliquer le contrôle u_j^* au système
- 3 enregistrer y_{j+1} .
- 4 $j = j + 1$, retour à 1.

Autres Travaux :

contrôle prédictif par retour d'état filtré

Critère : en $t = j$, pour un horizon H

$$\begin{aligned} J_H(U_{j:j+H-1}) \\ = \sum_{t=j}^{j+H-1} \mathbb{E} \left[c_{t+1}(x_{t+1}, U_t) \mid y_{1:j}, u_{0:j-1}, U_j, \dots, U_{t-1}, U_t \right] \end{aligned}$$

Algorithme :

- 1 Soit $u_j^*, \dots, u_{j+H-1}^* = \operatorname{argmin}_{U_j, \dots, U_{j+H-1}} J_H$.
- 2 appliquer le contrôle u_j^* au système
- 3 enregistrer y_{j+1} .
- 4 $j = j + 1$, retour à 1.

Autres Travaux : *contrôle prédictif par retour d'état filtré*

Critère : en $t = j$, pour un horizon H

$$\begin{aligned} J_H(U_{j:j+H-1}) \\ = \sum_{t=j}^{j+H-1} \mathbb{E} \left[c_{t+1}(x_{t+1}, U_t) \mid y_{1:j}, u_{0:j-1}, U_j, \dots, U_{t-1}, U_t \right] \end{aligned}$$

Algorithme :

- 1 Soit $u_j^*, \dots, u_{j+H-1}^* = \operatorname{argmin}_{U_j, \dots, U_{j+H-1}} J_H$.
- 2 appliquer le contrôle u_j^* au système
- 3 enregistrer y_{j+1} .
- 4 $j = j + 1$, retour à 1.