
République Algérienne Démocratique et Populaire
MINISTÈRE DE L'ENSEIGNEMENT SUPÉRIEUR ET DE LA RECHERCHE
SCIENTIFIQUE
CENTRE UNIVERSITAIRE BELHADJ BOUCHAIB D'AÏN-TÉMOUCHENT



Institut des Sciences
Département des Mathématiques et de l'Informatique

MÉMOIRE

Pour l'obtention du Diplôme de Master en Mathématique
Option : Equations Différentielles et Modélisation

Présentée par :
Mlle. Inas ZENDAGUI

SUR LA MODÉLISATION DE L'ÉPIDÉMIOLOGIE

Encadrant :
Mr. BENTOUT SOUFIANE.
Maitre Assistant "B" à C.U.B.B.A.T.

Soutenu le : 05/06/2018.

Devant le jury composé de :

Président : Mr. BENIANI ABDERRAHMANE, (M.C.B) C.U.B.B.A.T.

Examinatrice : Mme. BENNAFLA DJAMILA, (M.C.B) C.U.B.B.A.T.

Encadrant : Mr. BENTOUT SOUFIANE, (M.A.B) C.U.B.B.A.T.

Remerciement

Nous tenons tout d'abord à remercier *Allah* le tout puissant et miséricordieux, qui nous a donné la force et la patience d'accomplir ce mémoire.

Je voudrais donner mes plus sincères remerciements à :

Mr. Bentout, mon encadrant de mémoire de fin d'étude, pour ses précieux conseils et son orientation.

Mr. Beniani, d'avoir accepté de présider mon jury de mémoire.

Mme. Bennafla, pour avoir acceptée d'être examinatrice de mon mémoire.

Enfin, j'adresse mes plus sincères remerciements à mes parents, mes frères et ma petite sœur pour leur contribution, leur soutien et leur patience, et à tous mes proches et mes amis, qui m'a toujours encouragée au cours de la réalisation de ce mémoire.

TABLE DES MATIÈRES

Introduction	1
1 Modèles compartimentaux en épidémiologie	3
1.1 Modèle de transmission de la maladie	3
1.2 Taux de reproduction de base	6
1.2.1 Interprétation biologique	7
1.2.2 Stabilité de l'équilibre sans maladie DFE	8
1.3 Applications	10
1.3.1 Modèle de Ross	10
1.3.2 Modèle Kermack et McKendrick	12
1.3.3 Modèle de traitement	14
2 Persistance uniforme de la maladie du modèle <i>SEIRS</i>	17
2.1 Interprétation du modèle <i>SEIRS</i>	18
2.2 Étude du modèle <i>SEIRS</i>	19
2.2.1 Taux de reproduction de base du modèle <i>SEIRS</i>	19
2.2.2 Stabilité du modèle <i>SEIRS</i>	21
2.3 Persistance uniforme de la maladie	23
Conclusion générale	24
Annexe A	25
A.1 Linéarisation d'un système différentiel	26
A.2 Stabilité des équilibres	27
A.3 Théorie de Lyapounov	29
A.4 Persistance	30
Bibliographie	33

INTRODUCTION

La modélisation mathématique en épidémiologie a été créée par le mathématicien *Daniel Bernoulli*. Il s'agit en fait du premier modèle mathématique inspiré d'une problématique épidémiologique.

Une maladie est dite épidémique si elle apparaît pendant une période relativement courte dans une population.

Ce mémoire est consacré à l'étude du modèle de transmission de la maladie pour trouver le taux de reproduction de base qui est le nombre moyen de nouvelles infections, et vérifier que la maladie va s'éteindre ou envahir une population (maladie épidémique), et que la maladie persiste dans une population (maladie endémique).

Le type de modélisation utilisé pour la conception des modèles épidémiologiques est appelé modèles compartimentaux :

Compartiment : c'est l'unité fonctionnelle du modèle et il peut avoir ou non une réalité biologique [16].

Modèle compartimental : c'est un modèle dans lequel la population est virtuellement divisée en un nombre de compartiments donnés, qui interagissent entre eux selon certaines règles [11].

Il existe différentes sortes de compartiments dans la modélisation épidémiologique :

Susceptibles : Ce compartiment représente les personnes qui ne sont pas encore infectées, mais ils peuvent être exposés à la maladie ou être infectés directement.

Exposés : Ce compartiment est représenté lorsque la maladie nécessite une période de latence, les personnes contaminées ne sont pas immédiatement capables de contaminer les personnes susceptibles. Elles sont donc exposés à la maladie.

Infectieux : Ce compartiment contient les personnes infectés et celles qui sont capables de transmettre la maladie dans la population (contagieux).

Guéris : Ce compartiment contient les personnes qui ont été infectées et ils sont guéris avec une immunité temporaire ou permanente.

Ce mémoire est composée de deux chapitres et une annexe,

Dans le premier chapitre on étudie le modèle de transmission du maladie :

$$\dot{x}_i = f_i(x) = \mathcal{F}_i(x) - \mathcal{V}_i(x),$$

et on cherche le taux de reproduction de base \mathcal{R}_0 avec la méthode de next-generation matrix (« matrice de la génération suivante » [6]), ce taux est un paramètre de seuil pour des modèles épidémiologique, c'est-à-dire qu'il détermine la stabilité de l'équilibre sans maladie (en anglais : Disease Free Equilibrium, **DFE**).

Dans le deuxième chapitre on étudie le modèle *SEIRS* dans une population constante :

$$\begin{cases} \dot{S} = -\beta g(I)S + \nu - \nu S + \delta R, \\ \dot{E} = \beta g(I)S - (\varepsilon + \nu)E, \\ \dot{I} = \varepsilon E - (\gamma + \nu)I, \\ \dot{R} = \gamma I - (\delta + \nu)R, \end{cases}$$

et on prouve que ce modèle persiste quand $\mathcal{R}_0 > 1$.

Dans l'annexe, on donne quelques définitions et théorèmes qu'on a utilisé dans ce mémoire.

Et à la fin des chapitres, des conclusions sont données pour tout ce qu'on a fait dans ce mémoire.

CHAPITRE 1

MODÈLES COMPARTIMENTAUX EN ÉPIDÉMIOLOGIE

De nombreux modèles épidémiologiques ont un équilibre sans maladie DFE auquel la population reste en l'absence de maladie. Ces modèles ont généralement un paramètre de seuil qui est le taux de reproduction de base \mathcal{R}_0 [18]. Ce nombre est la quantité la plus importante en épidémiologie des maladies infectieuses, il est présenté pour un modèle général de transmission des maladies compartimentales basé sur un système d'équations différentielles ordinaires (EDO).

La méthode de next-generation matrix est utilisée pour trouver le \mathcal{R}_0 dans un modèle en compartiment de la propagation des maladies infectieuses.

1.1 Modèle de transmission de la maladie

On considère un modèle épidémiologique comportant n classes ou compartiments homogènes. On classe les compartiments de sorte que les premiers m compartiments correspondent aux individus infectés, avec $m < n$.

L'interprétation épidémiologique du modèle doit déterminer la distinction entre compartiments infectés et non infectés (plus d'une interprétation soit possible pour certains modèles).

On ne peut pas déterminer le \mathcal{R}_0 à partir de la structure du modèle mathématique seul mais dépend de la définition des compartiments qui contiennent les individus infectés et non infectés [18].

Soit $x = (x_1, \dots, x_n)^t$, avec chaque $x_i \geq 0$ le nombre d'individus dans chaque compartiment à l'instant t . Alors, on définit \mathbf{X}_s , l'ensemble de tous les états sans maladie, par :

$$\mathbf{X}_s = \{x \geq 0 \mid x_i = 0, i = 1, \dots, m\}.$$

Pour calculer \mathcal{R}_0 , il est important de distinguer les nouvelles infections et tous les autres changements dans chaque compartiment.

- On note $\mathcal{F}_i(x)$ le taux d'apparition de nouveaux infectés, dans le compartiment i .
- On note $\mathcal{V}_i^+(x)$ le taux de transfert des individus dans le compartiment i (déplacement, vieillissement, guérison, etc . . .).
- On note $\mathcal{V}_i^-(x)$ le taux de transfert des individus hors du compartiment i (mortalité, infection, mouvement, etc . . .).

Le modèle de transmission de la maladie (voir la FIGURE 1.1) est constitué des conditions initiales non-négatives ainsi que le système d'équations suivant :

$$\dot{x}_i = f_i(x) = \mathcal{F}_i(x) - \mathcal{V}_i(x), \quad i = 1, \dots, n. \quad (1.1)$$

où $\mathcal{V}_i(x) = \mathcal{V}_i^-(x) - \mathcal{V}_i^+(x)$.

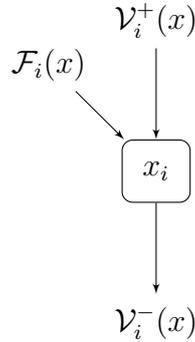


FIGURE 1.1 – Le modèle de transmission de la maladie

De la nature du modèle épidémiologique nous avons les hypothèses suivantes pour les fonctions introduites :

(H1) Si $x \geq 0$, Alors $\mathcal{F}_i, \mathcal{V}_i^-, \mathcal{V}_i^+ \geq 0$ pour $i = 1, \dots, n$.

Chaque fonction représente un transfert dirigé d'individus, ils sont tous non négatives.

(H2) Si $x_i = 0$. En particulier, si $x \in \mathbf{X}_s$, alors $\mathcal{V}_i^- = 0$ pour $i = 1, \dots, m$.

S'il n'y a rien dans un compartiment, rien ne peut en sortir.

On considère le modèle de transmission de la maladie donné par (1.1) avec $f_i(x)$, $i = 1, \dots, n$, satisfaisant les conditions **(H1)** et **(H2)**. Si $x_i = 0$, alors $f_i(x) \geq 0$.

(H3) Si $i > m$ alors, $\mathcal{F}_i = 0$.

Les compartiments d'indice supérieur à m sont des non infectés. Par définition, il ne peut apparaître dans les compartiments des infectés.

(H4) Si $x \in \mathbf{X}_s$, alors $\mathcal{F}_i(x) = 0$ et $\mathcal{V}_i^+(x) = 0$ pour $i = 1, \dots, m$.

Dans la population sans maladie, il ne peut apparaître de nouveaux infectés. Autrement dit, il n'y a pas d'immigration d'infectieux.

(H5) Si $\mathcal{F}(x) = 0$, alors toutes les valeurs propres de la matrice jacobienne $Df(x_0)$ ont des parties réelles négatives.

En effet, la condition **(H5)** est basée sur les dérivées de f près d'un DFE. On définit un DFE de (1.1) comme étant une solution d'équilibre localement asymptotiquement stable du modèle sans maladie, c'est-à-dire, (1.1) Restreinte à \mathbf{X}_s .

On considère une population proche du DFE x_0 . Si la population reste proche du DFE (c'est-à-dire si l'introduction de quelques individus infectieux n'entraîne pas d'épidémie) alors la population retournera au DFE selon le système linéarisé :

$$\dot{x} = Df(x_0)(x - x_0), \quad (1.2)$$

où $Df(x_0)$ est la dérivée $[\partial f_i / \partial x_j]$ évaluée au DFE x_0 . Nous limitons notre attention aux systèmes dans lesquels le DFE est stable en l'absence de nouvelle infection, i.e $\mathcal{F}(x) = 0$.

Les hypothèses listées ci-dessus permettent de partitionner la matrice $Df(x_0)$ comme indiqué par le lemme suivant :

Lemme 1.1 [18]

Si x_0 est un DFE de (1.1) et $f_i(x)$ satisfait **(H1)**-**(H5)**, alors les dérivées $D\mathcal{F}(x_0)$ et $D\mathcal{V}(x_0)$ sont partitionnées comme :

$$D\mathcal{F}(x_0) = \begin{pmatrix} F & 0 \\ 0 & 0 \end{pmatrix}, \quad D\mathcal{V}(x_0) = \begin{pmatrix} V & 0 \\ J_3 & J_4 \end{pmatrix},$$

où F et V sont les matrices $m \times m$ définies par :

$$F = \left[\frac{\partial \mathcal{F}_i}{\partial x_j}(x_0) \right] \quad \text{et} \quad V = \left[\frac{\partial \mathcal{V}_i}{\partial x_j}(x_0) \right], \quad \text{avec } 1 \leq i, j \leq m.$$

De plus, F est non-négative, V est une M -matrice non singulière et toutes les valeurs propres de J_4 ont une partie réelle positive.

Preuve. Soit $x_0 \in \mathbf{X}_s$ un DFE, on a par **(H3)** et **(H4)**, $(\partial \mathcal{F}_i / \partial x_j)(x_0) = 0$ si soit $i > m$ ou $j > m$. De même, par **(H2)** et **(H4)**, si $x \in \mathbf{X}_s$ alors $\mathcal{V}_i(x) = 0$ pour $i \leq m$. Par conséquent, $(\partial \mathcal{V}_i / \partial x_j)(x_0) = 0$ pour $i \leq m$ et $j > m$.

Soit $\{e_j\}$ les vecteurs de base euclidiens. C'est-à-dire, e_j est la j ème colonne de la matrice d'identité $n \times n$. Puis pour $j = 1, \dots, m$,

$$\left(\frac{\partial \mathcal{V}_i}{\partial x_j} \right) (x_0) = \lim_{h \rightarrow 0^+} \left(\frac{\mathcal{V}_i(x_0 + he_j) - \mathcal{V}_i(x_0)}{h} \right),$$

et par **(H1)** et **(H4)**, puisque $\mathcal{F}_i(x_0) = 0$,

$$\frac{\partial \mathcal{F}_i}{\partial x_j}(x_0) = \lim_{h \rightarrow 0^+} \frac{\mathcal{F}_i(x_0 + he_j)}{h} \geq 0,$$

d'où F est non-négative.

Pour $i = 1, \dots, m$, si $i \neq j$ alors le i ème composant de $x_0 + he_j = 0$, et d'après **(H1)** et **(H2)**, $\mathcal{V}_i^-(x_0 + he_j) = 0$, donc $\mathcal{V}_i(x_0 + he_j) = -\mathcal{V}_i^+(x_0 + he_j) \leq 0$. On déduit,

$$\frac{\partial \mathcal{V}_i}{\partial x_j}(x_0) = \lim_{h \rightarrow 0^+} \frac{-\mathcal{V}_i^+(x_0 + he_j)}{h} \leq 0.$$

Alors, pour $i \neq j$, V est une Z-matrice. De plus on a d'après **(H5)** toutes les valeurs propres de V ont des parties réelles positives, ce qui prouve que V est une M-matrice non singulière et les valeurs propres de J_4 ont une partie réelle positive. \square

1.2 Taux de reproduction de base

On désigne par \mathcal{R}_0 le taux de reproduction de base, c'est le " nombre moyen attendu de nouveaux cas d'infection, engendrés par un individu infectieux moyen dans une population entièrement constituée des susceptibles" [6]. Si $\mathcal{R}_0 < 1$, alors un individu infecté produit, en moyenne, moins d'une nouvelle infection au cours de sa période d'infectiosité, et l'infection peut s'éteindre (elle ne peut pas se développer).

Par contre, si $\mathcal{R}_0 > 1$, chaque individu infecté produit, en moyenne, plus d'une nouvelle infection, et la maladie peut envahir la population [8].

Dans le cas d'un seul compartiment infecté, \mathcal{R}_0 est simplement le produit du taux d'infection et de la durée moyenne de l'infection.

1.2.1 Interprétation biologique

Un nombre de reproduction de base plus général peut être défini comme le nombre de nouvelles infections produites par un individu infectieux typique dans une population à un DFE.

Définition 1.2 *On appelle force d'infection θ la probabilité par unité de temps (le taux), pour qu'un susceptible devient infecté.*

Pour déterminer le destin d'un individu infectieux typique introduit dans la population, on considère la dynamique du système linéarisé (1.2) avec ré-infection désactivée ($F = 0$). C'est le système :

$$\dot{x} = -D\mathcal{V}(x_0)(x - x_0). \quad (1.3)$$

Par **(H5)**, le DFE est localement asymptotiquement stable dans ce système. Ainsi, (1.3) peut être utilisé pour déterminer le sort d'un petit nombre d'individus infectés introduits dans une population sans maladie. Le temps attendu que le nombre d'individus infectés passe dans chaque compartiment est donné par l'intégrale $\int_0^\infty \phi(t)dt$, où $\phi(t)$ est la solution de (1.3). En effet, la i ème composante de $\phi(t)$ est interprétée comme la probabilité que le nombre d'individus infectés (introduit à l'instant $t = 0$) est en état de maladie i à l'instant t (voir [1]). La solution de (1.3) est $\phi(t) = e^{-Vt}\phi(0)$, où l'exponentielle d'une matrice A est définie par la série de Taylor :

$$e^A = I + A + \frac{A^2}{2} + \frac{A^3}{3!} + \dots + \frac{A^k}{k!} + \dots,$$

cette série converge pour tout t . Alors, $\int_0^\infty \phi(t)dt = V^{-1}\phi(0)$.

On considère le sort d'un individu infecté introduit dans une population sans maladie. L'entrée (i, j) de V^{-1} peut être interprétée comme le temps attendu qu'un individu infecté initialement introduit dans le compartiment j dépense dans le compartiment i .

L'entrée (i, j) de la matrice F est le taux d'infections secondaires produites dans le compartiment i par un individu infecté dans le compartiment j . Par conséquent, le nombre attendu d'infections secondaires produites par l'individu infectés est donné par :

$$\int_0^\infty F e^{-Vt}\phi(0)dt = FV^{-1}\phi(0).$$

L'entrée (i, j) de FV^{-1} est le nombre attendu d'infections secondaires dans le compartiment i produites par l'individu initialement dans le compartiment j .

D'après Lemme (1.1) F est non-négative et V est une M-matrice non singulière donc inversible et toutes ses valeurs propres ont des parties réelles positives, V^{-1} est non-négative (Lemme (A.10)), tout comme FV^{-1} . On appelle FV^{-1} la *next-generation matrix* [6] pour le modèle et on a,

$$\mathcal{R}_0 = \rho(FV^{-1}), \quad (1.4)$$

où $\rho(A)$ est le rayon spectral d'une matrice A .

1.2.2 Stabilité de l'équilibre sans maladie DFE

Le nombre de reproduction de base est lié à la stabilité de DFE (\mathcal{R}_0 est un seuil).

Lemme 1.3 [1]

Si F est non-négative. Alors, $\mathcal{R}_0 = \rho(FV^{-1}) < 1$ si et seulement si les valeurs propres de $(F - V)$ ont des parties réelles négative.

Preuve. On a d'après Lemme (1.1), F est non-négative et V est une M-matrice non singulière, alors $V^{-1} \geq 0$, donc $FV^{-1} \geq 0$, et on a $I - FV^{-1}$ est une Z-matrice, alors d'après Lemme (A.10),

$$\begin{aligned} (I - FV^{-1})^{-1} \geq 0 &\iff (I - FV^{-1}) \text{ est une M-matrice non singulière,} \\ &\iff \rho(FV^{-1}) < 1. \end{aligned}$$

Les matrices V et $(I - FV^{-1})$ sont inversibles. Par conséquent,

$$\begin{aligned} (I - FV^{-1})^{-1} \geq 0 &\iff V^{-1}(I - FV^{-1}) \geq 0, \\ &\iff (V(I - FV^{-1})^{-1}) \geq 0, \\ &\iff (V - F)^{-1} \geq 0. \end{aligned}$$

$(V - F)$ est une Z-matrice, alors d'après Lemme (A.10), $(I - FV^{-1})^{-1} \geq 0$ si et seulement si $(V - F)$ est une M-matrice non singulière et toutes ses valeurs propres ont une partie réelle positive. Alors, les valeurs propre de $(F - V)$ ont une partie réelle négative. \square

Théorème 1.4 [18]

On considère le modèle de transmission de la maladie donné par (1.1) avec $f(x)$ satisfaisant les conditions **(H1)**-**(H5)**. Si x_0 est un DFE du modèle, alors x_0 est localement asymptotiquement stable si $\mathcal{R}_0 < 1$, mais instable si $\mathcal{R}_0 > 1$.

Preuve. On a par Lemme (1.1) :

$$\begin{aligned} Df(x_0) &= D\mathcal{F}(x_0) - D\mathcal{V}(x_0), \\ &= \begin{pmatrix} F & 0 \\ 0 & 0 \end{pmatrix} - \begin{pmatrix} V & 0 \\ J_3 & J_4 \end{pmatrix}, \\ &= \begin{pmatrix} F - V & 0 \\ -J_3 & -J_4 \end{pmatrix}. \end{aligned}$$

Les valeurs propres de $Df(x_0)$ sont $F - V$ et $-J_4$, d'après Lemme (1.1) toutes les valeurs propres de $-J_4$ ont une partie réelle négative. Alors, DFE est localement asymptotiquement stable si les valeurs propres de $F - V$ ont une partie réelle négative.

D'après Lemme (1.1), F est non-négative et V est une M-matrice non singulière, et d'après Lemme (1.3) les valeurs propre de $(F - V)$ ont une partie réelle négative si et seulement si $\rho(FV^{-1}) < 1$. Par conséquent, DFE est localement asymptotiquement stable si $\mathcal{R}_0 = \rho(FV^{-1}) < 1$.

L'instabilité pour $\mathcal{R}_0 > 1$ peut être établie par l'argument de continuité. Si $\mathcal{R}_0 \leq 1$, alors pour tout $\epsilon > 0$,

$$\begin{aligned} \rho(FV^{-1}) < 1 + \epsilon &\iff ((1 + \epsilon)I - FV^{-1}) \text{ est une M-matrice non singulière,} \\ &\iff ((1 + \epsilon)I - FV^{-1})^{-1} \geq 0, \text{ " Lemme (A.10) " } \\ &\iff V^{-1}((1 + \epsilon)I - FV^{-1})^{-1} \geq 0, \\ &\iff ((1 + \epsilon)V - F)^{-1} \geq 0, \end{aligned}$$

d'après la preuve du lemme (1.3), les valeurs propres de $((1 + \epsilon)V - F)$ ont une partie réelle positive. Puisque $\epsilon > 0$ est arbitraire, et les valeurs propres sont des fonctions continues, alors toutes les valeurs propres de $V - F$ ont une partie réelle non-négative.

Pour inverser l'argument, on suppose que toutes les valeurs propres de $V - F$ ont une partie réelle non-négative. Pour tout $\epsilon > 0$, on a d'après la preuve du Lemme (1.3) :

$$(V + \epsilon I - F) \text{ est une M-matrice non singulière} \iff \rho(F(V + \epsilon I)^{-1}) < 1,$$

et puisque $\epsilon > 0$ est arbitraire, $\rho(FV^{-1}) \leq 1$.

Alors, $(F - V)$ a au moins une valeur propre avec une partie réelle positive si et seulement si $\rho(FV^{-1}) > 1$, et DFE est instable pour $\mathcal{R}_0 > 1$. \square

1.3 Applications

1.3.1 Modèle de Ross

Le modèle de *Ross* [15] est donné par :

$$\begin{cases} \dot{x} = mab_1y(1-x) - \gamma x, \\ \dot{y} = b_2a(1-y)x - \mu y, \end{cases} \quad (1.5)$$

où x et y représentent respectivement les densités des humains infectieux et des femelles anophèles¹ infectieuses. La population humaine H est supposée constante, celle des femelles anophèles V aussi. Le paramètre $m = \frac{V}{H}$ est la densité vectorielle,

a : le nombre moyen des piqûres, que fait un moustique par unité de temps,

b_1 : la probabilité pour une piqûre par un moustique infecté de déclencher une infection chez un humain,

b_2 : la probabilité pour un moustique susceptible piquant un humain infectieux de s'infecter,

γ : la vitesse moyenne pour un individu de guérison,

μ : taux de mortalité des moustiques,

$1/\gamma$: la durée moyenne d'une infection,

$1/\mu$: la vie moyenne d'un moustique.

Ce système est en densité, on va le réécrire en nombres. On pose $I_h = xH$ les populations respectives des humains dans le compartiment des infectieux, et $I_v = yV$ pour les moustiques infectieux. D'où :

$$\begin{cases} \dot{I}_h = ab_1I_v \left(\frac{H - I_h}{H} \right) - \gamma I_h, \\ \dot{I}_v = b_2a(V - I_v) \frac{I_h}{H} - \mu I_v, \end{cases} \quad (1.6)$$

et on a,

$$\begin{aligned} \mathcal{F}_1 &= ab_1I_v \left(\frac{H - I_h}{H} \right), & \mathcal{F}_2 &= b_2a(V - I_v) \frac{I_h}{H}, \\ \mathcal{V}_1 &= \gamma I_h, & \mathcal{V}_2 &= \mu I_v. \end{aligned}$$

1. Moustiques du paludisme.

Alors,

$$\mathcal{F} = \begin{pmatrix} ab_1 I_v \left(\frac{H - I_h}{H} \right) \\ b_2 a (V - I_v) \frac{I_h}{H} \end{pmatrix} \quad \text{et} \quad \mathcal{V} = \begin{pmatrix} \gamma I_h \\ \mu I_v \end{pmatrix}. \quad (1.7)$$

Le DFE est $x_0 = (0, 0)^t$. D'où,

$$F = \begin{pmatrix} 0 & ab_1 \\ mb_2 a & 0 \end{pmatrix}, \quad V = \begin{pmatrix} \gamma & 0 \\ 0 & \mu \end{pmatrix}.$$

Donc, on peut calculer l'inverse de V ,

$$\begin{aligned} V^{-1} &= \frac{1}{\det V} \begin{pmatrix} \mu & 0 \\ 0 & \gamma \end{pmatrix}, \\ &= \frac{1}{\gamma\mu} \begin{pmatrix} \mu & 0 \\ 0 & \gamma \end{pmatrix}, \\ &= \begin{pmatrix} \frac{1}{\gamma} & 0 \\ 0 & \frac{1}{\mu} \end{pmatrix}, \end{aligned}$$

et on obtient,

$$FV^{-1} = \begin{pmatrix} 0 & \frac{ab_1}{\mu} \\ m \frac{b_2 a}{\gamma} & 0 \end{pmatrix}.$$

Pour calculer le rayon spectral de FV^{-1} , on trouve les valeurs propres de la matrice :

$$\rho(FV^{-1}) = \max \left\{ \pm \sqrt{\frac{ma^2 b_1 b_2}{\gamma\mu}} \right\}.$$

Par conséquent,

$$\mathcal{R}_0 = \sqrt{\frac{ma^2 b_1 b_2}{\gamma\mu}}.$$

1.3.2 Modèle Kermack et McKendrick

Ce modèle (FIGURE 1.2) se compose d'un système de trois équations différentielle non-linéaires [3] :

$$\begin{cases} \dot{S} = -\beta IS, \\ \dot{I} = \beta IS - \gamma I, \\ \dot{R} = \gamma I. \end{cases} \quad (1.8)$$

L'interprétation de ce modèle est donnée comme suit :

S : la densité des susceptibles,

I : la densité des infectés,

R : la densité des retirés,

β : le taux de transmission d'infection,

γ : le taux de guérison,

$1/\gamma$: la durée moyenne de l'infection.

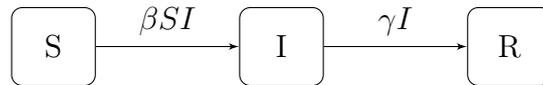


FIGURE 1.2 – Schéma de transmission du modèle SIR .

Puisque la période de temps est courte, ce modèle n'a aucune dynamique vitale (naissances et décès). Alors, la densité totale est constante égale à N , où $N = S + I + R$, et on a $\dot{S} + \dot{I} + \dot{R} = 0$.

On suppose initialement que les individus sont susceptibles, puis infectieux, puis retirés. Donc il suffit de considérer le système sur le plan (S, I) puisque si l'on connaît, on connaît R . Le système (1.8) devient :

$$\begin{cases} \dot{S} = -\beta IS, \\ \dot{I} = \beta IS - \gamma I. \end{cases} \quad (1.9)$$

Les nouvelles infections apparaissent dans le compartiment I . Par conséquent,

$$\mathcal{F} = \beta SI, \quad \mathcal{V} = \gamma I.$$

Une solution d'équilibre, avec $I = 0$ doit avoir $R = 0$ et $S = S_0$, a la forme $x_0 = (S_0, 0, 0)^t$, où $S_0 = N$. On suppose que S_0 est un DFE. Alors on a :

$$F = \beta S_0, \quad V = \gamma,$$

et on obtient,

$$FV^{-1} = \frac{\beta}{\gamma} S_0 = \frac{\beta}{\gamma} N.$$

D'où,

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta}{\gamma} N.$$

2^{ème} méthode [5] :

Par l'interprétation biologique de \mathcal{R}_0 , on le définit comme suit :

$$\mathcal{R}_0 = cp\Delta T,$$

avec :

c : le nombre moyen de contacts,

p : la probabilité de transmission de la maladie,

ΔT : la période moyenne d'inféctiosité,

cp : le contact réussi.

Et on a,

$$\mathcal{R}_0 = \beta N \frac{1}{\gamma}.$$

Alors, on montre que :

- Le contact réussi $cp = \beta N$,

- La période d'inféctiosité $\Delta T = \frac{1}{\gamma}$.

On suppose que la population N est susceptible, alors le contact dans la population initiale se fait avec toute la population N multipliée par le taux de transmission, d'où $cp = \beta N$.

Pour prouver que $\Delta T = 1/\gamma$, on suppose que les infectés deviennent contagieux, on pose :

$P(t)$: la probabilité d'être toujours contagieux à l'instant t après l'infection.

On a alors :

$$\begin{cases} P(t+h) - P(t) = -\gamma P(t)h, \\ P(0) = 1. \end{cases}$$

En appliquant la limite :

$$\begin{cases} \lim_{h \rightarrow 0} \frac{P(t+h) - P(t)}{h} = \lim_{h \rightarrow 0} -\gamma P(t), \\ P(0) = 1. \end{cases}$$

$$\Rightarrow \begin{cases} \frac{dP(t)}{dt} = -\gamma P(t), \\ P(0) = 1. \end{cases}$$

Quand on intègre, on obtient :

$$P(t) = e^{-\gamma t}.$$

Soit X une variable aléatoire $X : \Omega \rightarrow \mathbb{R}^+$, et $\omega \in \Omega$.

$X(\omega)$: la durée d'infectiosité de l'individu.

Avec $P(t) = P(X(\omega) > t) = e^{-\gamma t}$,

La fonction de répartition : $F(t) = P(X(\omega) \leq t) = 1 - e^{-\gamma t}$,

La fonction de densité : $f(t) = F'(t) = \gamma e^{-\gamma t}$.

L'espérance est égale à :

$$E(t) = \int_0^{+\infty} t f(t) dt = \frac{1}{\gamma}.$$

D'où le résultat.

1.3.3 Modèle de traitement

On considère un modèle basé sur le modèle de la tuberculose avec traitement [4] (voir la FIGURE 1.3 [18]). Alors, la population est divisée en quatre compartiments, qui sont :

S : les individus susceptibles à la tuberculose,

E : les individus exposés,

I : les individus infectieux,

T : les individus traités.

et on a :

N : la densité totale de population ou la taille de la population.

Les individus susceptibles et traités devient exposés aux taux $\beta_1 I/N$ et $\beta_2 I/N$ respectivement (β est le taux de contact effectif par individu), où

$$N = E + I + S + T.$$

Les individus exposés devient infectieux au taux ν . Tous les nouveaux-nés $b(N)$ sont susceptibles, et tous les individus meurent au taux $d > 0$. Les taux de traitement sont r_1 pour les individus exposés et r_2 pour les individus infectieux. Cependant, seulement une fraction q des traitements d'infectieux sont réussis. Les individus infectieux traités sans succès devient exposés ($p = 1 - q$).

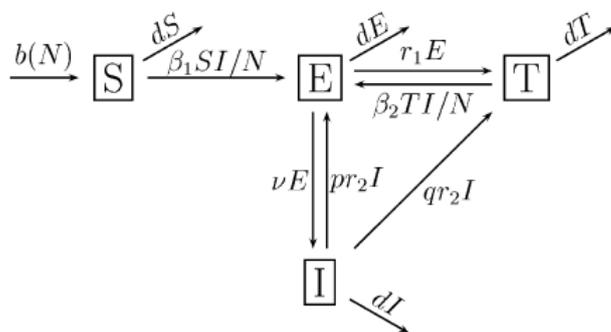


FIGURE 1.3 – Schéma de transmission du modèle *EIST*.

Le modèle de transmission de la maladie comprend les équations différentielles suivantes ainsi que les conditions initiales non négatives :

$$\dot{E} = \beta_1 SI/N + \beta_2 TI/N - (d + \nu + r_1)E + pr_2 I, \quad (1.10a)$$

$$\dot{I} = \nu E - (d + r_2)I, \quad (1.10b)$$

$$\dot{S} = b(N) - dS - \beta_1 SI/N, \quad (1.10c)$$

$$\dot{T} = -dT + r_1 E + qr_2 I - \beta_2 TI/N. \quad (1.10d)$$

La progression de E vers I et l'échec du traitement ne sont pas considérés comme de nouvelles infections, mais plutôt comme la progression d'un individu infecté à travers les différents compartiments. Alors, pour $m = 2$ et d'après (H3), $\mathcal{F}_i = 0$ si $i > 2$. Alors on a :

$$\mathcal{F}_1 = \beta_1 SI/N + \beta_2 TI/N,$$

$$\mathcal{F}_2 = 0,$$

$$\mathcal{V}_1 = (d + \nu + r_1)E - pr_2 I,$$

$$\mathcal{V}_2 = -\nu E + (d + r_2)I,$$

$$\mathcal{V}_3 = -b(N) + dS + \beta_1 SI/N,$$

$$\mathcal{V}_4 = dT - r_1 E - qr_2 I + \beta_2 TI/N.$$

Les compartiments infectés sont E et I . Par conséquent,

$$\mathcal{F} = \begin{pmatrix} \beta_1 SI/N + \beta_2 TI/N \\ 0 \end{pmatrix} \quad \text{et} \quad \mathcal{V} = \begin{pmatrix} (d + \nu + r_1)E - pr_2 I \\ -\nu E + (d + r_2)I \end{pmatrix}. \quad (1.11)$$

Une solution d'équilibre, avec $E = I = 0$ doit avoir $T = 0$ et $S = S_0$, a la forme suivante : $x_0 = (0, 0, S_0, 0)^t$, où S_0 est une solution positive de $b(S_0)/d = S_0$. Pour $S_0 = 1$ est un DFE. Alors,

$$F = \begin{pmatrix} 0 & \beta_1 \\ 0 & 0 \end{pmatrix}, \quad V = \begin{pmatrix} d + \nu + r_1 & -pr_2 \\ -\nu & d + r_2 \end{pmatrix}.$$

Donc, on peut calculer l'inverse de V ,

$$V^{-1} = \frac{1}{(d + \nu + r_1)(d + r_2) - \nu pr_2} \begin{pmatrix} d + r_2 & pr_2 \\ \nu & d + \nu + r_1 \end{pmatrix},$$

et on obtient,

$$FV^{-1} = \begin{pmatrix} \frac{\beta_1 \nu}{(d + \nu + r_1)(d + r_2) - \nu pr_2} & \frac{\beta_1 (d + \nu + r_1)}{(d + \nu + r_1)(d + r_2) - \nu pr_2} \\ 0 & 0 \end{pmatrix}.$$

Pour calculer le rayon spectral de FV^{-1} , on trouve les valeurs propres de la matrice :

$$\rho(FV^{-1}) = \max \left\{ \frac{\beta_1 \nu}{(d + \nu + r_1)(d + r_2) - \nu pr_2}, 0 \right\}.$$

Par conséquent,

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta_1 \nu}{(d + \nu + r_1)(d + r_2) - \nu pr_2}.$$

CHAPITRE 2

PERSISTANCE UNIFORME DE LA MALADIE DU MODÈLE *SEIRS*

On étudie le modèle épidémiologique *SEIRS* avec incidence non linéaire générale dans une population constante (voir FIGURE 2.1).

$$\begin{cases} \dot{S} = -\beta g(I)S + \nu - \nu S + \delta R, \\ \dot{E} = \beta g(I)S - (\varepsilon + \nu)E, \\ \dot{I} = \varepsilon E - (\gamma + \nu)I, \\ \dot{R} = \gamma I - (\delta + \nu)R. \end{cases} \quad (2.1)$$

Avec $S(0) = S_0, E(0) = E_0, I(0) = I_0, R(0) = R_0$, sont des conditions initiales.

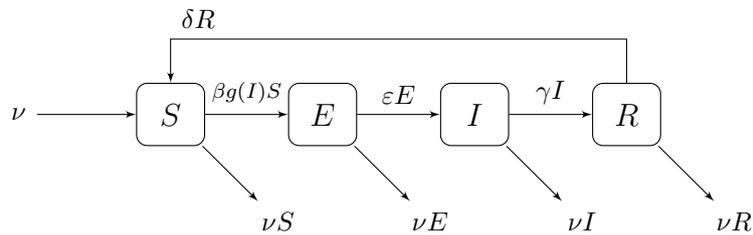


FIGURE 2.1 – Schéma de transmission du modèle *SEIRS* avec dynamique vitale.

2.1 Interprétation du modèle SEIRS

L'interprétation de ce modèle est donnée comme suit :

$S(t)$: la fraction de la population susceptible à l'instant t ,

$E(t)$: la fraction de la population exposée à l'instant t ,

$I(t)$: la fraction de la population infectée à l'instant t ,

$R(t)$: la fraction de la population retirée avec une immunité temporaire à l'instant t ,

$\beta > 0$: le coefficient de transmission,

$\nu > 0$: le taux de natalité constant (supposé égal au taux de mortalité naturelle constant),

$\delta \geq 0$: le taux constant de perte d'immunité,

$\varepsilon > 0$: le taux constant auquel les individus exposés deviennent infectieux,

$\gamma > 0$: le taux constant de retraitation des individus infectieux,

$\beta g(I)S$: le taux d'incidence non linéaire,

$1/\varepsilon$: la période infectieuse moyenne,

$1/\gamma$: la période d'exposition moyenne.

$g(I)$ représente le coefficient de transmission avec $g(0) = 0$ et $g(I) > 0$ pour $I \in (0, 1]$ et $g \in \mathcal{C}^1(0, 1]$. La population totale est constante, $S + E + I + R = 1$.

Tous les nouveaux-nés sont supposés susceptibles. Alors, Les individus sont susceptibles, puis exposés, puis infectieux, puis retirés avec la possibilité de redevenir susceptibles avec le taux de perte d'immunité δ .

Si l'immunité est supposée permanente, c'est-à-dire $\delta = 0$, alors ce modèle devient un modèle SEIR. Dans ce cas, les individus, une fois infectés et enlevés, ne redeviendront pas susceptibles. C'est un modèle approprié pour les maladies comme la rougeole et la varicelle.

Remarques :

1. Les modèles épidémiologiques standards utilisent un taux d'incidence bilinéaire βIS .
2. Si la population est saturée d'infectieux, le taux d'incidence peut dépendre non-linéairement de I .
3. La forme d'incidence non linéaire qui incorpore la saturation des infectieux est $g(I) = I^p/(1+aI^p)$, où p et a sont des paramètres positifs [17]. On note que $g'(0)$ n'existe pas quand $p < 1$, et que $g'(0) = 1$ quand $p = 1$.

4. La forme d'incidence générale $\beta g(I)S$ permet un traitement unifié pour tous ces cas biologiquement importants.

2.2 Étude du modèle SEIRS

Les fonctions du système (2.1) sont des fonctions de \mathcal{C}^∞ , elles sont donc continues et localement lipschitziennes.

La région possible pour (2.1) est le cône non négatif \mathbb{R}_+^4 qui peut être invariant par rapport à (2.1). Étant donné des conditions initiales non négatives, la solution existe et a des composantes non négatives pour tout $t \geq 0$. Alors on a :

$$\Gamma = \{(S, E, I, R) \in \mathbb{R}_+^4 : S + E + I + R = 1\}. \quad (2.2)$$

L'addition des équations dans (2.1) implique que le simplexe tridimensionnel est positivement invariant dans \mathbb{R}_+^4 . Il suffit donc d'étudier la dynamique de (2.1) sur Γ .

Le système (2.1) a toujours un DFE, $x_0 = (1, 0, 0, 0)$. Puisque $g(I)$ en (2.1) n'est pas supposé être \mathcal{C}^1 en x_0 , l'analyse de stabilité linéaire ne s'applique pas, alors une fonction locale de Lyapunov doit être construite pour étudier la stabilité de Lyapunov de x_0 [17]. On a l'hypothèse suivante sur la fonction de force d'infection $g(I)$:

- (1) $g \in \mathcal{C}^1(0, 1]$, $g(0) = 0$, $g(I) > 0$, pour $I \in (0, 1]$.
 (H) (2) $c = \lim_{I \rightarrow 0^+} \frac{g(I)}{I} \leq +\infty$, quand $0 < c < +\infty$, $g(I) \leq cI$,
 pour I suffisamment petit.

2.2.1 Taux de reproduction de base du modèle SEIRS

On utilise la méthode de next-generation matrix pour trouver le \mathcal{R}_0 . On a alors :

$$\begin{aligned} \mathcal{F}_1 &= -\beta g(I)S, & \mathcal{V}_1 &= -\nu + \nu S - \delta R, \\ \mathcal{F}_2 &= \beta g(I)S, & \mathcal{V}_2 &= (\varepsilon + \nu)E, \\ \mathcal{F}_3 &= 0, & \mathcal{V}_3 &= -\varepsilon E + (\gamma + \nu)I, \\ \mathcal{F}_4 &= 0, & \mathcal{V}_4 &= -\gamma I + (\delta + \nu)R. \end{aligned}$$

Les compartiments d'infection sont E et I . Par conséquent,

$$\mathcal{F} = \begin{pmatrix} \beta g(I)S \\ 0 \end{pmatrix} \quad \text{et} \quad \mathcal{V} = \begin{pmatrix} (\varepsilon + \nu)E \\ -\varepsilon E + (\gamma + \nu)I \end{pmatrix}. \quad (2.3)$$

Une solution d'équilibre, avec $E = I = 0$ doit avoir $R = 0$ et $S = 1$, a la forme suivante : $x_0 = (1, 0, 0, 0)^t$, avec x_0 est un DFE. Alors,

$$F = \begin{pmatrix} 0 & \beta g'(0) \\ 0 & 0 \end{pmatrix}, \quad V = \begin{pmatrix} \varepsilon + \nu & 0 \\ -\varepsilon & \gamma + \nu \end{pmatrix}.$$

Donc, on peut calculer l'inverse de V ,

$$\begin{aligned} V^{-1} &= \frac{1}{(\varepsilon + \nu)(\gamma + \nu)} \begin{pmatrix} \gamma + \nu & 0 \\ \varepsilon & \varepsilon + \nu \end{pmatrix}, \\ &= \begin{pmatrix} \frac{1}{(\varepsilon + \nu)} & 0 \\ \frac{\varepsilon}{(\varepsilon + \nu)(\gamma + \nu)} & \frac{1}{(\gamma + \nu)} \end{pmatrix}, \end{aligned}$$

et on obtient,

$$FV^{-1} = \begin{pmatrix} \frac{g'(0)\beta\varepsilon}{(\varepsilon + \nu)(\gamma + \nu)} & \frac{g'(0)\beta}{\gamma + \nu} \\ 0 & 0 \end{pmatrix}.$$

Pour calculer le rayon spectral de FV^{-1} , on trouve les valeurs propres de la matrice :

$$\rho(FV^{-1}) = \max \left\{ \frac{g'(0)\beta\varepsilon}{(\varepsilon + \nu)(\gamma + \nu)}, 0 \right\}.$$

Par conséquent,

$$\mathcal{R}_0 = \frac{g'(0)\beta\varepsilon}{(\varepsilon + \nu)(\gamma + \nu)}.$$

Avec $g'(0) = \lim_{I \rightarrow 0^+} \frac{g(I) - g(0)}{I}$ et d'après **(H)** on a $g(0) = 0$. Alors, $g'(0) = \lim_{I \rightarrow 0^+} \frac{g(I)}{I} = c$, pour $0 < c < +\infty$. D'où :

$$\mathcal{R}_0 = \frac{c\beta\varepsilon}{(\varepsilon + \nu)(\gamma + \nu)}$$

Remarque :

- Lorsque $g(I) = I$ ou $g(I) = I/(1 + aI)$, alors $c = g'(0) = 1$ et \mathcal{R}_0 prennent la forme $\beta\varepsilon/(\varepsilon + \nu)(\gamma + \nu)$, avec :
 $\varepsilon/(\varepsilon + \nu)$: la fraction survivant à la classe exposée,
 $1/(\gamma + \nu)$: la période infectieuse moyenne.

2.2.2 Stabilité du modèle SEIRS

La proposition suivante montre que le paramètre \mathcal{R}_0 satisfait une propriété de seuil avec la valeur de seuil 1.

Théorème 2.1 [17]

On suppose que $g(I)$ satisfait **(H)**. Alors, pour le système (2.1) on a :

- (i) $x_0 = (1, 0, 0, 0)$ est localement asymptotiquement stable si $\mathcal{R}_0 \leq 1$,
- (ii) x_0 est instable si $\mathcal{R}_0 > 1$; dans ce cas, toutes les trajectoires partant d'un voisinage suffisamment petit de x_0 dans Γ s'éloignent de x_0 , sauf celles sur le plan de coordonnées $S - R$ (le cas de l'absence d'infection), qui convergent vers x_0 dans ce plan.

Preuve. En utilisant $S + E + I + R = 1$, on peut réduire (2.1) à un système tridimensionnel. L'équilibre correspond maintenant à $(0, 0, 0)$ dans l'espace (E, I, R) , et la région possible est :

$$\mathcal{T} = \{(E, I, R) \in \mathbb{R}_+^3 : E + I + R \leq 1\}. \quad (2.4)$$

Considérant une fonction de Lyapunov :

$$V = E + \frac{\varepsilon + \nu}{\varepsilon} I. \quad (2.5)$$

On calcule le dériver :

$$\begin{aligned} \dot{V} &= \dot{E} + \frac{\varepsilon + \nu}{\varepsilon} \dot{I}, \\ &= \beta g(I)(1 - E - I - R) - (\varepsilon + \nu)E + \frac{\varepsilon + \nu}{\varepsilon}(\varepsilon E - (\gamma + \nu)I), \\ &= \beta g(I)(1 - E - I - R) - \frac{\varepsilon + \nu}{\varepsilon}(\gamma + \nu)I. \end{aligned}$$

On pose $\sigma = \beta\varepsilon/(\varepsilon + \nu)(\gamma + \nu)$, on obtient :

$$\dot{V} = \frac{\beta I}{\sigma} \left(\frac{\beta\varepsilon}{(\varepsilon + \nu)(\gamma + \nu)} \frac{g(I)}{I} (1 - E - I - R) - 1 \right).$$

Si $\mathcal{R}_0 \leq 1$, alors pour $(E, I, R) \in \mathcal{T}$ suffisamment proche de $(0, 0, 0)$ et d'après **(H)** on a :

$$\frac{\beta\varepsilon}{(\varepsilon + \nu)(\gamma + \nu)} \frac{g(I)}{I} \leq \mathcal{R}_0 \leq 1.$$

On multiplie en $(1 - E - I - R)$ et on soustrait 1, on obtient :

$$\frac{\beta\varepsilon}{(\varepsilon + \nu)(\gamma + \nu)} \frac{g(I)}{I} (1 - E - I - R) - 1 \leq -E - I - R \leq 0.$$

On multiplie en $\frac{\beta I}{\sigma}$, on obtient :

$$\frac{\beta I}{\sigma} \left(\frac{\beta\varepsilon}{(\varepsilon + \nu)(\gamma + \nu)} \frac{g(I)}{I} (1 - E - I - R) - 1 \right) \leq 0.$$

Par conséquent,

$$\dot{V} \leq 0.$$

Alors, $\dot{V} \leq 0$ si $\mathcal{R}_0 \leq 1$, pour $(E, I, R) \in \mathcal{T}$ suffisamment proche de $(0, 0, 0)$, et $\dot{V} = 0$ ne tient que lorsque $I = 0$. D'après théorème de Lyapunov, si $\dot{V} < 0, \forall (E, I, R) \in \mathcal{T} \setminus \{(0, 0, 0)\}$, alors $(0, 0, 0)$ est asymptotiquement stable. Puisque $\{(0, 0, 0)\}$ est la plus grand sous-ensemble invariant dans \mathcal{T} où $\dot{V} = 0$, et d'après théorème d'invariance de LaSalle, le DFE x_0 est localement asymptotiquement stable.

Si $\mathcal{R}_0 > 1$, alors $\dot{V} > 0$ pour $(E, I, R) \in \mathcal{T}$ suffisamment proche de $(0, 0, 0)$ sauf quand $I = 0$. Alors, d'après le théorème de Chetaev, x_0 est instable.

Dans le cas de l'absence d'infection, i.e $E = I = 0$, on a :

$$\dot{R}(t) = -(\delta + \nu)R(t) \implies \frac{\dot{R}(t)}{R(t)} = -(\delta + \nu).$$

Quand on intègre, on obtient :

$$R(t) = R(0)e^{-\int_0^{+\infty} (\delta + \nu) dt}.$$

$R(t)$ tend vers 0 quand t tend vers $+\infty$. Ainsi, toute solution du système tridimensionnel démarrant suffisamment près de $(0, 0, 0)$ et non de l'axe R s'éloigne de $(0, 0, 0)$. Et on a :

$$\dot{S}(t) = \nu - \nu S(t) \implies \frac{\dot{S}(t)}{S(t) - 1} = -\nu.$$

Quand on intègre, on obtient :

$$S(t) - 1 = S(0)e^{-\int_0^{+\infty} \nu dt}.$$

$S(t)$ converge vers 1 quand t tend vers $+\infty$.

Donc toutes les trajectoires partant d'un voisinage suffisamment petit sur le plan de coordonnées $S - R$ convergent vers x_0 . \square

2.3 Persistance uniforme de la maladie

On étudie la persistance uniforme de (2.1) dans $\overset{\circ}{\Gamma}$, l'intérieur de Γ , quand $\mathcal{R}_0 > 1$. On dit que le système (2.1) est uniformément persistant s'il existe une constante $0 < \varepsilon_0 < 1$ telle que, toute solution $(S(t), E(t), I(t), R(t))$ de (2.1) avec $(S(0), E(0), I(0), R(0)) \in \overset{\circ}{\Gamma}$ satisfait :

$$\begin{aligned} \liminf_{t \rightarrow \infty} S(t) > \varepsilon_0, & \quad \liminf_{t \rightarrow \infty} E(t) > \varepsilon_0, \\ \liminf_{t \rightarrow \infty} I(t) > \varepsilon_0, & \quad \liminf_{t \rightarrow \infty} R(t) > \varepsilon_0. \end{aligned} \tag{2.6}$$

Si (2.1) est uniformément persistant, la maladie est endémique. Dans ce cas, les fractions infectieux et latentes persistent au-dessus d'un certain niveau positif.

On peut définir l'endémicité de la maladie en utilisant l'une des notions de la persistance faible. Cependant, la persistance de (2.1) est équivalente à la persistance uniforme définie ci-dessus, ce qu'on va montrer dans le théorème suivante :

Théorème 2.2 [17]

*En supposant que $g(I)$ satisfait **(H)**, le système (2.1) est uniformément persistant si et seulement si $\mathcal{R}_0 > 1$.*

Preuve. On a d'après la Proposition (2.1), si $\mathcal{R}_0 \leq 1$, x_0 est localement asymptotiquement stable, cela implique que le système (2.1) ne persiste pas. Si $\mathcal{R}_0 > 1$, on utilise des résultats de persistance uniforme du Théorème (A.27). On choisit $X = \mathbb{R}^3$ et $E = \mathcal{T}$, avec \mathcal{T} est positivement invariant et il existe un unique équilibre $(0, 0, 0)$ sur la frontière de \mathcal{T} tel que l'ensemble invariant maximal N sur $\partial\mathcal{T}$ est le singleton $\{(0, 0, 0)\}$. En utilisant $S + E + I + R = 1$, on reviendra à la région initiale Γ et on aura $N = \{x_0\}$ sur la frontière $\partial\Gamma$ et il est isolé. Ainsi, l'hypothèse **(H')** du Théorème (A.27) est vérifiée pour (2.1).

Alors, la condition de persistance uniforme dans le théorème (A.27) est satisfaite pour $\mathcal{R}_0 > 1$, et la persistance uniforme du système (2.1) est équivalente à l'instabilité de x_0 . \square

CONCLUSION GÉNÉRALE

Dans le premier chapitre on a étudié le modèle de transmission de la maladie et on a montré que la stabilité de DFE est liée à l'interprétation épidémiologique du nombre de reproduction de base \mathcal{R}_0 . D'où,

- Si $\mathcal{R}_0 < 1$, le DFE x_0 est localement asymptotiquement stable et un individu infecté produit, en moyenne, moins d'un nouvel individu infecté au cours de sa période d'infectiosité, et l'infection ne peut pas se développer.
- Si $\mathcal{R}_0 > 1$, x_0 est instable et chaque individu infecté produit, en moyenne, plus d'une nouvelle infection, et la maladie peut envahir la population c'est-à-dire il y a un épidémie.

Dans le deuxième chapitre on a analysé un modèle épidémiologique *SEIRS* et on a prouvé que :

- Le DFE x_0 est localement asymptotiquement stable si $\mathcal{R}_0 \leq 1$ et la maladie s'éteint.
- Si $\mathcal{R}_0 > 1$, x_0 est instable et la maladie persiste uniformément. Alors, la maladie est endémique.

ANNEXE A

Pour étudier la stabilité des équilibres, il faut d'abord cité les notions d'existence et d'unicité des solutions.

On considère une application $f : U \rightarrow \mathbb{R}^n$ avec :

$$\begin{cases} \frac{dy}{dt}(t) = f(y(t)), t \in \mathbb{R}^+, \\ y(t_0) = y_0. \end{cases} \quad (\text{A.1})$$

où U un ouvert de \mathbb{R}^n .

Définition A.1 *La fonction $y \in \mathcal{C}^1(U)$ est dite solution de (A.1) si y vérifie l'équation. (A.1)*

Définition A.2 *L'application f est localement Lipschitzienne par rapport à y sur U si :*

$$\forall y_1, y_2 \in U, \forall t > 0, \exists k \in \mathbb{R}^+, \| f(y_1) - f(y_2) \|_\infty \leq k \| y_1 - y_2 \|_\infty .$$

Théorème A.3 (*Cauchy-Lipschitz [13]*)

Si f est une fonction continue sur U et localement Lipschitzienne par rapport à y , alors pour tout $t > 0$ le problème (A.1) admet une solution unique.

Définition A.4 (*Fonction contractante*)

f est dite contractante (ou une contraction) s'il existe une constante k telle que,

$$k \in [0, 1[\Rightarrow \| f(y_1) - f(y_2) \|_\infty \leq k \| y_1 - y_2 \|_\infty .$$

Définition A.5 Un point y^* est dit point stationnaire (ou équilibre) de (A.1) $f(y^*) = 0$.

Définition A.6 On appelle rayon spectral d'une matrice A , la valeur maximale du module des valeurs propres de A .

$$\rho(A) = \max_{i \in Sp(A)} |\lambda_i|,$$

où $Sp(A)$ désigne le spectre de A ou l'ensemble des valeurs propres de A .

Définition A.7 (M-matrice)

On dit qu'une matrice A est une M-matrice si :

- Ces éléments diagonaux sont négatifs,
- Ces éléments hors diagonaux sont positifs,
- A est inversible ($\det(A) \neq 0$) et A^{-1} est définie positive.

Définition A.8 Une matrice $A = [a_{ij}]$ est une Z-matrice si $a_{ij} \leq 0$ pour tous $i \neq j$. Si A peut être exprimé sous la forme $A = sI - B$ où I est la matrice d'identité, B est une matrice non-négative et $s > 0$ telle que $\rho(B) < s$, alors A est une M-matrice non singulière.

Définition A.9 On dit qu'une matrice carrée réelle A est une M-matrice non singulière (inversible) si c'est une Z-matrice et si toutes ses valeurs propres ont une partie réelle strictement positive.

Lemme A.10 [1, 2]

Si A est une Z-matrice, alors $A^{-1} \geq 0$ si et seulement si A est une M-matrice non singulière.

A.1 Linéarisation d'un système différentiel

Soit $f : U \subset \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$ est une fonction de classe \mathcal{C}^1 . On suppose que $y^* \in U$ soit un point d'équilibre de :

$$\dot{y} = \frac{dy}{dt}(t) = f(y(t)), \quad (\text{A.2})$$

avec $y \in \mathcal{C}^1(U)$.

- On suppose que $u(t) = y(t) - y^*$, on a alors,

$$\frac{du}{dt} = f(y^* + u).$$

En faisant un développement de Taylor au voisinage de y^* , on obtient $\frac{du}{dt} = Au + O(\|u\|^2)$, où A est la matrice jacobienne de f au point y^* .

- On suppose que :

$$u_1(t) = y_1(t) - y_1^*(t),$$

$$u_2(t) = y_2(t) - y_2^*(t).$$

Alors, en faisant le développement de Taylor, on obtient :

$$\frac{u_1}{dt} = \frac{\partial f_1}{\partial y_1} u_1 + \frac{\partial f_1}{\partial y_2} u_2 + O(\|(u_1, u_2)\|_\infty^2),$$

$$\frac{u_2}{dt} = \frac{\partial f_2}{\partial y_1} u_1 + \frac{\partial f_2}{\partial y_2} u_2 + O(\|(u_1, u_2)\|_\infty^2).$$

Avec la matrice jacobienne :

$$A = \begin{pmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial y_1} & \frac{\partial f_1}{\partial y_2} \\ \frac{\partial f_2}{\partial y_1} & \frac{\partial f_2}{\partial y_2} \end{pmatrix}.$$

A.2 Stabilité des équilibres

Définition A.11 Un équilibre y^* de (A.2) est dit stable si pour tout ε positif, il existe η positif tel que pour toute solution $y(t)$ de (A.2), on a :

$$\|y_0 - y^*\|_\infty < \eta \implies \|y(t) - y^*\|_\infty < \varepsilon, \forall t \geq 0.$$

Définition A.12 Un équilibre y^* de (A.2) est dit instable s'il existe ε positif, pour tout η positif, tel que pour toute solution $y(t)$ de (A.2), on a :

$$\|y_0 - y^*\|_\infty < \eta \implies \|y(t) - y^*\|_\infty \geq \varepsilon, \forall t \geq 0.$$

Définition A.13 L'équilibre y^* est dit asymptotiquement stable s'il est stable, et il existe η positif tel que pour toute solution $y(t)$ de (A.2) on a :

$$\|y_0 - y^*\|_\infty < \eta \implies \lim_{t \rightarrow \infty} \|y(t) - y^*\|_\infty = 0.$$

Stabilité d'un système linéaire

Soit le système linéaire suivant :

$$\dot{y} = Ay,$$

où A est une matrice $n \times n$.

Théorème A.14 [9]

Soient $\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_m$ ($m \geq n$) les valeurs propres distinctes de la matrice A , et y^* le point d'équilibre de ce système.

- Si les valeurs propres de la matrice A ont des parties réelles nulles ou négatives alors l'équilibre est stable.
- Si les valeurs propres de la matrice A ont des parties réelles strictement négatives alors l'équilibre est asymptotiquement stable.
- Si l'une des valeurs propres de A a une partie réelle positive alors l'équilibre est instable.

Stabilité d'un système non linéaire

En considère le système (A.2), la matrice jacobienne de f évaluée au point d'équilibre y^* est notée par $J_f(y^*) = \frac{\partial f}{\partial y}(y^*)$.

Le linéarisé du système non linéaire (A.2) en y^* est le système :

$$\dot{y} = Ay, \tag{A.3}$$

où, $A = J_f(y)$.

Théorème A.15 [9]

- Si toutes les valeur propre de A ont des parties réelles négatives, alors la solution $y = 0$ de (A.3) est asymptotiquement stable.
- S'il existe au moins une valeur propre positive de A , alors la solution $y = 0$ de (A.3) est instable.

Remarque :

- La stabilité asymptotique de l'origine pour la linéarisation implique une stabilité asymptotique de l'équilibre d'un système non linéaire. De plus, l'instabilité de l'origine pour la linéarisation implique l'instabilité d'un équilibre d'un système non linéaire [3].

D'où, y^* est asymptotiquement stable pour (A.2) si toutes les valeur propre de A ont des parties réelles négatives, et y^* est instable pour (A.2) s'il existe au moins une valeur propre positive de A .

Portrait de phase

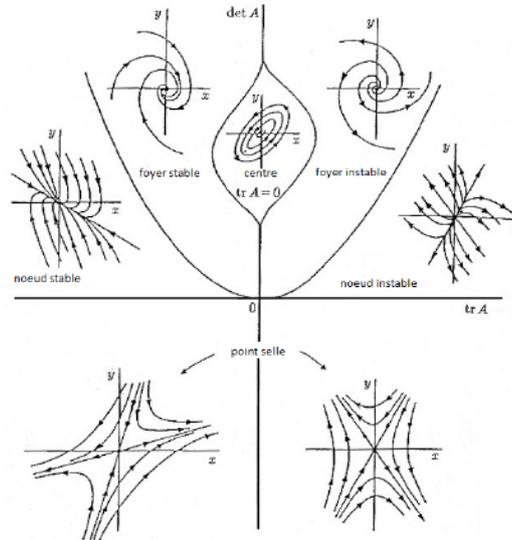


FIGURE 2 – Cas planaire

A.3 Théorie de Lyapounov

Définition A.16 Soit $V : U \subset \mathbb{R}^n \longrightarrow \mathbb{R}^n$ une fonction continue. Alors,

- V est dite définie positive sur U si :

(i) $V(0) = 0$,

(ii) $V(y) > 0, \forall y \in U \setminus \{0\}$.

- V est dite définie négative, si $-V$ est définie positive.

Définition A.17 (Fonction de Lyapounov)

Une fonction $V : U \subset \mathbb{R}^n \longrightarrow \mathbb{R}^n$ est dite fonction de Lyapounov pour (A.1)

si :

(i) V est définie positive,

(ii) $\dot{V}(y) < 0, \forall y \in U \setminus \{0\}$.

Théorème A.18 (Stabilité de Lyapounov [12, 14])

Soit $y^* = 0$ un point d'équilibre de (A.1) et V une fonction définie positive sur un voisinage de y^* .

(i) Si $\dot{V}(y) \leq 0, \forall y \in U \setminus \{0\}$ alors 0 est stable,

(ii) Si $\dot{V}(y) < 0, \forall y \in U \setminus \{0\}$ alors 0 est asymptotiquement stable.

Théorème A.19 (*Théorème d'invariance de LaSalle [9]*)

Soit $\mathbb{R}^n \ni y \rightarrow V(y)$ de classe C^1 et définie positive, si :

$$\dot{V}(y) \leq 0.$$

Alors, pour toute condition initiale y_0 , la solution de (A.1) converge asymptotiquement vers le plus grand sous-ensemble invariant contenu dans l'ensemble des points $\xi \in \mathbb{R}^n$ tels que $\dot{V}(\xi) = 0$

Théorème A.20 (*Instabilité de Chetaev [10]*)

Soit $y^* = 0$ un point d'équilibre de (A.1) et V une fonction définie positive sur un voisinage de y^* . Si $\dot{V}(y) > 0, \forall y \in U \setminus \{0\}$ alors 0 est instable.

A.4 Persistance

Définition A.21 (*Espace métrique*)

Un espace métrique (X, d) est un ensemble non vide X avec une fonction d qui satisfait aux axiomes suivants :

- (1) $d(x, y) = d(y, x)$, pour tous $x, y \in X$.
- (2) $d(x, z) \leq d(x, y) + d(y, z)$, pour tous $x, y, z \in X$.
- (3) $d(x, x) = 0$, pour tout $x \in X$.
- (4) $d(x, y) \neq 0$, pour tous $x, y \in X$ avec $x \neq y$.

$d(x, y)$ mesure la distance entre x et y . d est appelé une métrique sur X . Si (4) ne tient pas, d est appelé semi-métrique.

Définition A.22 Pour singleton $M = \{y\}$ avec $M \subset X$, et pour tout $\varepsilon > 0$, on définit :

$$S(M, \varepsilon) = \{y : y \in X, d(y, M) < \varepsilon\}.$$

$$S[M, \varepsilon] = \{y : y \in X, d(y, M) \leq \varepsilon\}.$$

Définition A.23 (*Flot*)

Un flot sur \mathbb{R}^n est une application continue

$$\begin{aligned} \Phi : \mathbb{R} \times \mathbb{R}^n &\longrightarrow \mathbb{R}^n, \\ (t, x) &\longrightarrow \Phi(t, x), \end{aligned}$$

vérifiant :

- (1) $\Phi(0, x) = x$,
- (2) $\Phi(t, x) \circ \Phi(s, x) = \Phi(t + s, x) = x$ pour $t, s \in \mathbb{R}$.

Définition A.24 (*Dissipativité*)

Le système (A.1) est dit dissipatif s'il existe $\alpha > 0$, tel que $y(t, y_0)$ est définie pour tout $t \geq 0$ et $\limsup_{t \rightarrow \infty} \|y(t, y_0)\|_\infty < \alpha$.

Définition A.25 (*Persistance faible*)

Le système (A.1) est faiblement persistant pour toute solution (A.1) satisfait, $\limsup_{t \rightarrow \infty} \|y(t, y_0)\|_\infty > 0$.

Définition A.26 (*Persistance uniforme*)

Le système (A.1) est uniformément persistant, s'il existe une constante $\varepsilon > 0$ telle que toute solution (A.1) satisfait, $\liminf_{t \rightarrow \infty} \|y(t, y_0)\|_\infty > \varepsilon$.

Soit X un espace métrique avec la métrique d et soit Φ un flot continu défini sur X . Soit E un sous-ensemble fermé de X avec ∂E et $\overset{\circ}{E}$ non vides. On suppose que Φ est positivement invariant sur E . Alors $\overset{\circ}{E}$ est aussi positivement invariant, mais la frontière ∂E peut ne pas être positivement invariante. D'après [7], on dénote la restriction de Φ à ∂E par $\partial\Phi$ et on note que ∂E n'est pas, en général, positivement invariant. Soit N l'ensemble invariant maximal de $\partial\Phi$ sur ∂E . On suppose que N est un ensemble invariant fermé et qu'il existe un recouvrement $\{N_\alpha\}_{\alpha \in A}$ de N , où A est un ensemble d'indices non vides, $N \subset \partial E$, $N \subset \cup_{\alpha \in A} N_\alpha$, et N_α ($\alpha \in A$) sont deux à deux ensembles invariants fermés disjoints. De plus, on propose l'hypothèse suivante :

- (H') (1) Tous N_α sont des ensembles invariants isolés du flot Φ .
 (2) Tout sous-ensemble fini de $\{N_\alpha\}_{\alpha \in A}$ ne forme pas un cycle limite.
 (3) Tout sous-ensemble compact de ∂E contient, au plus, un nombre fini d'ensembles de $\{N_\alpha\}_{\alpha \in A}$.

Théorème A.27 [7]

Soit E un sous-ensemble fermé, positivement invariant, de X sur lequel un flot continu Φ est défini. Supposons qu'il y ait une constante $\alpha > 0$ telle que Φ soit un point dissipatif sur $S[\partial E, \alpha] \cap \overset{\circ}{E}$ et que l'hypothèse (H') soit vérifiée. Alors le flot Φ est uniformément persistant si et seulement si

$$W^+(N_\alpha) \cap S[\partial E, \alpha] \cap \overset{\circ}{E} = \emptyset,$$

pour tout $\alpha \in A$, où $W^+(N_\alpha) = \{y \in X : \Lambda^+(y) \subset N_\alpha\}$.

et $\Lambda^+(y) = \{x \in X : \text{il y a une séquence } \{t_n\} \subset \mathbb{R}^+ \text{ avec, } t_n \rightarrow +\infty \text{ et } \Phi(x, t_n) \rightarrow y \text{ quand } n \rightarrow \infty\}$.

BIBLIOGRAPHIE

- [1] L.J.S. Allen, F. Brauer, P. van den Driessche, C.T. Bauch, J. Wu, C. Castillo-Chavez, D. Earn, Z. Feng, M.A. Lewis, J. Li, et al. *Mathematical Epidemiology*. Lecture Notes in Mathematics. Springer Berlin Heidelberg, 2008.
- [2] A. Berman and R.J. Plemmons. *Nonnegative Matrices in the Mathematical Sciences*. Classics in Applied Mathematics. Society for Industrial and Applied Mathematics, 1994.
- [3] Fred Brauer, Carlos Castillo-Chavez, and Carlos Castillo-Chavez. *Mathematical models in population biology and epidemiology*, volume 1. Springer, 2012.
- [4] Carlos Castillo-Chavez and Zhilan Feng. To treat or not to treat : the case of tuberculosis. *Journal of Mathematical Biology*, 35(6) :629–656, Jun 1997.
- [5] Abdennasser CHEKROUN. *Fonction de Lyapunov et stabilité globale pour un modele de Kermack-McKendrick avec l'âge d'infection*. PhD thesis, 2012.
- [6] O. Diekmann and J.A.P. Heesterbeek. *Mathematical Epidemiology of Infectious Diseases : Model Building, Analysis and Interpretation*. Wiley Series in Mathematical & Computational Biology. Wiley, 2000.
- [7] HI Freedman, Shigui Ruan, and Moxun Tang. Uniform persistence and flows near a closed positively invariant set. *Journal of Dynamics and Differential Equations*, 6(4) :583–600, 1994.
- [8] Herbert W. Hethcote. The mathematics of infectious diseases. *SIAM Review*, 42(4) :599–653, 2000.

-
- [9] Joseph P LaSalle. *The stability of dynamical systems*, volume 25. Siam, 1976.
- [10] D.R. Merkin, F.F. Afagh, and A.L. Smirnov. *Introduction to the Theory of Stability*. Texts in Applied Mathematics. Springer New York, 2012.
- [11] Julie Mintsa mi ondo Mintsa Mi Ondo. *Spatial aspect in the epidemiological modeling*. Theses, Université de Grenoble, November 2012.
- [12] Emmanuel Moulay. *Stabilité des équations différentielles ordinaires*. 2007.
- [13] Alexandre POPIER and Olivier WINTENBERGER. *Équations différentielles*.
- [14] SM Rahman. *Study of infectious diseases by mathematical models : Predictions and controls*. 2016.
- [15] G Sallet. Inria & ird epicasa09 avril 2010. *Rapport technique*, 2010.
- [16] PL Toutain and A Bousquet-Mélou. *Les modèles compartimentaux. Cours de pharmacocinétique-ENV Toulouse*, 2007.
- [17] P Van den Driessche, M Li, and J Muldowney. Global stability of seirs models in epidemiology. *Canadian Applied Mathematics Quarterly*, 7 :409–425, 1999.
- [18] P. van den Driessche and James Watmough. Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission. *Mathematical Biosciences*, 180(1) :29 – 48, 2002.