

الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية  
République algérienne démocratique et populaire  
وزارة التعليم العالي والبحث العلمي  
Ministère de l'enseignement supérieur et de la recherche scientifique  
جامعة عين تموشنت بلحاج بوشعيب  
Université –Ain Temouchent- Belhadj Bouchaib  
Faculté des Sciences et de Technologie  
Département des Mathématiques et l'informatique



Projet de Fin d'Etudes  
Pour l'obtention du diplôme de Master en : Mathématiques  
Domaine : Mathématiques et l'informatique  
Filière : Mathématiques  
Spécialité : Equations différentielles et Modélisations  
Thème

## Calcul du nombre de reproduction en épidémiologie

Présenté Par :

1) Melle MGHANI Fajre El-Amel

Devant le jury composé de :

Dr. MESSABIHI Aicha	M C B	UAT.B.B (Ain Temouchent)	Président
Dr. BELATTAR Zokha	M C B	UAT.B.B (Ain Temouchent)	Examineur
Dr. BOUKHALFA Fatema	M C B	UAT.B.B (Ain Temouchent)	Encadrant

*Année Universitaire 2022/2023*

---

# TABLE DES MATIÈRES

<b>Table des figures</b>	<b>2</b>
<b>Notations Générales</b>	<b>2</b>
<b>Introduction Générale</b>	<b>2</b>
<b>1 Préliminaires</b>	<b>8</b>
1.1 Quelques définitions épidémiologique . . . . .	8
1.2 Équation différentielle ordinaire . . . . .	8
1.3 Système différentiel . . . . .	9
1.4 Stabilité des points d'équilibre . . . . .	10
1.5 Critère de Routh-Hurwitz . . . . .	11
1.6 Méthode de Lyapunov . . . . .	12
1.7 Principe d'invariance de LaSalle . . . . .	14
1.8 Matrices de Metzler . . . . .	14
<b>2 Calcul mathématique du nombre de reproduction de base</b>	<b>15</b>
2.1 Le nombre de reproduction de base . . . . .	15
2.1.1 Le concept de $R_0$ en épidémiologie [19] . . . . .	15
2.1.2 Définition mathématique de $R_0$ [19] . . . . .	15
2.2 Méthode de la matrice de la prochaine génération . . . . .	16
2.3 Les modèles classiques en compartiments . . . . .	18
2.3.1 <u>Le modèle SIR</u> : . . . . .	19
2.3.2 Recherche des points d'équilibres . . . . .	21
2.3.3 Calcul du $R_0$ : . . . . .	21
2.3.4 Étude de stabilité : . . . . .	22
2.3.5 <u>Le modèle SIRS</u> . . . . .	23
2.3.6 Recherches des points d'équilibres : . . . . .	23
2.3.7 Calcul de $R_0$ : . . . . .	24
2.3.8 Étude de La stabilité : . . . . .	25

---

<b>3</b>	<b>Étude de stabilité des modèles épidémiologiques</b>	<b>26</b>
3.1	Modèle SEIR . . . . .	26
3.1.1	Détermination des points d'équilibres . . . . .	27
3.1.2	Calcul de $R_0$ . . . . .	28
3.1.3	Étude de la stabilité des équilibres . . . . .	29
3.2	L'immunité collaborative est une stratégie de vaccination . . . . .	30
3.3	Persistance d'une maladie . . . . .	31
3.3.1	Calcul des points d'équilibres : . . . . .	33
3.3.2	Etude de la stabilité de l'équilibre endémique (EE) . . . . .	34
3.4	Simulation numérique . . . . .	36

---

# REMERCIEMENT

*Avant tout, mes purs remerciements, je les exprime à Allah tout puissant.*

*Mes profonds remerciements à mes premiers fans, mes chers parents, mon frère, mes soeurs et mes amis qui m'ont toujours soutenu et encouragé.*

*Je vifs remerciement vont également à mon encadrante M. BOUKHALFA FATEMA qui m'a guidé durant ce travail et qui ses conseils et remarque étaient très utile pour réaliser ce mémoire.*

*Je tiens aussi à remercier infiniment les membres de jury, les Professeurs Madame Messabihi Aicha et Madame Belattar Zokha d'avoir accepté de juger ce travail.*

*Je remercie respectueusement tout le cadre professoral du département mathématique et informatiques de la Faculté des Sciences et Techniques de Ain Té-mouchent.*

---

# DÉDICACE

*Avec l'aide et la protection D'ALLAH j'ai réalisé ce travail ;  
J'ai le grand plaisir de dédier ce modeste travail :*

*À la lumière de ma vie, la source de tendresse, ma première supporteur et mon amour éternelle, ma mère que j'adore.*

*À mon très cher père , pour ses encouragements, son soutien, et surtout pour son amour et son sacrifice afin que rien m'entrave le déroulement de mes études.*

*À mon seul frère et mes soeurs, qui n'ont pas cessé de m'encourager tout au cours de réalisation de ce travail.*

*À mes très chère copines Aicha, Chahinez et Meriem , merci pour tout les moments inoubliables et de m'a toujours encouragé et m'aimé.*

*À mes oncles et mes tantes, qui ont tant attendu ce jour-là.*

*À tous mes cousins et cousines.*

*À mes amis(es), pour leur aide et leur soutien moral.*

*À tous mes autres proches.*

---

# TABLE DES FIGURES

- Figure (1.1) : Figure de la stabilité.  
Figure (1.2) : Figure Courbes d'une fonction de Lyapunov.  
Figure (2.1) : Figure de variable d'état, flux entrant et sortant liés au compartiment  $i$ .  
Figure (2.2) : Schéma épidémiologique du modèle SI.  
Figure (2.3) : Schéma épidémiologique d'un modèle SIS.  
Figure (2.4) : Schéma épidémiologique d'un modèle SIR.  
Figure (2.5) : Schéma épidémiologique d'un modèle SIRS.  
Figure (3.1) : Schéma épidémiologique d'un modèle SEIR.  
Figure (3.2) : Schéma épidémiologique d'un modèle SEI.  
Figure (3.3) : Schéma épidémiologique d'un modèle SI.  
Figure (3.4) : Simulation numérique.

---

# NOTATIONS GÉNÉRALES

Les notations, symboles et abréviations les plus fréquemment utilisés sont répertoriés ci-dessous :

- $\mathbb{R}$  : Ensembles de tous les nombres réels.
- $\mathbb{R}_+$  : Ensembles de tous les nombres réels positifs.
- $\mathbb{R}^n$  : Ensemble de tous les n tuples  $x = (x_1, x_2, \dots, x_n)$ .
- $x$  :  $x(t)$
- $x'$  :  $\frac{dx}{dt}$ .
- EDO : Equations différentielles ordinaires.
- $C^1$  : La classe des fonctions dérivable et sa dérivée est continue.
- $R_0$  : Le nombre (ou taux) de reproduction de base.
- $Re(\lambda)$  : Partie réelle de  $\lambda$ .
- $\rho(A)$  : Le rayon spectrale :  $\rho(A) = \max Re|\lambda_i|$ .
- SI : Susceptibles–Infectés.
- SIS : Susceptibles–Infectés–Susceptibles.
- SIR : Susceptibles–Infectés–Retirés.
- SIRS : Susceptibles–Infectés–Retirés–Susceptibles.
- SEIR : Susceptibles–Exposés–Infectés–Retirés.
- SEI : Susceptibles–Exposés–Infectés.
- DFE : Disease Free Equilibrium : Point d'équilibre sans maladie .
- EE : Endemic Equilibrim : Point d'équilibre endémique.

---

# INTRODUCTION GÉNÉRALE

Le nombre de reproduction de base est une mesure clé utilisée en épidémiologie pour évaluer la propagation d'une maladie. Il représente le nombre moyen des individus infectés par un individu infecté dans une population susceptible. Plus le nombre de reproduction de base est élevé, plus la maladie est susceptible de se propager rapidement. Le calcul du nombre de reproduction de base est essentiel pour comprendre comment une maladie se propage et comment elle peut être contrôlée.

Le but de ce mémoire est de consacrer à l'étude du modèle de la transmission de la maladie pour trouver le taux de reproduction de base qui est le nombre moyen de nouvelles infections à travers de l'étude de la méthode de la matrice de la prochaine génération.

Dans le premier chapitre, nous faisons tout d'abord un court rappel de quelques outils de base sur l'analyse qualitative des équations différentielles ordinaires, comme la stabilité, le critère de Routh-Hurwitz, le théorème de Lyapunov, le principe d'invariance de LaSalle et matrices de Metzler. Ces outils de base sont illustrés par des exemples importants des systèmes d'équations différentielles ordinaires et de leurs applications dans les modèles en épidémiologie.

La méthode de la matrice de la prochaine génération est une technique souvent utilisée pour calculer le nombre de reproduction de base. Dans le deuxième chapitre, on va étudier cette méthode pour mieux comprendre comment elle fonctionne. Nous donnons des esquisses de la preuve des résultats bien connus sur le nombre de reproduction de base  $R_0$  et la stabilité du point d'équilibre sans maladie (DFE).

Finalement ; En étudiant le  $R_0$  pour des exemples classiques en épidémiologie. Ensuite ; on utilise les outils étudiés dans les chapitres précédents, pour l'application de la matrice de la nouvelle génération. On donne une preuve détaillée d'un résultat bien connu sur la stabilité globale et le point d'équilibre endémique qui porte sur l'existence des fonctions de Lyapunov.

---

---

# CHAPITRE 1

---

## PRÉLIMINAIRES

L'objectif de ce chapitre vise à offrir un bref rappel sur quelques définitions qui nous sera très utiles pour les chapitres suivants.

### 1.1 Quelques définitions épidémiologique

**Définition 1.1.1.** *Une épidémie est définie par l'augmentation rapide de l'incidence d'une maladie en un lieu donné, pendant une période donnée. Initialement, le terme d'épidémie était réservé aux maladies infectieuses, comme la grippe ou la variole.*

**Définition 1.1.2.** *Les individus susceptibles sont celles qui n'ont pas encore été infectés par une maladie, mais qui sont un risque d'être, s'ils entrent en contact avec les individus infectés.*

**Définition 1.1.3.** *Les individus infectés sont les individus qui ont la maladie ou l'infection et peuvent la transmettre à d'autres.*

**Définition 1.1.4.** *Les individus récupérés se sont les individus qui ont été infectés et se sont rétablis, devenant immunisés contre la maladie.*

**Définition 1.1.5.** *Les individus exposés se sont les individus qui ont été infecté, mais ne sont pas encore contagieux.*

**Définition 1.1.6.** *L'équilibre sans maladie (DFE) est l'état dans lequel tous les compartiments contenant des individus infectés sont vides.*

**Définition 1.1.7.** *(Équilibre endémique (EE)). L'équilibre endémique noté  $\bar{x}$  est l'état dans lequel la maladie ne peut pas être totalement éradiquée mais reste dans la population.*

### 1.2 Équation différentielle ordinaire

**Définition 1.2.1.** [3]

Soient  $J$  un ouvert de  $\mathbb{R}^n$  et  $f : J \rightarrow \mathbb{R}^n$  une fonction continue, une équation différentielle ordinaire sur  $J$  de la forme :

$$x' = f(t, x) \quad (1.1)$$

avec  $x \in C^1(\mathbb{R}^n)$  et  $t \in \mathbb{R}$

**Définition 1.2.2.** Soit  $x$  une fonction de  $\mathbb{R}$  dans  $\mathbb{R}^n$ , la fonction  $x$  est dite solution de l'équation (1.1) sur l'intervalle  $I \subset \mathbb{R}$  :

▷ si elle est définie et continument dérivable sur  $I$ .

▷ si  $(t, x(t)) \in J$  pour tout  $t \in I$  et si  $x$  satisfait la relation (1.1) sur  $I$ .

**Théorème 1.2.1.** (Cauchy-Lipschitz)[3]. Si  $f$  est continue sur  $J$  et s'il existe une constante  $k > 0$  tel que :

$$\| f(x_1(t)) - f(x_2(t)) \| \leq k \| x_1 - x_2 \|,$$

$\forall x_1, x_2 \in U, t > 0,$

alors le problème (1.1) admet une solution globale et unique.

**Définition 1.2.3.** [22]. Soit  $f$  une fonction définie sur un ouvert  $J$  de  $\mathbb{R}^n$ .

On dit que  $f$  est de classe  $C^1$  sur  $J$  si et seulement si  $f$  est différentiable sur  $J$  et si l'application  $x \rightarrow f'$  est continue.

### 1.3 Système différentiel

**Définition 1.3.1.** [20]

Soit  $X$  un ouvert connexe de  $\mathbb{R}^n$  et  $f : X \rightarrow \mathbb{R}^n$  fonction de classe  $C^1$ .

On appelle système différentiel autonome un système d'équations différentielles de la forme :

$$x' = f(x). \quad (1.2)$$

Le système est appelé autonome car la variable indépendante  $t$  n'apparaît pas de manière explicite dans le deuxième membre des équations données.

**Exemple 1.3.1.** Les équations différentielles suivantes sont des équations autonomes :

$$x' = \ln x, \quad x' = x^3 + 1.$$

**Définition 1.3.2.** [20]

Soit  $X$  un ouvert connexe de  $\mathbb{R}^n$  et  $f : X \rightarrow \mathbb{R}^n$  fonction de classe  $C^1$ . On appelle système différentiel non-autonome un système d'équations différentielles de la forme :

$$x' = f(x, t). \quad (1.3)$$

**Exemple 1.3.2.** Les équations différentielles suivantes sont des équations non-autonomes :

$$x' = x^4 + t^4, \quad x' = \exp x - t$$

## 1.4 Stabilité des points d'équilibre

Dans cette partie, nous allons considérer les équations différentielles autonomes.

**Définition 1.4.1.** [4] On appelle un point d'équilibre ou un point fixe tout  $x^* \in X$  tel que :

$$f(x^*) = 0.$$

**Exemple 1.4.1.** Soit l'équation différentielle suivante :

$$x' = rx\left(1 - \frac{x}{k}\right) \quad \text{avec } r \in \mathbb{R} \text{ et } k > 0$$

Les points d'équilibres sont :

$$\begin{aligned} x' = 0 &\Rightarrow rx\left(1 - \frac{x}{k}\right) = 0 \\ &\Rightarrow x^* = 0, x^* = k. \end{aligned}$$

**Définition 1.4.2.** [4] Soit  $x^* \in \mathbb{R}^n$ , un point d'équilibre du système (1.2).

- On dit que  $x^*$  est stable si :  
pour tout  $\varepsilon > 0$ ,  $\exists \zeta > 0$  tel que  $\|x(t_0) - x^*\| < \zeta \Rightarrow \|x(t) - x^*\| < \varepsilon \forall t \geq t_0$ .
- On dit que  $x^*$  est asymptotiquement stable si :  
 $x^*$  est stable et si  $\exists q > 0$  tel que  $\|x(t_0) - x^*\| < q \Rightarrow \lim_{t \rightarrow +\infty} x(t) = x^*$
- On dit un point d'équilibre est instable s'il n'est pas stable.

**Définition 1.4.3.** [4] Soit  $x^* \in \mathbb{R}^n$ , un point d'équilibre du système (1.2)

On dit que  $x^*$  est globalement asymptotiquement stable si :

1.  $x^*$  est stable .
2. Si  $\forall q > 0$  tel que  $\|x(t_0) - x^*\| < q \Rightarrow \lim_{t \rightarrow +\infty} x(t) = x^*$ .

La stabilité globale veut dire que le système parviendra au point d'équilibre, quel soit son point de départ.

### Conditions suffisantes pour la stabilité asymptotique et l'instabilité

On va voir comment étudier la stabilité sans graphe et sans les solutions de l'équation différentielle.

Autrement dit, il n'est pas toujours nécessaire de prendre le travail de résolution de l'équation différentielle pour connaître la stabilité et l'instabilité des points d'équilibre.

### La matrice jacobienne

**Définition 1.4.4.** Soit  $f$  une fonction définie sur un ouvert  $U$  de  $\mathbb{R}^n$  à valeurs dans  $\mathbb{R}^p$ . C'est à dire  $f = (f_1, \dots, f_p)$ . Soit  $a$  un point de  $U$  où  $f$  est différentiable.

La matrice jacobienne est donc la matrice de la différentielle de  $f$  en  $a$ , qui est une application linéaire de  $\mathbb{R}^n$  dans  $\mathbb{R}^p$ , donnée par :

$$\begin{pmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial x_1}(a) & \dots & \frac{\partial f_1}{\partial x_n}(a) \\ \vdots & \frac{\partial f_i}{\partial x_j}(a) & \vdots \\ \frac{\partial f_p}{\partial x_1}(a) & \dots & \frac{\partial f_p}{\partial x_n}(a) \end{pmatrix}$$

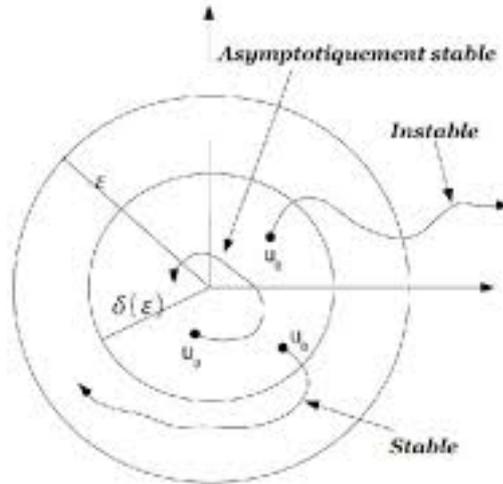


FIGURE 1.1 – Stabilité.

On prend en considération  $f : \mathbb{R}^n \Rightarrow \mathbb{R}^n$  de classe  $C^1$  et  $x^n \in \mathbb{R}^n$  tel que  $f(x^*) = 0$ , et on prend  $J = Df(x^n)$  la jacobienne en  $x^*$ , on compare le système différentiel :

$$\begin{cases} x' = f(x) \\ x(0) = x_0 \end{cases} \quad (1.4)$$

**Théorème 1.4.1.** *Soit le système autonome (1.4) avec  $x^* \in \mathbb{R}^n$  un point d'équilibre :*

1.  $x^*$  est asymptotiquement stable si  $\lambda < 0$  tel que  $\lambda$  se sont les valeurs propres de  $J$ .
2.  $x^*$  est instable s'il existe une valeur propre  $\lambda$  tel que son réel soit positif  $\lambda > 0$

## 1.5 Critère de Routh-Hurwitz

La matrice  $B$  admet  $n$  valeurs propres séparées au maximum, c'est à dire la solution de l'équation caractéristique  $\det(B - \lambda I) = 0$  qui est un polynôme de degré  $n$  que l'on peut écrire sous la forme suivante [5] :

$$\lambda^n + a_1\lambda^{n-1} + a_2\lambda^{n-2} + \dots + a_{n-1}\lambda + a_n = 0$$

considérons les  $n$  déterminants suivants :

$$H_1 = 1$$

$$H_2 = \begin{bmatrix} a_1 & a_3 \\ 1 & a_2 \end{bmatrix}$$

$$H_3 = \begin{bmatrix} a_1 & a_3 & a_5 \\ 1 & a_2 & a_4 \\ 0 & a_1 & a_3 \end{bmatrix}$$

$$H_k = \begin{bmatrix} a_1 & a_3 & a_5 & \dots \\ 1 & a_2 & a_4 & \dots \\ 0 & a_1 & a_3 & \dots \\ 0 & 1 & a_2 & \dots \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ 0 & 0 & 0 & a_k \end{bmatrix}$$

avec  $k \in 2, n$ ;  $a_i = 0$ , pour  $i > n$ .

On doit donc s'assurer que les déterminants de  $H_k$  sont strictement positifs, c'est une condition nécessaire et suffisante pour la stabilité locale en  $(0,0)$ .

Autrement dit, le point d'équilibre est asymptotiquement stable si et seulement si :

$$\forall k \in 1, n, H_k > 0.$$

Dans le cas de dimension trois, le polynôme caractéristique s'écrit sous la forme suivante[5] :

$$P_A(\lambda) = \lambda^3 + a_1\lambda^2 + a_2\lambda + a_3 = 0.$$

$$H_1 = a_1$$

$$H_2 = \begin{bmatrix} a_1 & a_3 \\ 1 & a_2 \end{bmatrix} = a_1a_2 - a_3$$

et

$$H_3 = \begin{bmatrix} a_1 & a_3 & a_5 \\ 1 & a_2 & a_4 \\ 0 & a_1 & a_3 \end{bmatrix} = a_1a_2 - a_3 - a_3^2 = a_3H_2$$

donc, les conditions de stabilité en appliquant le critère de Routh-Hurwitz sont [5] :

$$\begin{cases} a_1 > 0 \\ a_1a_2 - a_3 > 0 \\ a_3 > 0 \end{cases}$$

## 1.6 Méthode de Lyapunov

Les fonctions de Lyapunov jouent un grand rôle dans l'étude de la stabilité des systèmes.

Cette partie est consacrée à quelques résultat de Lyapunov.

**Définition 1.6.1.** (Fonction de Lyapunov)[18]. Soit  $U$  un ouvert de  $\mathbb{R}^n$  la fonction  $V : U \rightarrow \mathbb{R}^n$  continue et différentiable sur  $U$  telle que :

◦  $V(0) = 0$  et  $V(x) > 0$ , pour tout  $x \neq 0$ .

◦  $V'(x) = \frac{dV}{dt} \leq 0$ .

Pour obtenir l'existence de  $V'(x)$ , la fonction doit être continue, et avec des drives partielles continues.

Les propriétés suivantes sont vérifiées pour le système (1.4).

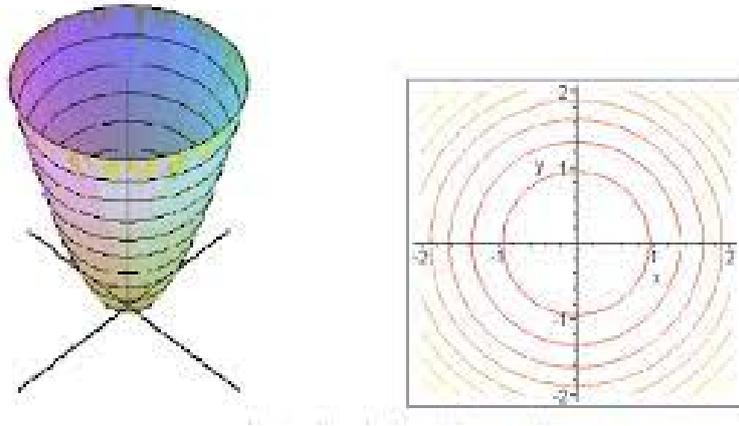


FIGURE 1.2 – Courbes d’une fonction de Lyapunov.

**Théorème 1.6.1.** (*Stabilité de Lyapunov*)[2]. Soit  $x^* \in \mathbb{R}^n$  un point d’équilibre du système (1.4).

1. Si la fonction de Lyapunov existe pour le système (1.4), donc le point d’équilibre  $x^*$  est stable. De plus, si

$$\frac{dV(x)}{dt} < 0; \quad \text{pour tout } x \neq 0$$

alors le point  $x^*$  est asymptotiquement stable.

2. Si la fonction  $V(x)$  a les propriétés suivantes :

- $V(x)$  est de classe  $C^1$ .
- $V(x^*) = 0$ , et chaque boule  $B(x^*, r)$ ,  $r > 0$  contient au moins un point  $x$  tel que  $E(x) > 0$ .
- $\frac{dV(x)}{dt} > 0$  pour  $x \neq 0$

donc le point  $x^*$  est instable.

Dans l’exemple suivant, on va déterminer à travers du théorème ci-dessus, la stabilité d’un point d’équilibre.

**Exemple 1.6.1.** Nous considérons le système suivant :

$$\begin{cases} x' = -3x^2 - y \\ y' = x^5 - 2y^3 \end{cases}$$

On a le point d’équilibre du système est  $(x^*, y^*) = (0, 0)$ .

Pour déterminer la stabilité de ce système, on peut utiliser la fonction de Lyapunov suivante :

$$V(x, y) = x^6 + 3y^2$$

Il est facile de vérifier que cette fonction satisfait les deux conditions requises pour être une fonction de Lyapunov pour le système.

Tout d’abord,  $V(x)$  est toujours positive ou nulle pour tout  $x$  et  $y$ . Autrement dit  $V(x, y) \geq 0$ .

De plus, la dérivé de  $V(x)$  par rapport au temps est donné par :

$$V'(x, y) = 6x^5(-3x^3 - y) + 6y(x^5 - 2y^3).$$

$$V'(x, y) = -18x^2 - 12y^2.$$

$$V'(x, y) < 0.$$

Alors, le théorème nous permet d'assurer que le point d'équilibre  $(0,0)$  de ce système est asymptotiquement stable.

## 1.7 Principe d'invariance de LaSalle

**Théorème 1.7.1.** *:[6] [7] Soit  $U$  un sous ensemble de  $\mathbb{R}^n$ , supposons que  $U$  est un ouvert positivement invariant pour un système en  $x_0$ . Soit  $V : U \Rightarrow \mathbb{R}$  une fonction de classe  $C^1$  telle que :*

1.  $V' \leq 0$  sur  $U$ .
2.  $\{E = x \in U \mid V' = 0\}$  et  $L$  le plus grand ensemble invariant par  $X$  et contenu dans  $E$ .  
Alors, toute solution bornée issue dans tend vers une limite dans l'ensemble  $L$  lorsque le temps tend vers l'infini.

## 1.8 Matrices de Metzler

**Définition 1.8.1.** *(Matrice de Metzler). Une matrice dont les termes hors la diagonale sont positifs, c'est à dire si  $i \neq j$  alors  $a_{ij} \geq 0$  est appelée matrice de Metzler.*

---

---

## CHAPITRE 2

---

# CALCUL MATHÉMATIQUE DU NOMBRE DE REPRODUCTION DE BASE

Dans ce chapitre on va présenter le concept du nombre de reproduction de base  $R_0$  en épidémiologie mathématique. On va voir des exemples classiques en épidémiologie où l'étude de nombre de reproduction de base nous donne des informations intéressantes sur ces exemples.

### 2.1 Le nombre de reproduction de base

Les modèles mathématiques dans l'épidémiologie jouent un rôle très important afin de éradiquer les maladies infectieuses.

Le  $R_0$  qui a plusieurs appellations telles que indice de contagion, nombre de reproduction d'origine, taux de reproduction de base ..., c'est-à-dire le nombre de individus qui sont infectées en moyenne par un seul individu contaminée.

#### 2.1.1 Le concept de $R_0$ en épidémiologie [19]

La définition épidémiologique de  $R_0$  est le nombre moyen d'infections secondaires qui sont des infectées qui surviennent pendant ou après le traitement d'une autre infection, produits par un individu infecté introduit dans une population d'individus sensibles, ou un individu infecté a contacté la maladie, et les individus sensibles sont en bonne santé mais peuvent contacter la maladie.

#### 2.1.2 Définition mathématique de $R_0$ [19]

La définition mathématique correcte de  $R_0$  a été présentée par O. Dikemann, J.A.P. Heers-terbeek et J.A.J. Metz en 1990 [19], liée à la valeur propre dominante du soi-disant "opérateur de nouvelle génération". Dans cette définition, les auteurs se concentrent sur un état d'équilibre spécifique du système dynamique épidémiologique, communément appelé l'équilibre sans maladie DFE, correspondant à la situation où la population est à un équilibre caractérisé par une population sensible constante en l'absence de l'agent infectieux. La valeur  $R_0$ , c'est-à-dire la valeur

propre dominante de l'opérateur de prochaine génération, vise à assurer la stabilité [15] ( $R_0 < 1$ ) sinon l'instabilité ( $R_0 > 1$ ) du DFE.

Il se calcule sur le mode d'une équation simple :

$$R_0 = \beta.c.d$$

- $\beta$  : représentant la probabilité de transmission.
- $c$  : le taux de contact (ou nombre de contacts par unité de temps).
- $d$  : la durée de contagiosité.

## 2.2 Méthode de la matrice de la prochaine génération

Dans cette section, on utilise une méthode efficace pour calculer le  $R_0$ .

Cette méthode, proposée par P. Van Den Driessche et J. Watmough pour déterminer les principales valeurs propres de "l'opérateur de nouvelle génération" qui spécificités épidémique EDO. Cette méthode est appelée la matrice de la prochaine génération «Next Generation Matrix» [13]. Les auteurs proposent d'écrire le système épidémique des EDO en séparant les variables d'état et les flux liés au processus infectieux des autres. On définit les  $X$  comme l'ensemble de toutes les maladies États libres. C'est-à-dire  $X = \{x_i > 0 | x_i = 0, 1, \dots, n\}$ . La dynamique est alors écrite comme le système compartimenté suivant :

$$x'_i(t) = f_i(x(t)) = \mathcal{F}_i(x) - \mathcal{V}_i(x), i = 1 \dots n,$$

avec  $\mathcal{V}_i = \mathcal{V}_i^- - \mathcal{V}_i^+$ .

Où  $\mathcal{F}_i, \mathcal{V}_i^-$  et  $\mathcal{V}_i^+$  sont des fonctions positives tel que :

$\mathcal{F}_i$  : Le taux d'apparition de nouvelles infections dans le compartiment  $i$ .

$\mathcal{V}_i^+$  : Le taux de transfert d'individus dans le compartiment  $i$ .

$\mathcal{V}_i^-$  : Le taux de transfert d'individus hors du compartiment  $i$ .

Les fonctions satisfont aux hypothèses  $(H_1) - (H_5)$  suivant :

1. (H1) : si  $x \geq 0$ , donc  $\mathcal{F}_i, \mathcal{V}_i^-; \mathcal{V}_i^+ \geq 0, i = 1 \dots n$ , notons que chaque fonction présente un transfert dirigé d'individus, ils sont toutes non négatives.
2. (H2) : si  $x_i = 0$ , alors  $\mathcal{V}_i^- = 0$  s'il n'y a rien dans le compartiment, rien ne peut en sortir.
3. (H3) :  $\mathcal{F}_i = 0$  si  $i < m$  cela signifie qu'il ne peut rentrer des infectés dans les compartiments non infectés.
4. (H4) : si  $x \in X$  donc  $\mathcal{F}_i(x) = 0$  et  $\mathcal{V}_i(x) = 0$  pour  $i = 1 \dots n$  s'il n'y a aucune d'immigration pour l'infection, et la population est libre de la maladie, ils demeureront libres de la maladie.
5. (H5) : si  $F \equiv 0$  pour tout  $x$ , alors les valeurs propres de la matrice jacobienne du  $Df(x_0)$  ont des parties réelles négatives.

Avec  $x_0$  est le DFE et  $Df(x_0)$  est la matrice jacobienne.

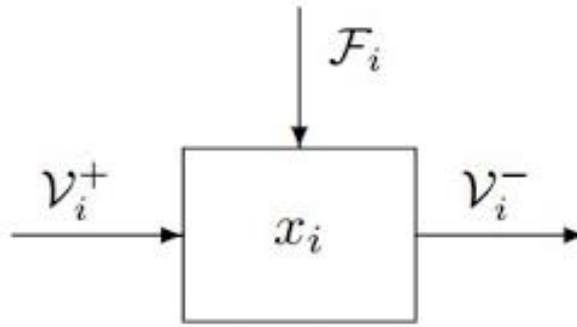


FIGURE 2.1 – Variable d'état, flux entrant et sortant liés au compartiment i.

**Lemme 2.2.1.** *Si  $x_0$  est un DFE, avec les hypothèses (H1)-(H5), alors les dérivées  $\mathcal{F}(x_0)$  et  $\mathcal{V}(x_0)$  sont partitionnées comme :*

$$D\mathcal{F}(x_0) = \begin{pmatrix} F & 0 \\ 0 & 0 \end{pmatrix}$$

$$D\mathcal{V}(x_0) = \begin{pmatrix} V & 0 \\ J_1 & J_2 \end{pmatrix}$$

Où  $F$  et  $V$  sont des matrices carrées de  $m$  dimension définies par :

$$F = \left[ \frac{\partial \mathcal{F}_i}{\partial x_i}(x_0) \right]$$

et

$$V = \left[ \frac{\partial \mathcal{V}_i}{\partial x_i}(x_0) \right]$$

de plus,  $F$  est non négative,  $V$  est une matrice Matzler non singulière, et toutes les valeurs propres de  $J_2$  ont une partie réelle positive.

**Définition 2.2.1.** *(Rayon spectral) : Le rayon spectral d'une matrice carré  $A$  de  $m$  dimension est la valeur maximale du module de ses valeurs propres.*

$$\rho(A) = \max |\lambda_i|$$

**Définition 2.2.2.** [14] *Le nombre de reproduction de base lié au DFE d'un système dynamique, noté  $R_0$  est définie par :*

$$R_0 = \rho(-FV^{-1}).$$

Où :

$FV^{-1}$  : la Matrice de Nouvelle Génération pour le modèle.

$\rho(-FV^{-1})$  : le rayon spectral de la matrice  $FV^{-1}$ .

### 2.3 Les modèles classiques en compartiments

**Le modèle SI :**

**Définition 2.3.1.** *Le modèle déterministe simple ou modèle de type SI s'agit du modèle que W.H. Hamer a développé en 1906. Il postule au départ qu'il n'y a ni décès ni guérison. Ce modèle comprend deux compartiments :*

*S : Sains ou Susceptibles c'est à dire les individus qui ne sont pas contaminés mais peuvent le devenir.*

*I : Infectés, ce sont les individus atteints et qui sont donc contagieux.*

*De plus les populations d'individus sains et d'individus infectés sont en permanence en contact L'infection s'établit par contact direct entre un individu infecté et un individu sain. Par l'hypothèse de la constante de la population, le modèle se forme comme suit :*

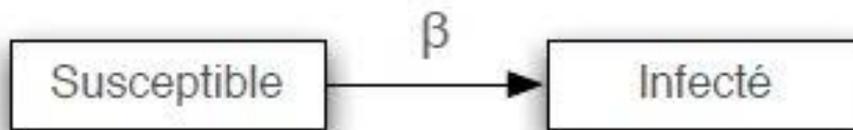


FIGURE 2.2 – Schéma épidémiologique du modèle SI.

Le système des équations différentielles s'écrit :

$$\begin{cases} S' = -\beta SI \\ I' = \beta SI \end{cases} \quad (2.1)$$

où ;  $\beta$ ,  $S_0$  et  $I_0$  sont positives.

par suite l'interprétation du modèle est la suivante :

S : les individus saines.

I : les individus infectés.

P : la population totale.

$\beta$  : le taux d'infection.

$\beta SI$  : le nombre des individus infectés par unité de temps.

La taille de la population est constante, autrement dit :

$$\begin{aligned} P &= S(t) + I(t) \\ \Rightarrow P' &= S' + I' \\ \Rightarrow P' &= -\beta SI + \beta SI \\ \Rightarrow P' &= 0. \end{aligned}$$

**Le modèle SIS :**

Il y a des cas où les susceptibles deviennent infectés et les infectés guérissent au taux  $\gamma$  mais ne développent pas une immunité et deviennent susceptibles, le graphe suivant résume de manière concise le modèle :

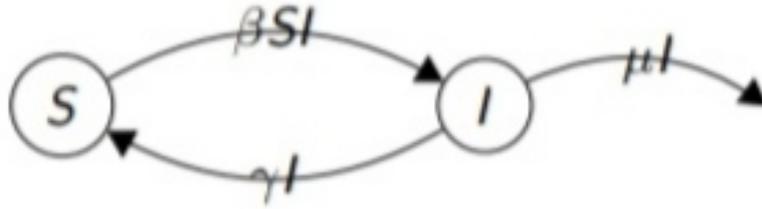


FIGURE 2.3 – Le modèle SIS.

Les équations différentielles associées sont :

$$\begin{cases} S' = -\beta SI + \gamma I \\ I' = \beta SI - \gamma I - \mu I \end{cases} \quad (2.2)$$

Avec :  $\beta$ ,  $\gamma$  et  $\mu$  sont des constantes positives.

S : les individus saines.

I : les individus infectés.

$\beta$  : taux d'infection.

$\mu$  : taux de mortalité.

$\gamma$  : taux de guérison.

$\beta SI$  : le nombre de personnes infectés par unité de temps.

$\gamma I$  : le nombres de personnes guéris par unité de temps.

$\mu I$  : le nombre de personnes mortes par la maladie par unité de temps.

### 2.3.1 Le modèle SIR :

**Définition 2.3.2.** *Le modèle SIR est historiquement le premier modèle de compartiments, a été présenté pour la première fois par KERMACK MCKENDRICK à Londres et Cambridge en 1927 [21] .*

*A chaque instant on décide de diviser la population en trois catégories :*

- ▷ *La catégorie des individus "Susceptibles"(S) : se sont des individus sains ceux qui ne sont jamais eu la maladie, et peuvent la contracter.*
- ▷ *La catégorie des individus "Infectés"(I) : les malades ; ce sont aussi ls contagieux.*
- ▷ *La catégorie des individus "Rétablis"(R) : ceux qui sont déjà eu la maladie et sont désormais immunisés contre cette maladie.*

Mathématiquement le modèle SIR est donné par le système suivant :

$$\begin{cases} S' = -\beta SI + \delta R. \\ I' = \beta SI - \gamma I. \\ R' = \gamma I - \delta R. \end{cases} \quad (2.3)$$

Le tableau suivant présente l'interprétation du modèle :

Le paramètre	La description
S	les individus saines.
I	les individus infectés.
R	les individus rétablis (guéris).
P	la population totale.
$\beta$	taux d'infection.
$\gamma$	taux de mortalité.
$\delta$	taux de guérison.
$\beta SI$	le nombre des individus infectés par unité de temps.
$\delta R$	le nombre des individus guéris par unité de temps.
$\gamma I$	le nombre des individus mortes par la maladie par unité de temps.

La figure suivante schématise les transferts d'individu entre chaque catégorie :

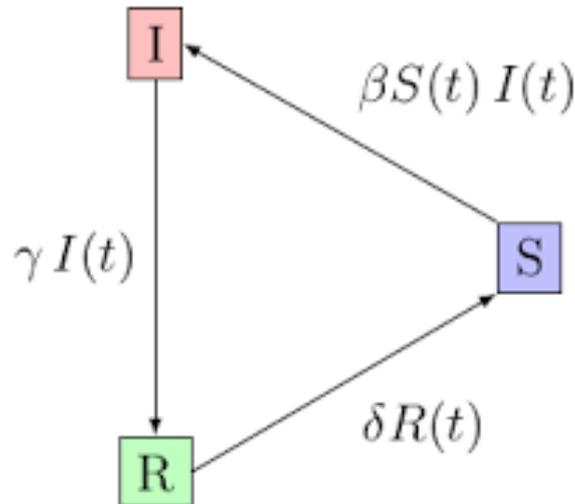


FIGURE 2.4 – Diagramme épidémiologique du modèle SIR.

La taille de la population est constante. C'est-à-dire :

$$\begin{aligned}
 P(t) &= S(t) + I(t) + R(t). \\
 \Rightarrow P' &= S' + I' + R' \\
 \Rightarrow P' &= -\lambda SI + \sigma R + \lambda SI - \gamma I + \gamma I - \sigma R. \\
 \Rightarrow P' &= 0
 \end{aligned}$$

On peut réduire le système (2.3) en un système de deux équations, car

$$\begin{aligned}
 R &= P - S - I \\
 \Rightarrow R' &= -S' - I' \\
 \Rightarrow R' &= \beta SI + \gamma R - \beta SI + \delta I \\
 \Rightarrow \delta I - \gamma R &= \delta I + \gamma R \\
 \Rightarrow R' &= 0
 \end{aligned}$$

donc ; on obtient R en fonction de S et I.

En effet, on obtient le système ci-dessous

$$\begin{cases} S' = -\beta SI + \gamma(P - S - I) \\ I' = \beta SI - \delta I \end{cases} \quad (2.4)$$

### 2.3.2 Recherche des points d'équilibres

Dans cette partie, on détermine les points d'équilibres :

**Preuve 1.** : D'après le système (2.4) on a :

$$\begin{cases} S' = 0 \\ I' = 0 \end{cases}$$

on obtient :

$$\begin{cases} -\beta SI + \gamma(P - S - I) = 0 \\ \beta SI - \delta I = 0 \end{cases} \quad (2.5)$$

Par la deuxième équation du système (2.5), on a :

$$I(\beta S - \delta) = 0.$$

ce qui implique :

$$S = \frac{\delta}{\beta} \quad \text{ou} \quad I = 0$$

Si  $I = 0$  on aura  $S = P$ , autrement dit le cas sans épidémie, d'où le point d'équilibre sans maladie  $(S_1^*, I_1^*) = (P, 0)$ .

Par contre si  $I \neq 0$ , c'est-à-dire le cas épidémique, on obtient  $S = \frac{\delta}{\beta}$  on remplace dans la première équation du (2.5), on obtient :

$$I = \frac{P}{\delta} - \frac{1}{\beta}$$

**Conclusion 1.** le système (2.4) admet deux points d'équilibres :

le point d'équilibre sans maladie, c'est-à-dire le point DFE  $(S_1^*, I_1^*) = (P, 0)$ , et le point d'équilibre endémique, autrement dit le point EE ;  $(S_2^*, I_2^*) = (\frac{\delta}{\beta}, \frac{p}{\delta} - \frac{1}{\beta})$  si et seulement si  $\frac{\beta P}{\delta} > 1$

### 2.3.3 Calcul du $R_0$ :

Dans cette partie, on va appliquer la méthode de la matrice de la nouvelle génération pour calculer la taux de reproduction de base " $R_0$ " pour les modèle SIR.

En appliquant la méthode de la matrice de la prochaine génération pour calculer le  $R_0$  pour le modèle (2.4) : On a le point d'équilibre sans maladie DFE :  $(S^*, I^*) = (P, 0)$

$$F(S, I) = \beta SI \quad V(S, I) = -\delta$$

$$F(S^*, I^*) = \beta P \quad V(S^*, I^*) = -\delta.$$

où  $F$  est non négatif et  $V$  est une matrice de Metzler non singulière.

avec  $\delta \neq 0$ , en effet  $V$  est inversible donnée par :

$$V^{-1} = \frac{-1}{\delta}$$

ce qui implique :

$$FV^{-1} = -\left(\frac{\beta P}{\delta}\right)$$

d'où :

$$R_0 = \left(\frac{\beta P}{\delta}\right)$$

### 2.3.4 Étude de stabilité :

Dans cette partie, on va étudier la stabilité des points d'équilibres en fonction de  $R_0$ , La matrice Jacobienne est donnée par :

$$J(S, I) = \begin{pmatrix} -\beta I - \gamma & -\beta S - \gamma \\ \beta I & \beta S - \delta \end{pmatrix}$$

on va distinguer l'étude en fonction des points d'équilibres constatés :

1. Au point  $(S_1^*, I_1^*) = (P, 0)$  :

$$J(P, 0) = \begin{pmatrix} -\gamma & -\beta P - \gamma \\ 0 & \beta P - \delta \end{pmatrix}$$

Les valeurs propres sont :

$$\begin{aligned} \lambda_1 &= -\gamma \Rightarrow \lambda_1 < 0. \\ \lambda_2 &= \beta P - \delta \Rightarrow \lambda_2 = \delta(R_0 - 1). \end{aligned}$$

Par suite :

- i Si  $R_0 < 1 \Rightarrow \lambda_2 < 0$ , ce qui donne la stabilité du point d'équilibre.
- ii Si  $R_0 > 1 \Rightarrow \lambda_2 > 0$ , par suite le point d'équilibre  $(P, 0)$  est instable.

2. Au point  $(S_2^*, I_2^*) = \left(\frac{\delta}{\beta}, \frac{P}{\delta} - \frac{1}{\beta}\right)$  :

$$J(S^*, I^*) = \begin{pmatrix} R_0 - 1 - \gamma & -\delta - \gamma \\ R_0 - 1 & 0 \end{pmatrix}$$

Le polynôme caractéristique est :

$$P(\lambda) = \lambda^2 - \lambda(R_0 - 1 - \gamma) + (R_0 - 1)(-\delta - \gamma)$$

Les valeurs propres sont :

$$\begin{aligned} \lambda_1 &= \frac{R_0 - 1 - \gamma}{2} + \frac{\sqrt{(R_0 - 1 - \gamma)^2 - 4(R_0 - 1)(-\delta - \gamma)}}{2} \\ \lambda_2 &= \frac{R_0 - 1 - \gamma}{2} - \frac{\sqrt{(R_0 - 1 - \gamma)^2 - 4(R_0 - 1)(-\delta - \gamma)}}{2} \end{aligned}$$

Si  $R_0 > 1$ ,  $\lambda_1 > 0$  et  $\lambda_2 < 0$  ce qui implique que le point  $(S_2^*, I_2^*)$  est instable.

**Conclusion 2.** Le système (2.4) admet deux points d'équilibre :  $(S_1^*, I_1^*)$  et  $(S_2^*, I_2^*)$ , par suite si  $R_0 > 1$  on a l'instabilité des deux points d'équilibre. Par contre si  $R_0 < 1$  on obtient la stabilité du point  $(S_1^*, I_1^*)$  et le deuxième point n'existe pas.

### 2.3.5 Le modèle SIRS

En revanche, on rencontre que des maladies où l'individu n'acquies pas des immunisations permanente, il perde son immunité est redevient au compartiment S au taux  $\eta$ , il s'agit du modèle SIRS schématisée comme suit :

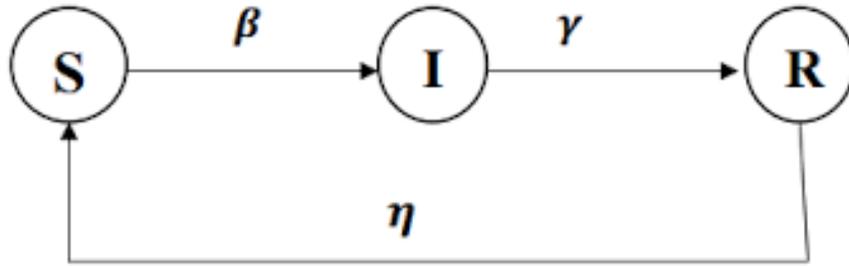


FIGURE 2.5 – Modèle SIRS.

Ce modèle correspondant est formulé par :

$$\begin{cases} S' = -\beta SI - \eta R \\ I' = \beta SI - \gamma I \\ R' = -\eta R \end{cases} \quad (2.6)$$

avec les paramètres  $\beta$ ,  $\eta$  et  $\gamma$  sont strictement positives.

On a :

$$P = S + I + R.$$

d'où :

$$\begin{aligned} \Rightarrow R &= P - S - I \\ \Rightarrow R' &= -S' - I'. \end{aligned}$$

Alors, on obtient R en fonction de S et I, le système (2.6) se réduit en deux équations différentielles :

$$\begin{cases} S' = -\beta SI - \eta(P - S - I) \\ I' = \beta SI - \gamma I. \end{cases} \quad (2.7)$$

### 2.3.6 Recherches des points d'équilibres :

Dans cette partie, on va calculer les points d'équilibres. D'après le système (2.7), on a :

$$\begin{cases} S' = 0 \\ I' = 0 \end{cases}$$

On obtient :

$$\begin{cases} -\beta SI - \eta(P - S - I) = 0 \\ \beta SI - \gamma I = 0 \end{cases} \quad (2.8)$$

Par la deuxième équation du système (2.8), on a :

$$I(\beta S - \gamma) = 0$$

Ce qui donne :

$$S = \frac{\gamma}{\beta} \quad \text{ou} \quad I = 0$$

Si  $I = 0$  on aura  $S = P$ , c'est-à-dire le point d'équilibre sans épidémie  $(S_1^*, I_1^*) = (P, 0)$ . D'autre côté, si  $I \neq 0$ , autrement dit le cas épidémique. On obtient  $S = \frac{\gamma}{\beta}$ .

On le remplace dans la première équation du système (2.8), on aura :

$$= \frac{\eta}{\eta - \gamma} \left( P - \frac{\gamma}{\beta} \right)$$

**Conclusion 3.** le système (2.7) admet deux point d'équilibres :

$$(S_1^*, I_1^*) = (P, 0), \quad (S_2^*, I_2^*) = \left( \frac{\gamma}{\beta}, \frac{\eta}{\eta - \gamma} \left( P - \frac{\gamma}{\beta} \right) \right).$$

et le deuxième point existe si et seulement si  $\frac{\beta P}{\gamma} > 1$

### 2.3.7 Calcul de $R_0$ :

Le point d'équilibre sans maladie est :  $(S^*, I^*) = (P, 0)$ . On applique la méthode de la matrice de la prochaine génération au système (2.6) pour calculer le taux de reproduction de base " $R_0$ " :

$$F(S, I) = \beta S \quad V(S, I) = -\gamma$$

d'autre part :

$$F(S^*, I^*) = \beta P \quad V(S^*, I^*) = -\gamma$$

avec  $\gamma \neq 0$ , alors  $V$  est inversible donnée par :

$$V^{-1} = \frac{-1}{\gamma}$$

ce qui implique :

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

d'où :

$$R_0 = \frac{\beta P}{\gamma}.$$

### 2.3.8 Étude de La stabilité :

On s'intéresse de déterminer la stabilité en fonction de  $R_0$ . On doit tout d'abord calculer la matrice Jacobienne quelque soit S et I :

$$J(S, I) = \begin{pmatrix} -\beta I + \eta & -\beta S + \eta \\ \beta I & \beta S - \gamma \end{pmatrix}$$

On va distingué l'étude en fonction des d'équilibres constatés :

1. Au point  $(S_1^*, I_1^*)$

$$J(P, 0) = \begin{pmatrix} \eta & -\beta P + \eta \\ 0 & \beta P - \gamma \end{pmatrix}$$

Le polynôme caractéristique est donné par :

$$P(\lambda) = \lambda^2 + \lambda[\gamma(R_0 - 1 - \eta) + \eta\gamma(R_0 - 1)].$$

Les valeurs propres associés sont :

$$\lambda_1 = \frac{-[\gamma(R_0 - 1 - \eta)] + \sqrt{[\gamma(R_0 - 1 - \eta)]^2 + 4\eta\gamma(R_0 - 1)}}{2}$$

$$\lambda_2 = \frac{-[\gamma(R_0 - 1 - \eta)] - \sqrt{[\gamma(R_0 - 1 - \eta)]^2 + 4\eta\gamma(R_0 - 1)}}{2}.$$

i Si  $R_0 < 1$ , alors  $\lambda_1 < 0$  et  $\lambda_2 < 0$ . De plus le point d'équilibre  $(S_1^*, I_1^*)$  est stable.

ii Si  $R_0 > 1$ , alors  $\lambda_1 > 0$  et  $\lambda_2 < 0$ . De plus le point d'équilibre  $(S_1^*, I_1^*)$  est instable.

2. Au point  $(S_2^*, I_2^*)$

$$J\left(\frac{\gamma}{\beta}, \frac{\eta}{\eta - \gamma}\left(P - \frac{\gamma}{\beta}\right)\right) = \begin{pmatrix} -\beta I_2^* + \eta & -\beta P + \eta \\ \frac{\gamma}{\beta} I_2^* & \beta P - \gamma \end{pmatrix}$$

d'où :

$$J(P, 0) = \begin{pmatrix} \frac{-\beta\eta}{\eta - \gamma}\left(P - \frac{\gamma}{\beta}\right) + \eta & -\beta P + \eta \\ \frac{-\beta\eta}{\eta - \gamma}\left(P - \frac{\gamma}{\beta}\right) & \beta P - \gamma \end{pmatrix}$$

L'équation caractéristique s'écrit sous la forme suivante :

$$P(\lambda) = \lambda^2 + \lambda\left[\eta - \frac{\eta\gamma}{\eta - \gamma}(R_0 - 1)\right] + \eta\gamma(R_0 - 1).$$

Par suite, les valeurs propres sont :

$$\lambda_1 = \frac{-\left[\eta - \frac{\eta\gamma}{\eta - \gamma}(R_0 - 1)\right] + \sqrt{\left[\eta - \frac{\eta\gamma}{\eta - \gamma}(R_0 - 1)\right]^2 - 4\eta\gamma(R_0 - 1)}}{2}$$

$$\lambda_2 = \frac{-\left[\eta - \frac{\eta\gamma}{\eta - \gamma}(R_0 - 1)\right] - \sqrt{\left[\eta - \frac{\eta\gamma}{\eta - \gamma}(R_0 - 1)\right]^2 - 4\eta\gamma(R_0 - 1)}}{2}$$

Si  $R_0 > 1$ , alors  $\lambda_1 > 0$  et  $\lambda_2 < 0$  par suite le point d'équilibre  $(S_2^*, I_2^*)$  est instable.

**Conclusion 4.** *Le modèle SIRS admis deux points d'équilibre, pour  $R_0 > 1$  les deux points sont instables. Contrairement pour  $R_0 < 1$  on a la stabilité du point  $(S_1^*, I_1^*)$ .*

---

---

## CHAPITRE 3

---

# ÉTUDE DE STABILITÉ DES MODÈLES ÉPIDÉMIOLOGIQUES

Le but de ce chapitre est d'appliquer les outils introduits dans les chapitres précédents (l'analyse qualitative d'EDOs et la matrice de la prochaine génération) à l'étude explicite du numéro de reproduction de base pour les modèle épidémiologique.

### 3.1 Modèle SEIR

**Définition 3.1.1.** *Le modèle SEIR est un modèle mathématique utilisé en épidémiologie pour décrire la propagation d'une maladie infectieuse dans une population. Il est basé sur la répartition de la population en quatre compartiments :*

- *Les individus susceptibles ( $S$ ) : qui n'ont pas encore été infectés par la maladie, mais peuvent le devenir s'ils entrent en contact avec les individus infectés.*
- *Les individus exposés ( $E$ ) : qui ont été infecté mais ne sont pas encore contagieux.*
- *Les individus infectieux ( $I$ ) : qui ont la maladie et peuvent la transmettre à d'autres.*
- *Les individus récupérés ( $R$ ) : qui ont été infectés et se sont rétablis, devenant immunisés contre la maladie.*

Le modèle SEIR est donc défini par les équations différentielles qui décrivent le taux de changement de chaque compartiment en fonction du temps. Ces équations prennent en compte les taux de transmission de la maladie, les taux de récupération et les taux d'exposition.

Le modèle SEIR est utilisé pour étudier l'évolution d'une épidémie et pour évaluer l'efficacité des mesures de prévention et de contrôle de la maladie.

La taille de la population est constante. C'est-à-dire :

$$P = S(t) + E(t) + I(t) + R(t).$$

Le schéma est élaboré comme suit :

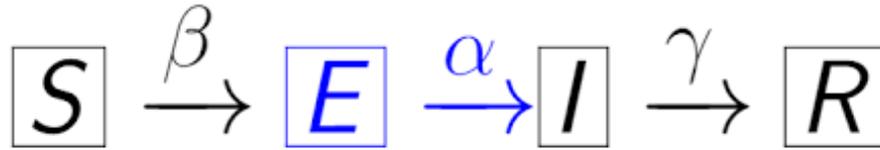


FIGURE 3.1 – Modèle SEIR.

Le modèle est traduit comme suit :

$$\begin{cases} S' = -\beta SI \\ E' = \beta SI - \alpha E \\ I' = \alpha E - \gamma I \\ R' = \gamma I \end{cases} \quad (3.1)$$

avec les paramètres  $\beta$ ,  $\alpha$  et  $\gamma$  sont des constantes positives, et les conditions initiales sont positives. l'interprétation de ce système est la suivante :

- \* S : les individus susceptibles.
- \* E : les personnes exposés.
- \* I : les personnes infectés
- \*  $\beta$  : le taux d'infection.
- \*  $\alpha$  : le taux d'exposition.
- \*  $\gamma$  : le taux de guérison.
- \*  $\beta SI$  : le nombre de personnes infectés par unité de temps.
- \*  $\alpha E$  : le nombre des individus exposés par unité de temps.
- \*  $\gamma I$  : le nombre des personnes guéris par la maladie par unité de temps.

Comme R n'apparaît pas dans les trois premiers équations. On peut alors écarter la dernière équation.

Alors on réduit le système en seulement trois équations :

$$\begin{cases} S' = -\beta SI \\ E' = \beta SI - \alpha E \\ I' = \alpha E - \gamma I \end{cases} \quad (3.2)$$

### 3.1.1 Détermination des points d'équilibres

D'après le système (3.2), on a :

$$\begin{cases} S' = 0 \\ E' = 0 \\ I' = 0 \end{cases}$$

d'où, on obtient :

$$\begin{cases} -\beta SI = 0 \\ \beta SI - \alpha E = 0 \\ \alpha E - \gamma I = 0 \end{cases} \quad (3.3)$$

de la 3ème équation du système (3.3), on obtient :

$$E = \frac{\gamma I}{\alpha}.$$

En remplaçant dans la 2ème équation, donc :

$$S = \frac{\gamma}{\beta} \quad \text{ou} \quad I = 0$$

pour  $I = 0$ , on obtient le point d'équilibre sans maladie DFE  $(S_1^*, E_1^*, I_1^*) = (P, 0, 0)$  ; c'est-à-dire  $I_1^* = 0$ ,  $S_1^*$  représente toute la population qui est une population saine. Par contre, dans le cas où la population représente une épidémie, ie :  $I \neq 0$ , on trouve  $S = \frac{\gamma}{\beta}$ .

En posant  $S = \frac{\gamma}{\beta}$  dans la première équation du système (3.3) :

on trouve :

$$E = P - \frac{\gamma}{\beta} \quad \text{et} \quad I = \frac{\alpha P}{\gamma} - \frac{\alpha}{\beta}$$

Par conséquent, le point d'équilibre endémique est donné par :

$$(S_2^*, E_2^*, I_2^*) = \left( \frac{\gamma}{\beta}, P - \frac{\gamma}{\beta}, \frac{\alpha P}{\gamma} - \frac{\alpha}{\beta} \right) \quad \text{si et seulement si} \quad P > \frac{\gamma}{\beta}$$

### 3.1.2 Calcul de $R_0$

Étant donné que les compartiments E et I sont infectés, une solution d'équilibre avec  $E = I = 0$  à la forme  $x^* = (P, 0, 0)$ . Il s'agira d'un DFE.

Par conséquent :

$$F(S, E, I) = \begin{pmatrix} \beta s \\ 0 \end{pmatrix}$$

$$F(P, 0, 0) = \begin{pmatrix} \beta P \\ 0 \end{pmatrix}$$

$$V(S, E, I) = \begin{pmatrix} -\alpha & 0 \\ \alpha & -\gamma \end{pmatrix}$$

$$V(P, 0, 0) = \begin{pmatrix} -\alpha & 0 \\ \alpha & -\gamma \end{pmatrix}$$

La matrice V est inversible, ce qui implique :

$$V^{-1} = \begin{pmatrix} \frac{-1}{\alpha} & 0 \\ \frac{-1}{\gamma} & \frac{-1}{\gamma} \end{pmatrix}$$

En effet :

$$FV^{-1} = \begin{pmatrix} \frac{-\beta P}{\alpha} - \frac{\beta P}{\gamma} & 0 \\ 0 & 0 \end{pmatrix}$$

D'où le rayon spectral de  $(-FV^{-1})$  :

$$R_0 = \rho(-FV^{-1}) = \frac{\beta P}{\alpha} + \frac{\beta P}{\gamma}.$$

### 3.1.3 Étude de la stabilité des équilibres

La matrice jacobienne du système (3.2) est donnée par :

$$J(S, E, I) = \begin{pmatrix} -\beta I & 0 & -\beta S \\ \beta I & -\alpha & \beta S \\ 0 & \alpha & -\gamma \end{pmatrix}$$

#### Stabilité de l'équilibre sans maladie DFE

Le jacobien du système au point  $(S_1^*, E_1^*, I_1^*) = (P, 0, 0)$  :

$$J(P, 0, 0) = \begin{pmatrix} 0 & 0 & -\beta P \\ 0 & -\alpha & \beta P \\ 0 & \alpha & -\gamma \end{pmatrix}$$

D'autre côté, l'équation caractéristique s'écrit sous la forme :

$$P(\lambda) = -\lambda[(-\alpha - \lambda)(\alpha\gamma - \lambda) - \alpha\beta P] = 0.$$

Ici, les valeurs propres de  $J(S_1^*, E_1^*, I_1^*)$  sont :

$$\begin{aligned} \lambda_1 &= 0, \\ \lambda_2 &= \frac{-(\alpha + \gamma)}{2} + \frac{\sqrt{(\alpha + \gamma)^2 + 4\gamma\beta P - 4\alpha\gamma(1 - R_0)}}{2}, \\ \lambda_3 &= \frac{-(\alpha + \gamma)}{2} - \frac{\sqrt{(\alpha + \gamma)^2 + 4\gamma\beta P - 4\alpha\gamma(1 - R_0)}}{2}. \end{aligned}$$

Notons que si  $R_0 > 1$ ,  $\lambda_2 > 0$ ,  $\lambda_3 < 0$  et  $\lambda_1 = 0$ . Le point d'équilibre  $x^*$  est donc instable. Tandis que si  $R_0 < 1$ , nous avons  $\lambda_1$  et  $\lambda_3$  sont négatives et  $\lambda_1 = 0$ . Le point d'équilibre  $x^*$  est asymptotiquement stable.

#### Stabilité de l'équilibre endémique

On a l'équilibre endémique si  $P > \frac{\gamma}{\beta}$ , au point  $(S_2^*, E_2^*, I_2^*)$

La matrice jacobienne au point  $(S_2^*, E_2^*, I_2^*)$  est la suivante :

$$J(S_2^*, E_2^*, I_2^*) = \begin{pmatrix} \frac{-\beta P \alpha}{\gamma} + \alpha & 0 & -\gamma \\ \frac{\beta P \alpha}{\gamma} - \alpha & -\alpha & \gamma \\ 0 & \alpha & -\gamma \end{pmatrix}$$

D'autre part, le pôleynome caractéristique est le suivant :

$$P(\lambda) = -\lambda^3 + (-\gamma - \frac{\beta P \alpha}{\gamma})\lambda^2 + [(\alpha - \frac{\beta P \alpha}{\gamma})(\alpha + \gamma)]\lambda - \alpha^2 \beta P + \alpha^2 \gamma.$$

En appliquant le critère de Routh-Hurwitz, on obtient :

$$\begin{cases} a_1 = \frac{-\gamma^2 - \beta P \alpha}{\gamma} < 0 \\ a_1 a_2 - a_3 = \frac{\alpha^2 \beta P}{\gamma} + \alpha \gamma + \gamma^2 + \alpha^2 \beta P - \alpha^2 \gamma > 0 \\ a_3 = \gamma \alpha^2 - \alpha^2 \beta P < 0 \end{cases}$$

Ce que le point  $(S_2^*, E_2^*, I_2^*)$  est instable.

### 3.2 L'immunité collaborative est une stratégie de vaccination

On rappelle que l'immunité collaborative est une forme de protection contre les maladies infectieuses qui se produit lorsqu'un pourcentage suffisant de la population est devenu immunisé contre une infection, soit par la vaccination, soit par des infections antérieures, ce qui réduit la probabilité d'infection chez les individus qui ne sont pas immunisés. Pour éclairer la vaccination permet d'avoir une population sur immunité collaborative, nous concentrons sur un exemple spécifique du modèle épidémique avec les caractéristiques suivantes :

- **Pas de transmission verticale** : Il n'y a pas le passage direct d'une maladie, d'un caractère génétique, ou d'un état particulier, d'une génération à l'autre, soit par hérédité, soit par transmission de la mère à l'enfant.
- **Période d'exposition** .
- **Pas d'immunité native** : Il fait référence à l'absence de mécanismes de défense non spécifiques qui entrent en jeu immédiatement ou dans les heures suivant l'apparition d'un antigène dans l'organisme.
- **Pas de récupération possible**.

représenté par le diagramme épidémiologique suivant :

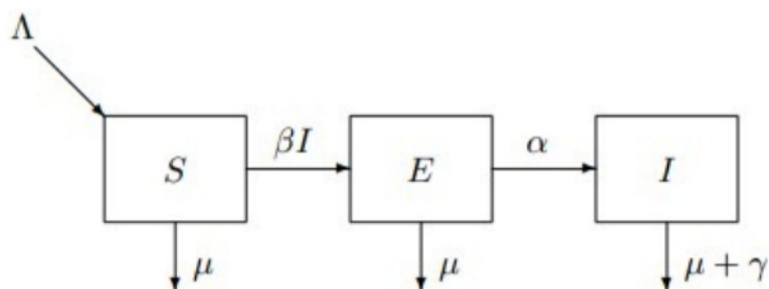


FIGURE 3.2 – Schéma épidémiologique du SEI

La population est séparée en trois catégories : Les susceptibles "S" ; qui sont les individus qui peuvent être contaminés, les exposés "E" ; qui sont les individus déjà infectés mais qui ne sont pas encore dans un état contagieux et les infectés "I" ; qui sont des individus infectés pouvant transmettre la maladie aux susceptibles.[16]

Ce modèle est mathématiquement traduits par les équations différentielles suivantes :

$$\begin{cases} S' = \Lambda - \beta SI - \mu S \\ E' = \beta SI - (\mu + k)E \\ I' = kE - (\mu + \alpha)I \end{cases} \quad (3.4)$$

dont le point DFE  $(S^*, E^*, I^*)$  et le nombre de reproduction de base  $R_0$  sont donnés par :

$$x^* = \left(\frac{\Lambda}{\mu}, 0, 0\right), \quad R_0 = \frac{k\beta\Lambda}{\mu(\mu + k)(\mu + \alpha)}.$$

La question qu'on pose, concernant l'effet de l'immunité collective sur la proportion minimale de nouveau-nés qui doivent être vaccinés afin de prévenir l'éclosion. Pour l'étude de cette situation, on introduit un paramètre  $\varepsilon \in ]0, 1[$  qui représente la proportion de vaccinés dans le flux  $\Lambda$  de la population susceptible, alors on peut écrire le modèle avec vaccination à  $(1 - \varepsilon)\Lambda$ .

D'où, on a le modèle avec vaccination suivant :

$$\begin{cases} S' = (1 - \varepsilon)\Lambda - \beta SI - \mu S \\ E' = \beta SI - (\mu + k)E \\ I' = kE - (\mu + \alpha)I \end{cases} \quad (3.5)$$

Par l'utilisation de la méthode de la matrice de la prochaine génération pour obtenir le nombre de reproduction de base  $R_0$  pour ce nouveau modèle de vaccination, on obtient :

- i) Le point d'équilibre DFE  $(S^*, E^*, I^*) = \left(\frac{\Lambda}{\mu}, 0, 0\right)$
- ii) La matrice  $F(-V^{-1})$  est donné par :

$$\begin{pmatrix} \frac{\beta(1 - \varepsilon)\Lambda\alpha}{\mu(\alpha + \mu)(\gamma + \mu)} & \frac{\beta(1 - \varepsilon)\Lambda}{\mu(\gamma + \lambda)} \\ 0 & 0 \end{pmatrix}$$

- iii) le rayon spectral de  $F(-V^{-1})$  est :

$$\frac{\beta(1 - \varepsilon)\Lambda\alpha}{\mu(\alpha + \mu)(\gamma + \mu)} = (1 - \varepsilon)R_0$$

On veut  $\check{R}_0 = (1 - \varepsilon)R_0 < 1$  pour éradiquer la maladie. Donc  $\varepsilon > 1 - \frac{1}{R_0}$  et notons que la quantité  $1 - \frac{1}{R_0}$  est le seuil d'immunité collective, autrement dit ; le pourcentage d'une population donnée qui est immunisée, contre lequel ; si un sujet infecté est introduit, il ne transmettra plus la maladie, car les autres sont protégés.

### 3.3 Persistance d'une maladie

On rappelle que l'étude du nombre de reproduction de base  $R_0$  réside dans l'étude qualitative des équations différentielles ordinaires. De plus, on sait que la méthode de la matrice la prochaine génération nous assure, ses hypothèses adéquates, que le point DFE est asymptotiquement stable si  $R_0 < 1$  et instable si  $R_0 > 1$ , et c'est là qu'on intéresse à l'étude du comportement des

personnes infectées et de leur degré de persistance de la maladie, autrement dit ; si les maladies restent inchangées dans le temps.

Dans cette section, on introduit la définition mathématique de la persistance de la maladie.

On est intéressé par l'étude du comportement de la population infectée au cours du temps et de sa relation avec la présence de la maladie et pour étudier la persistance nous utiliserons le modèle SI. Le modèle SI est un classique en épidémiologie mathématique. On présente dans cette partie les résultats d'étude de stabilité proposé dans l'article [10], cette analyse est basée sur le principe d'invariance de LaSalle présenté dans le chapitre 1.

Dans la littérature récente, la méthode de Lyapunov a été utilisée avec succès pour prouver la stabilité globale de l'équilibre endémique. La méthode consiste à trouver une fonction de Lyapunov notée  $V$ , définie positive telle que sa dérivée le long des trajectoires est définie négative. Si la dérivée est seulement semi définie négative, le principe d'invariance de LaSalle étend le principe de Lyapunov dans certains cas.

La dynamique du modèle est illustrée dans la figure suivante :

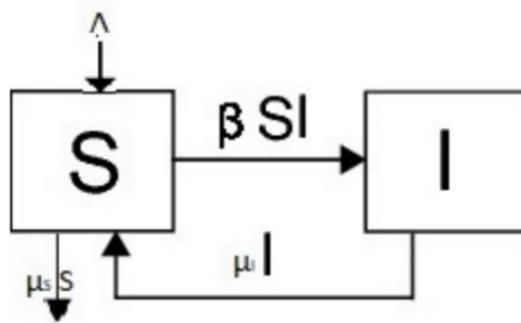


FIGURE 3.3 – Schéma épidémiologique su modèle SI.

Le modèle SI s'écrit comme suit :

$$\begin{cases} S' = \Lambda - \beta SI - \mu_S S \\ I' = \beta SI - \mu_I I \end{cases} \quad (3.6)$$

Où  $\beta$  est le taux d'infection qui contrôle le taux de propagation qui présente la probabilité d'une transmission d'une maladie entre un individu sensible et un individu infectieux. Tandis que  $\mu_S$  et  $\mu_I$  représentent les taux de natalités et de mortalités, respectivement, pour le modèle. Le modèle suppose un recrutement constant  $\Lambda$  des personnes sensibles, et pour que la population soit constante, on suppose que  $\mu_S = \mu_I$ .

On applique la méthode de la matrice de nouvelle génération pour calculer le  $R_0$  pour le modèle SI, alors on obtient :

★ Le point d'équilibre DFE  $(S^*, I^*) = (\frac{\Lambda}{\mu_S}, 0)$ .

★ La matrice  $F(-V^{-1})$  est donnée par :  $F(-V^{-1}) = \frac{\beta \Lambda}{\mu_S \mu_I}$ .

★ Le taux de reproduction de base est :

$$R_0 = \frac{\beta \Lambda}{\mu_S \mu_I}$$

Rappelons que la méthode de la matrice de prochaine génération implique que le point DFE  $(S^*, I^*)$  est instable si  $R_0 > 1$  mais cela ne suffit pas pour conclure que la maladie est persistante.

Dans ce modèle on note que le point  $(S^*, I^*)$  est l'unique solution du système avec condition initiale  $(S_0, I_0)$ . Alors :

$$\liminf_{t \rightarrow +\infty} \|(S(t), I(t)), (S^*, 0)\| = 0$$

et on note que la stabilité du DFE signifie dans ce cas que toute solution converge vers lui. Contrairement, l'instabilité de ce point signifie qu'il existe au moins une solution qui ne convergera pas vers lui. Par conséquent, dire que le DFE est instable n'exclut pas la convergence de certaines solutions vers lui, ce qui implique qu'il n'y a donc pas de contradiction avec l'instabilité du point DFE  $(S^*, I^*)$ , ce qui signifie qu'il n'implique pas la persistance de la maladie.

Donc, la notion de persistance est liée au fait d'avoir des solutions qui s'éloignent du point du point d'équilibre. Ainsi on introduit la définition suivante.

**Définition 3.3.1.** (*Définition de persistance*). On dit que la maladie est persistante si :

$$\varepsilon > 0 \quad , \quad I_0 > 0 \Rightarrow \liminf_{t \rightarrow +\infty} I(t) \geq \varepsilon$$

En d'autres termes, la persistance signifie que la population infectée reste dans le temps, avec un seuil minimal qui est uniforme dans l'état initial et notons que cette définition nous parle d'un autre point d'équilibre tel que la population initial des infectés  $I_0$  est non nulle. Ce qui conduit à introduire la notion de point d'équilibre endémique.

En général, pour que la maladie persiste dans la population, la classe immunisée, la classe sensible, la classe des infections récentes, la classe infectieuse et la classe de récupération ne doivent pas être nulles à l'état d'équilibre. En d'autres termes, si  $\bar{x}$  est l'état d'équilibre endémique, alors  $\bar{x} \neq \vec{0}$  et notons que ce point d'équilibre ne doit pas d'avoir aucune composante égale à zéro.

Dans le modèle SI pour que la maladie persiste, on doit avoir un point d'équilibre satisfaisant  $(S^*, I^*) \neq (0, 0)$

### 3.3.1 Calcul des points d'équilibres :

D'après le système (3.6) on obtient le système suivant :

$$\begin{cases} \Lambda - SI - \mu_S = 0 \\ \beta SI - \mu_I = 0 \end{cases}$$

De la deuxième équation du système précédent, on a :

$$I(\beta S - \mu_I).$$

D'où, si on suppose que  $I \neq 0$  donc :

$$S^* = \frac{\mu_I}{\beta}.$$

Maintenant, on remplace dans la première équation du système , on obtient :

$$I^* = \frac{\Lambda}{\mu_I} - \frac{\mu_S}{\beta} = (R_0 - 1) \frac{\mu_S}{\beta}$$

L'équilibre endémique est donné par :

$$EE(S^*, I^*) = \left( \frac{\mu_I}{\beta}, (R_0 - 1) \frac{\mu_S}{\beta} \right)$$

Sous l'hypothèse  $R_0 > 1$ , une réalité biologique peut être assurée pour le point d'équilibre endémique EE. nous avons donc le résultat suivant impliquant la persistance de la maladie lorsque  $R_0 > 1$ .

### 3.3.2 Etude de la stabilité de l'équilibre endémique (EE)

Avec de la définition de l'équilibre endémique (EE), on introduit ensuite un résultat qui porte sur la stabilité globale du point (EE). Plus précisément on a :

**Théorème 3.3.1.** • si  $R_0 \leq 1$  alors le point DFE est globalement stable dans  $\mathbb{R}_+ \times \mathbb{R}_+$ .

- si  $R_0 < 1$  alors le point DFE est instable et le point EE  $(S^*, I^*)$  est globalement stable dans l'orthant positif  $O \subset \mathbb{R}^2$ .

Démonstration :

**Cas 1**  $R_0 > 1$  : on considère la fonction suivante

$$E(S, I) = S^* f\left(\frac{S}{S^*}\right) + I^* f\left(\frac{I}{I^*}\right).$$

où  $S^*$  et  $I^*$  sont les composantes du point d'équilibre endémique EE et  $f : x \mapsto x - \log x - 1$  pour tout  $x \in \mathbb{R}_+$ .

On montre que E est une fonction de Lyapunov, en effet :

1.  $E(S^*, I^*) = 0$  car :

$$\begin{aligned} E(S^*, I^*) &= S^* f\left(\frac{S^*}{S^*}\right) + I^* f\left(\frac{I^*}{I^*}\right). \\ E(S^*, I^*) &= S^* f(1) + I^* f(1). \\ E(S^*, I^*) &= f(1)(S^* + I^*). \\ E(S^*, I^*) &= (1 - \log 1 - 1)(S^* + I^*). \\ E(S^*, I^*) &= 0 \end{aligned}$$

2. E est définie positive : pour tout  $(S, I) \neq (S^*, I^*)$ . On sait que  $f(x) \geq 0, \forall x > 0$ , alors :

$$E(S, I) > 0, \text{ pour tout } (S, I) \neq (S^*, I^*).$$

3. E est coercive, cela signifie que, si  $\|(S, I)\| \rightarrow +\infty \Rightarrow f(S, I) \rightarrow +\infty$

4.  $\frac{df}{dt} \geq 0$  : la question principal est de prouver ce dernier point. Puisque l'équilibre endémique est une solution de l'équation (3.6), alors les égalités suivantes :

$$\begin{aligned} \Lambda &= \mu_S S + \mu_I I \\ \Lambda &= \mu_S S^* + \mu_I I^* \end{aligned}$$

de l'équation  $\beta SI - \mu_I I = 0$  se suit que  $\beta S^* I = \mu_I I$  et de l'équation  $\Lambda - \beta SI - \mu_S S = 0$ , on a :

$$\Lambda - \mu_S S = \beta SI^* \Rightarrow \beta SI^* = \frac{\Lambda S}{S^*} - \mu_S S.$$

Alors,

$$\begin{aligned} \frac{dE}{dt} &= S^* \left( d \frac{1}{S^*} - \frac{1}{S} \right) (\Lambda - \beta SI - \mu_S S) + I^* \left( \frac{1}{I^*} - \frac{1}{I} \right) (\beta SI - \mu_I I) \\ &= \Lambda - \beta SI - \mu_S S - \Lambda \frac{S}{S^*} + \beta S^* I + \mu_S S^* + \beta SI - \mu_I I - \beta SI^* - \mu_I I^*. \end{aligned}$$

et on utilisant les relations suivantes, on trouve que :

$$\frac{dE}{dt} = 2\Lambda - \Lambda \frac{S^*}{S} - \Lambda \frac{S}{S^*} = \frac{-\Lambda S^*}{S} \left( 1 - \frac{S}{S^*} \right)^2 \leq 0.$$

d'où E est une fonction de Lyapunov

Par suite le point d'équilibre endémique EE est asymptotiquement stable.

Maintenant, on va prouver l'attractivité globale du point EE.

On considère la fonction  $g : (S, I) \in O \longrightarrow g(S, I) = \frac{-\Lambda S}{S} \left( 1 - \frac{S}{S^*} \right)^2$  où  $g = 0 \Leftrightarrow S = S^*$  qui implique que g est nulle sur la droite  $S = S^*$  de l'orthant  $O$ . Puisque le point  $EE(S^*, I^*)$  est le seul ensemble invariant ensemble du système du modèle SI sur la droite  $S = S^*$  alors, par le principe d'invariance de LaSalle on obtient que le point d'équilibre endémique  $(S^*, I^*)$  est globalement attractif.

Si on combine ce travail avec la stabilité asymptotique du point EE, donc on obtient le point d'équilibre endémique  $EE(S^*, I^*)$  est globalement stable par rapport à  $O$ .

**Cas  $2R_0 \leq 1$  :**

On travaille sur l'ensemble  $\tilde{O} = (S, I) \in \mathbb{R}_+ \times \mathbb{R}_+, S > 0$ ; on considère le point d'équilibre **DFE**  $x^*$  et la fonction

$$V(S, I) = S^* f\left(\frac{S}{S^*}\right) + I$$

On montre que V est une fonction de Lyapunov. En effet,

1.  $V(S^*, 0) = 0$  car :

$$\begin{aligned} V(S^*, 0) &= S^* f(1) + 0 \\ &= 0. \end{aligned}$$

2. V est semi défini positive : Pour tout  $(S, I) \neq (S^*, I^*)$ . On a  $x > 0$ ,  $\log x \leq x - 1$ , ainsi  $f(x) \geq 0, \forall x > 0$ . Alors,

$$V(S, I) = S^* f\left(\frac{S}{S^*}\right) + I \geq 0.$$

3. V est coercive : notons que  $f\left(\frac{S}{S^*}\right) = \frac{S}{S^*} - \log\left(\frac{S}{S^*}\right) - 1 \geq \frac{S}{S^*}$ . Alors ;

$$V(S, I) \geq S^* \frac{S}{S^*} + I = S + I \geq \|(S, I)\|.$$

Par suite  $V(S, I) \longrightarrow +\infty$  quand  $\|(S, I)\| \longrightarrow +\infty$ .

4.  $\frac{dV}{dt} \leq 0$  : Comme l'équilibre **DFE** est la solution du système (??), alors on a les égalités suivantes :

$$\begin{aligned} \Lambda &= \mu_S S^* \\ \mu_S S &= \frac{\Lambda S}{S^*}. \end{aligned}$$

Alors,

$$\begin{aligned} \frac{dV}{dt} &= \Lambda - \beta SI - \mu_S S - \frac{\Lambda S^*}{S} + \beta S^* I + \mu_S S^* - \mu_I I \\ &= \Lambda - \mu_S S - \frac{\Lambda S^*}{S} - \mu_I I + \beta S^* I \\ &= -\Lambda \frac{S}{S^*} \left(1 - \frac{S}{S^*}\right)^2 - I \left(\mu_I - \frac{\beta \Lambda}{\mu_S}\right) \end{aligned}$$

et comme  $R_0 \leq 1$ , on trouve que :

$$\frac{dE}{dt} = -\Lambda \frac{S}{S^*} \left(1 - \frac{S}{S^*}\right)^2 - I \mu_I (R_0 - 1) \leq 0.$$

Ainsi, on assure l'attractivité globale en  $\tilde{O}$ , et par suite en  $\mathbb{R}_+$  dans  $\mathbb{R}_+$  après  $S(t) \geq \frac{\Lambda}{\mu_S} > 0$  du système (3.6).

Rappelons que si  $R_0 < 1$  la maladie disparaît, par contre si  $R_0 > 1$  la maladie se stabilise avec des prévalences :  $\frac{\mu_S}{\beta} (R_0 - 1)$ . Où la prévalence est la proportion d'une population qui est encore affectée par la maladie à un moment donné.

Finalement on peut trouver dans la littérature plusieurs articles d'épidémiologie mathématique qui examinent la question de l'extinction des maladies versus la persistance des maladies pour les systèmes d'EDO, au moyen d'une analyse globale.

### 3.4 Simulation numérique

Cette section est consacrée à la réalisation des résultats de la simulation du modèle SEI (3.5). Le modèle est résolu numériquement dans Matlab. Les valeurs estimés des paramètres sont données par :

$\Lambda : 10, \beta : 2, \mu : 0.5, k : 0.5, \alpha : 0.5, S_0 : 1, E_0 : 8, I_0 : 10.$

on définit le programme suivant :

```
function dx=f(t,x);
dx=zeros(3,1);
Lambda : 10; beta : 2; mu : 0.5; k : 0.5; alpha : 0.5;
dx(1)=Lambda - beta x(1) x(3)- mu x(1);
dx(2)=beta x(1) x(3) - (mu+k) x(2);
dx(3)=k x(2)-(mu+alpha) x(3);
```

Par l'utilisation de la fonction ode45 :

```
[t,x]=ode45('f',[0 100],[1 8 20]);
```

```
plot (t, x(:, 1), t, x(:, 2), t, x(:, 3));  
legend ('S', 'E', 'I')
```

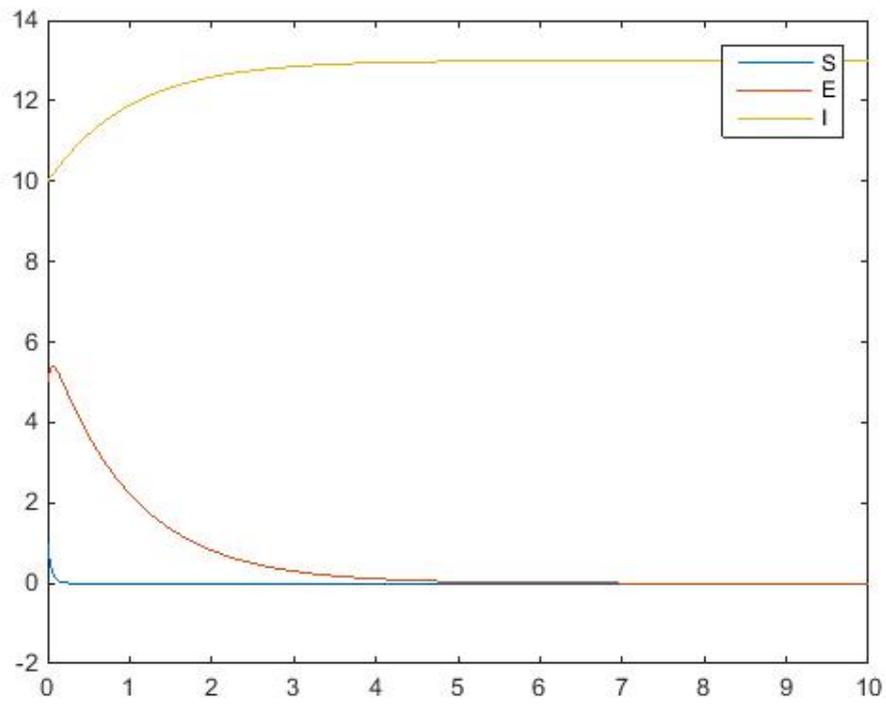


FIGURE 3.4 – Simulation numérique.

---

# CONCLUSION

En conclusion, le nombre de reproduction de base est un outil essentiel pour évaluer la propagation d'une maladie. Les modèles épidémiologiques présentés, les individus de la population peuvent se trouver dans plusieurs compartiments différents, ce qui reflète à la fois les différences de statut d'infection.

Parmi les états applicables aux personnes infectés, nous soulignons les états où il est possible que des gens soient immédiatement infectés. Ces états jouent un rôle particulier dans la définition et le calcul de  $R_0$  qui est défini comme le rayon spectral de la matrice de la prochaine génération associée au système d'EDO.

---

# BIBLIOGRAPHIE

- [1] G.Sallet, *Mathematical Epidemiology*.(2018).
- [2] Moulay, J,E; *Stabilité des équations différentielles ordinaires*.
- [3] J.Hale, *Ordinary differential equations*, Springer.New York 1969.
- [4] Dang-Vu, H.And Delcarte, *C.Bifurcation et chaos :une introduction à la dynamique contemporaine avec des programmes en Pascal, Fortran et Mathematica*. Ellipses;2000.
- [5] Auger,P,C.Lett,J.C. Poggiabile.*Modélisation mathématique en écologie*,Février (2010)
- [6] J.LaSalle, *Stability of nonautonomous systems*, *Nonlinear Anal, Theory , Methods Appl*,1 (1976), pp.83-91.
- [7] J.P LaSalla, *The stability of dynamical systems*, *Society for Industrial and Applied Mathematics, Philadelphia, Pa, 1976. With an appendix : "Limiting equations and stability of nonautonomous ordinary differential equations" by Z.Artstein, Regional Conference Series in Applied Mathematics*.
- [8] V.Baudrot, A. Perasso, C.Fritsh, and F.Raoul, *Competence of hosts and complex foraging behavior are two cornerstones in the dynamics of trophically transmitted parasites*, *J.Theor. Biol.*,397(2016, oo.158-168).
- [9] V. Baudrot, A. Perasso, C. Fritsh, P. Giraudoux, and F. Raoul, *The adaptation of generalist predators, diet in a multi-prey context : insights from new functional responses* ,*J. Theor. Biol., Ecology*, 97 (2016), pp. 1832-1841.
- [10] A. Perasso. *Introduction to the basic reproduction number in mathematical epidemiology. ESAIM : Proceedings and surveys.*, Vol. 62 : pp. 123-138 (2018).
- [11] A. Berman, R. J.Plemmons, *Nonnegative matrices in the mathematical science*, *SIAM* (1994).
- [12] F. Brauer, P. Van den Driessche J. Wu.*Mathematical Epidemiology. Springer-Verlag*.(2008).
- [13] O. Diekmann., J. A. P. Heesterbeek M. G. Roberts,*The construction of next-generation matrices for compartmental epidemic models*. *Interface* : 873-885 (2010).
- [14] P. Van den Driessche., J. Watmough.*Reproduction numbers and subthreshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission.*, *Math. Biosci* (2002) 180 (1), pp. 29-48.

- [15] O. Diekmann , J.A.P.Heesterbeek : *Mathematical epidemiology of infectious diseases : Model building, analysis and interpretation*, :Wiley, Chichester. UK, 2000.
- [16] L.Stone , B. Shulgin and Z. Agur, *Theoretical Examination of the pulse vaccination Policy in the SIR Epidemic Model*, Mathematical and computer modeling 31 (2000).
- [17] X.Liao, L.Wanf, P.YU, *Stability of Dynamical Systems*. Elsevier, première édition (2007).
- [18] Auger, P. Leit. And Poggiale. *Modélisation mathématique en écologie : cours et exercices corrigés*.
- [19] O. Diekmann., J. A. P. Heesterbeek. J, A, Metz (1990). *On the definition and the computation of the basic reproduction ration  $R_0$  in models for onfectious diseases in heterogrnrous populations*. *Journal of mathematical biologi*y, 28(4),365-382
- [20] Queffélec- Zuily, *Analyse pour l'agrégation*.
- [21] Anderson Gray McKendrick : [http://en.wikipedia.org/wiki/Anderson\\_Gray\\_McKendrick](http://en.wikipedia.org/wiki/Anderson_Gray_McKendrick) (valide le 15/06/10)
- [22] <https://www.bibmath.net/dico/index.php?action=affiche&quoi=./c/classefonc.html>

---

# ABSTRACT

We are going to study the dynamic systems by using the mathematical analysis which makes it possible to describe their behavior in the neighborhoods of the points of balance, and to make a qualitative and quantitative study on the behavior of a population.

**Key words** : Epidemiological model, Susceptible, Infected, Recovered, Exposed, Reproduction rate.

---

# RÉSUMÉ

On va étudier les systèmes dynamiques en utilisant l'analyse mathématique qui permet de décrire leurs comportements au voisinages des points d'équilibres, et de faire une étude qualitative et quantitative sur le comportement d'une population.

**Mots clés :** Modèle épidémiologique, Susceptibles, Infectés, Rétablis, Exposés, Taux de reproduction.

## ملخص

سنقوم بدراسة الأنظمة الديناميكية باستخدام التحليل الرياضي الذي يجعل من الممكن وصف سلوكهم في أحياء نقاط التوازن ، وإجراء دراسة نوعية وكمية عن سلوك السكان.  
الكلمات المفتاحية : النموذج الوبائي ، حساس ، مصاب ، متعافي ، مكشوف ، معدل التكاثر.



