
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 Mathématiques

Option : Équations Différentielles et modélisation

Présenté par :

*M^{elle}*SELLAK selima

ANALYSE MATHÉMATIQUE D'UN MODÈLE ÉPIDÉMIOLOGIQUE

Soutenu le 20 septembre 2020.

Devant le jury composé de :

Président : Mr.HAMMOUDI Ahmed (Professeur) C.U.B.B.A.T.

Examineur : Mr.BENTOUT Soufiane (M.C.B) C.U.B.B.A.T.

Encadrant : *M^{me}*.BOUKHALFA Fatema (M.C.B) C.U.B.B.A.T.

Remerciement

Avant tout, je remercie ALLAH le tout puissant qui par sa grâce, nous avons réalisé ce modeste travail.

Me respectueux remerciements s'adressent à mon encadrant M^{me}.BOUKHALFA Fatema pour le temps qu'elle a consacré, sa disponibilité et pour son précieux conseil et son aide durant toute la période du travail.

Je tiens à remercier également le président de jury M.HAMMOUDI Ahmed et l'examineur M.BENTOUT Soufiane d'avoir accepté d'examiner et d'évaluer mon travail.

Des chaleureux remerciements s'adressent à l'enseignant de mathématique M.Youcef, et l'ingénieur d'informatique M^{elle}.Kheira ainsi la biologiste M^{elle}.Asmaa pour leurs aides précieuses et leurs soutien moral.

J'adresse mes remerciements à tous les enseignants de département des mathématiques qui m'ont accompagné et aidé à m'améliorer durant mon cursus.

Je remercie aussi ma famille pour son support moral, qui m'a aidé à dépasser les obstacles et à continuer vers l'avant.

Enfin, un merci pour toute autre personne qui a contribué de près ou de loin à la réalisation de ce projet.

Dédicaces

Toutes les lettres ne sauront trouver les mots qu'il faut...

Tous les mots ne sauraient exprimer la gratitude,
l'amour, le respect, la reconnaissance.

Aussi, c'est tout simplement que :

je dédie ce travail

A mon très cher père

Aucune dédicace très cher père pourrait suffire pour exprimer mes sentiments envers vous.

Vous avez toujours été mon école de patience, de confiance et surtout d'espoir et d'amour.

Vous êtes et vous resterez pour moi ma référence, la lumière qui illumine mon chemin.

Ce travail est le résultat de l'esprit de sacrifice dont vous avez fait preuve, de l'encouragement et le soutien que vous ne cessez de manifester, j'espère que vous y trouverez les fruits de votre semence et le témoignage de ma grande fierté de vous avoir comme père. J'implore Dieu, tout puissant, de vous accorder une bonne santé, une longue vie et beaucoup de bonheur.

À la mémoire de ma très chère mère bien aimée

Toute l'encre du monde ne pourrait suffire pour exprimer la profondeur des sentiments que j'éprouve pour vous, la vie continue avec ses joies et ses peines, malheureusement vous n'êtes plus la maman déjà 21 ans de votre départ mais vous resterez dans mon cœur à tout jamais. Puisse Dieu vous avoir en sa sainte miséricorde et que ce travail soit une prière pour votre âme.

À mes grands-parents maternels et paternels

Je vous dédie ce travail pour vos attentions particulières, vos prières et votre amour inconditionnel. Merci pour tout et que Dieu vous donne bonne santé et longue vie

À mes tantes et oncles et leurs conjoints

Je profite de la présente occasion pour vous remercier pour tout le soutien, la sympathie et l'amour que vous m'accordez.

À ma sœur Khadidja et mon frère Ahmed

En signe de tendresse et du grand amour que je vous porte, je vous dédie ce travail en témoignage de ma profonde affection et de mon attachement indéfectible.

**A mes chères cousines : Asmaa, Kheira, Hadjera, Sarra, Chaimae, Farah, Aicha,
Doha, Chahd**

En souvenir des moments heureux passés ensemble, avec mes vœux sincères de réussite, bonheur, santé et de prospérité.

À mes très chères amies : Asmaa, Saadia, chahrazed

Avec lesquelles j'ai partagé mes moments de joie et de bonheur.

À ma gronde famille Sellak et Bircher

A mes collègues de la promotion de 2015/2020,

Et à tous ceux qui ont cru en moi et m'ont encouragée

Sommaire

Introduction Générale	6
I Préliminaires	9
I.1 Rayon spectral	9
I.2 Le taux de reproduction de base	10
I.3 Stabilité des équilibres	10
I.3.1 Stabilité d'un système linéaire	11
I.3.2 Stabilité d'un système non linéaire	12
I.4 Stabilité au sens de Lyapunov	14
I.5 Principe d'invariance de LaSalle	15
I.6 Théorème du point fixe Banach	16
I.7 Modèle Kermack et McKendrick	16
II Modèle épidémiologique SIR avec des mortalités différentes	18
II.1 Introduction	18
II.2 Le modèle mathématique	18
II.2.1 L'interprétation du modèle	19
II.2.2 Existence	21
II.2.3 Positivité	21
II.3 Le taux de reproduction de base \mathcal{R}_0	22
II.4 Recherche des points d'équilibres	22
II.5 Étude de la stabilité locale des points d'équilibres	24
II.6 Étude de la stabilité globale de point d'équilibre sans maladie	26
II.7 Simulations numériques et discussions	27
II.8 Conclusion	29
III Le modèle épidémiologique SIR avec vaccination	30
III.1 Analyse du modèle mathématique SIR	30

III.1.1 Étude de la stabilité	31
III.2 Application de la vaccination constante au modèle SIR	32
III.2.1 Étude de la stabilité	33
III.3 Application de la vaccination par pulsation au modèle SIR	36
III.3.1 Recherche de la solution périodique du modèle sans maladie	37
III.3.2 Stabilité de la solution périodique	39
III.3.3 Calcul de la période maximale T_{max} de vaccination	41
Conclusion et perspectives	42
Bibliographie	43

Introduction Générale

Les développements technologiques qui révolutionnent la santé au cours des dernières décennies ont fait entrer une nouvelle discipline. Les mathématiques sont présents depuis longtemps dans les grandes études épidémiologiques ; les tests de nouveaux médicaments, la vaccination. . . etc.

Historiquement, on utilise les mathématiques (dans le contexte présent, on fait référence particulièrement à la modélisation mathématique et à l'analyse) pour mieux comprendre la dynamique de transmission des maladies infectieuses, qui existent depuis le début de l'humanité, accablant de façon périodique la population humaine et apprendre aux contrôler. Cette application des mathématiques remonte au travail de Daniel Bernoulli, qui utilisa des méthodes mathématiques et statistiques pour étudier l'impact potentiel du vaccin contre la variole en 1760. Plus récemment, les mathématiques ont contribué à élaborer des politiques de santé publique efficaces contre la propagation de maladies émergentes, et ré-émergentes qui représentent un danger important pour la santé publique.

Parmi les nombreuses définitions de l'épidémiologie, nous retiendrons celle de J.H ABRAMSON :

L'épidémiologie est une science qui a pour objet d'étudier la survenue, la répartition et les déterminants des états de santé et des maladies dans la population et les groupes humains.

L'épidémiologie a une approche essentiellement collective de l'étude de la santé et des maladies. Elle apparaît ainsi comme une des sciences qui sous-tendent l'action de santé publique. Les groupes humains étudiés peuvent répondre à des critères géographiques, d'âge, d'appartenance à une catégorie socio-professionnelle, de lieu de travail, etc. . . [4].

La modélisation mathématique dans les études épidémiologiques permet aux agents de santé publique ainsi les gouvernements de comparer, de planifier, d'exécuter, d'évaluer et d'optimiser différents programmes de détection, de prévention, de thérapie et de contrôle. Elle aide également à identifier les tendances et à faire des provisions générales.

A titre d'exemple, on cherche à prévoir le nombre de cas d'infection, le nombre de personnes qui auront besoin d'être hospitalisées, le taux de mortalité, la rapidité de la propagation, le pic de l'infection, le moment où la maladie s'éteindra, le pourcentage de la population devant être vacciné.

Une maladie est dite endémique si elle persiste dans une population. Elle est dite épidémique si elle apparaît pendant une période relativement courte dans une population (moins d'une année).

Voici la signification de quelques termes qui seront fréquemment utilisées au cours de ce mémoire :

L'épidémie : Développement et propagation rapide d'une maladie contagieuse, le plus souvent d'origine infectieuse, dans une population.

Une épidémie peut rester localisée ou s'étendre à une région plus importante, voire gagner l'ensemble du globe (pandémie). Elle peut se greffer sur une endémie (maladie constante dans une population) ou survenir pour la première fois[25].

Vaccination : La vaccination consiste à immuniser une personne contre une maladie infectieuse, généralement en lui administrant un vaccin. Les vaccins, qui stimulent le système immunitaire, prémunissent la personne d'une infection ou d'une maladie.

Il est établi que la vaccination permet de combattre et d'éliminer des maladies infectieuses potentiellement mortelles, et on estime qu'ainsi plus de 2 à 3 millions de décès par an sont évités. C'est l'un des investissements les plus rentables dans le domaine de la santé.

Vaccin : Un vaccin est une préparation administrée pour provoquer l'immunité contre une maladie en stimulant la production d'anticorps. On trouve dans les vaccins des suspensions de micro-organismes inactivés ou atténués, ou des produits ou dérivés de micro-organismes. L'injection est la voie d'administration la plus courante, mais certains vaccins sont donnés par voie orale ou en pulvérisations nasales.

Transmission verticale : La transmission d'une maladie est dite verticale lorsqu'elle se fait de parents aux descendants, c'est le cas notamment de la transmission mère-enfant.

Notre travail s'est proposé d'étude mathématique d'un modèle épidémiologique SIR, il est composé de trois chapitres.

Commençant par **le premier chapitre**, qui est consacré aux résultats préliminaires, des définitions et des théorèmes très importants utilisés dans le mémoire ainsi que des outils mathématiques dont nous aurons besoin.

Dans **le deuxième chapitre**, on fait l'étude de modèle épidémiologique SIR qui consiste à calculer le taux de reproduction de base \mathcal{R}_0 , et étudier la stabilité locale des points d'équilibres (sans maladie et endémique), et la stabilité globale de point d'équilibre sans maladie sous certaines conditions.

Le troisième chapitre, on fait l'étude de modèle épidémiologique SIR sans vaccination et avec vaccination (la vaccination constante et la vaccination par pulsation).

Finalement, on clôture par une conclusion.

Préliminaires

Dans ce chapitre, nous rappelons quelques définitions et résultats utiles pour la suite de ce mémoire.

Soit le système suivant

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = f(x(t)), & t \in [0, b] \\ x(t_0) = x_0, \end{cases} \quad (\text{I.1})$$

où $f : \Omega \rightarrow \mathbb{R}^n$ est une fonction donnée, Ω un ouvert de \mathbb{R}^n , $x_0 \in \Omega$ et $b \in \mathbb{R}_+^*$.

Définition I.0.1 ([1]).

La fonction $x \in \mathcal{C}^1(\Omega)$ est dite solution de (I.1) si x vérifie les équations de (I.1).

Théorème I.0.1 (Cauchy-Lipschitz [8]).

Si $f : \Omega \rightarrow \mathbb{R}^n$ est une fonction de classe C^1 sur Ω , et s'il existe une constante $k > 0$ telle que

$$\| f(x_1(t)) - f(x_2(t)) \|_{\mathbb{R}^n} \leq k \| x_1 - x_2 \|_{\infty}, \quad \forall x_1, x_2 \in \Omega, t > 0,$$

alors le problème (I.1) admet une solution unique.

I.1 Rayon spectral

Définition I.1.1 ([19]).

Soit T un opérateur dans un espace de Banach de dimension finie X (i.e T est une matrice carrée). Alors l'ensemble $\sigma(T)$ est compact et il est composé des valeurs propres de T .

Définition I.1.2 ([19]).

Soit M une matrice carrée à coefficients complexes, on appelle rayon spectral de M , et on note par $\rho(M)$ le plus grand module des valeurs propres de M .

Définition I.1.3 ([19]).

Le rayon spectral $\rho(M)$ d'une matrice M est le nombre

$$\rho(M) = \max\{|\lambda|, \lambda \in \sigma(M)\}$$

I.2 Le taux de reproduction de base

Définition I.2.1 ([7] [17]).

\mathcal{R}_0 est un paramètre très important en épidémiologie mathématique. Il est défini comme le nombre moyen d'infections secondaires causées par un individu infectieux introduit dans une population entièrement susceptible. \mathcal{R}_0 est considéré aussi comme une mesure de l'intensité de transmission d'une maladie, et sa valeur permet de dire si une maladie tend à disparaître ou à persister, selon le signe de \mathcal{R}_0 s'il est inférieure ou supérieure à 1.

On définit \mathcal{R}_0 par :

$$\mathcal{R}_0 = \rho(F(-V)^{-1}).$$

L'interprétation suivante est donnée à la matrice $-FV^{-1}$:

Considérons un individu infecté introduit dans un compartiment $k > m$ d'une population sans maladie. L'entrée (i,k) de la matrice $-V^{-1}$ est le temps moyen que l'individu passera dans le compartiment i au cours de sa vie, en supposant que l'on a bloqué la ré-infection. L'entrée (j,i) de la matrice F est la vitesse à laquelle un infecté dans le compartiment i produit des infections dans le compartiment j . Ainsi l'entrée (j,k) de $-FV^{-1}$ est le nombre espéré de nouvelles infections dans le compartiment j produit par un individu infecté introduit originellement dans le compartiment k . Le rayon spectral de la matrice $-FV^{-1}$ est le nombre de reproduction de base, c'est-à-dire $\mathcal{R}_0 = \rho(-FV^{-1})$.

I.3 Stabilité des équilibres

Soit le système différentielle suivante :

$$x' = f(x), \tag{I.2}$$

où $f : \Omega \subset \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$ est une fonction de classe \mathbb{C}^1 .

Définition I.3.1 ([13]).

Le point $x^* \in \Omega$ est dit point d'équilibre (point singulier ou point critique) du système (I.2) si $f(x^*) = 0$.

Définition I.3.2 ([5]).

L'équilibre x^* de (I.2) est dit stable si pour tout $\varepsilon > 0$, il existe $\eta > 0$ tel que pour toute solution $x(t)$ de (I.2) on a :

$$\|x(0) - x^*\| < \eta \implies \forall t \geq 0, \|x(t) - x^*\| < \varepsilon.$$

Définition I.3.3 ([5]).

L'équilibre x^* de (I.2) est dit instable, s'il existe $\varepsilon > 0$, pour tout $\eta > 0$, tel qu'il existe une solution $x(t)$ de (I.2) vérifiant :

$$\|x(0) - x^*\| < \eta \implies \forall t \geq 0, \|x(t) - x^*\| \geq \varepsilon.$$

Définition I.3.4 ([5]).

L'équilibre x^* de (I.2) est dit asymptotiquement stable s'il est stable, et il existe $\delta > 0$ tel que pour toute solution $x(t)$ de (I.2) on a :

$$\|x(0) - x^*\| < \delta \implies \lim_{t \rightarrow \infty} \|x(t) - x^*\| = 0.$$

I.3.1 Stabilité d'un système linéaire

Considérons le système linéaire suivant :

$$x' = Ax, \tag{I.3}$$

où A est une matrice carrée d'ordre n , et x^* le point d'équilibre du système linéaire (I.3).

Soit $\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_n$ les valeurs propres de la matrice A .

Théorème I.3.1 ([3]).

1. Si toutes les valeurs propres de la matrice A sont de parties réelles nulle ou négative alors l'équilibre x^* est stable.
2. S'il existe au moins une valeur propre de la matrice A de parties réelles positive alors x^* est instable.
3. Si les valeurs propres de la matrice A sont de parties réelles strictement négatives alors l'équilibre x^* est asymptotiquement stable.
4. Dans tous les autres cas on ne peut rien dire sur la stabilité de x^* .

I.3.2 Stabilité d'un système non linéaire

On considère un système non linéaire comme suit :

$$\begin{cases} x' = f_1(x, y), \\ y' = f_2(x, y). \end{cases} \quad (\text{I.4})$$

Où f_1 et f_2 deux fonctions de classe \mathbb{C}^1 , définies sur \mathbb{R}^2 à valeurs dans \mathbb{R} . Soit (x^*, y^*) un point d'équilibre pour ce système.

Pour déterminer la nature des points d'équilibres du système (I.4), on utilise la méthode de linéarisation du système non linéaire, elle est obtenue en utilisant le développement de Taylor du premier ordre des deux fonctions f_1 et f_2 autour de l'équilibre (x^*, y^*) .

Définition I.3.5 (La méthode de linéarisation [20]).

Soit $J_{(x,y)}$ la matrice Jacobienne associée au système (I.4), la linéarisation de ce système autour de l'équilibre (x^*, y^*) est définie par :

$$J_{(x^*, y^*)} = \begin{pmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial x}(x^*, y^*) & \frac{\partial f_1}{\partial y}(x^*, y^*) \\ \frac{\partial f_2}{\partial x}(x^*, y^*) & \frac{\partial f_2}{\partial y}(x^*, y^*) \end{pmatrix}.$$

Théorème I.3.2 ([21]).

La stabilité d'un point d'équilibre (x^*, y^*) est classée selon les valeurs propres qui jouent un rôle important dans l'analyse de la stabilité des points d'équilibres de la matrice Jacobienne $J_{(x^*, y^*)}$, aussi bien que son déterminant et sa trace (voir [9]), tel que :

$$\det(J_{(x^*, y^*)}) = \lambda_1 \lambda_2 \quad \text{et} \quad \text{tr}(J_{(x^*, y^*)}) = \lambda_1 + \lambda_2,$$

où λ_1 et λ_2 sont les valeurs propres de l'équation caractéristique

$$\lambda^2 - \text{tr}(J_{(x^*, y^*)})\lambda + \det(J_{(x^*, y^*)}) = 0,$$

avec :

$$\lambda_1 = \frac{\text{tr} + \sqrt{\text{tr}^2 - 4\det}}{2} \quad \text{et} \quad \lambda_2 = \frac{\text{tr} - \sqrt{\text{tr}^2 - 4\det}}{2}.$$

La nature des points d'équilibres dépend du signe du Δ qui est donné par :

$$\Delta = (\text{tr})^2 - 4\det,$$

donc il existe trois cas :

- 1^{er} cas : $\Delta > 0$
 - Si $\det(J_{(x^*,y^*)}) < 0$ et λ_1 et λ_2 sont de signes opposés, alors le point d'équilibre est un point selle (col).
 - Si $\det(J_{(x^*,y^*)}) > 0$ et $\text{tr}(J_{(x^*,y^*)}) > 0$ et λ_1, λ_2 sont de signes positifs, alors le point d'équilibre est un nœud instable.
 - Si $\det(J_{(x^*,y^*)}) > 0$ et $\text{tr}(J_{(x^*,y^*)}) < 0$ et λ_1, λ_2 sont de signes négatifs, alors le point d'équilibre est un nœud stable.

- 2^{eme} cas : $\Delta < 0$

On trouve deux valeurs propres complexes conjuguées

$$\lambda_{1,2} = \alpha \pm i\beta.$$

Donc

$$\det(J_{(x^*,y^*)}) = \alpha^2 + \beta^2 > 0 \quad \text{et} \quad \text{tr}(J_{(x^*,y^*)}) = 2\alpha.$$

- Si $\text{tr}(J_{(x^*,y^*)}) = 0$, alors le point d'équilibre est un centre.
 - Si $\text{tr}(J_{(x^*,y^*)}) > 0$ c'est-à-dire la partie réelle des valeurs propres est positive, alors le point d'équilibre est un foyer instable.
 - Si $\text{tr}(J_{(x^*,y^*)}) < 0$ c'est-à-dire la partie réelle des valeurs propres est négative, alors le point d'équilibre est un foyer stable.
- 3^{eme} cas : $\Delta = 0$

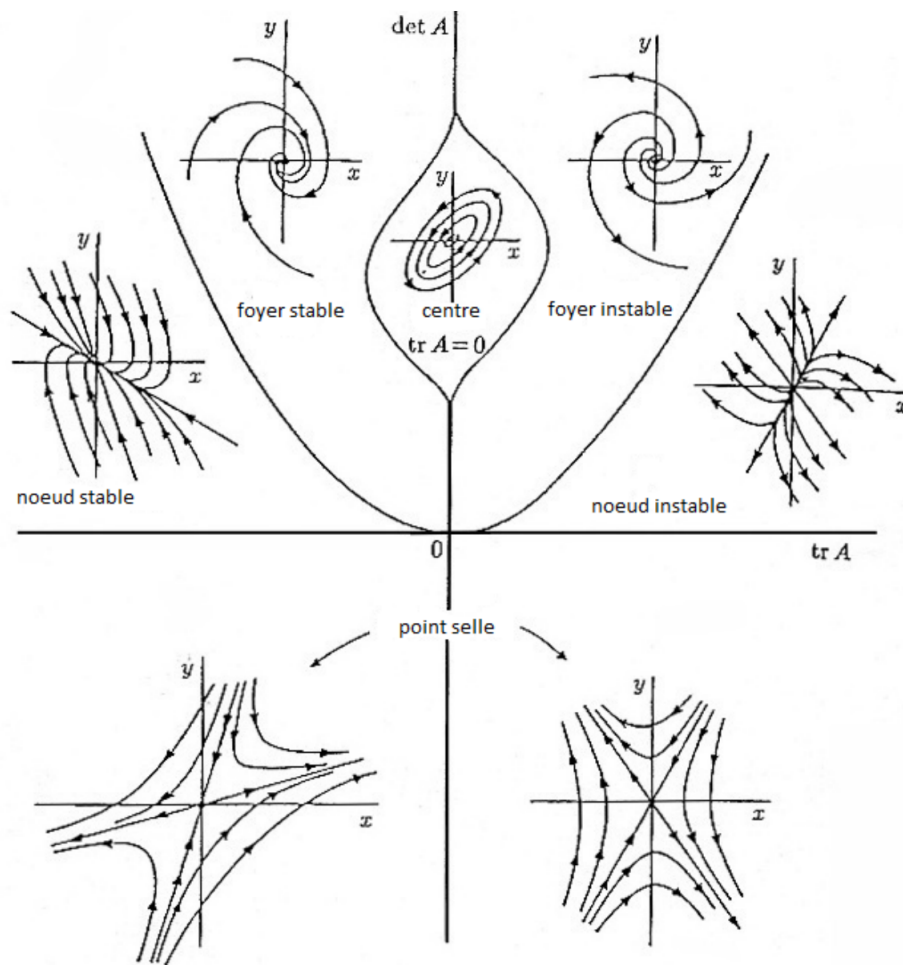
On trouve $\lambda_1 = \lambda_2 = \lambda$ alors

$$\det(J_{(x^*,y^*)}) = \lambda^2 \quad \text{et} \quad \text{tr}(J_{(x^*,y^*)}) = 2\lambda .$$

Donc

- Si $\text{tr} > 0$ c'est-à-dire $\lambda > 0$, alors on a un nœud dégénéré instable.
- Si $\text{tr} < 0$ c'est-à-dire $\lambda < 0$, alors on a un nœud dégénéré stable.

La classification des équilibres en fonction de la trace et le déterminant de la matrice $J_{(x^*,y^*)}$ est résumée comme suit :



I.4 Stabilité au sens de Lyapunov

La fonction de Lyapunov est un outil permettant de déterminer la stabilité globale et non seulement locale.

Définition I.4.1 ([16]).

Soit Ω un ouvert de \mathbb{R}^n contenant 0, et soit $V : \Omega \rightarrow \mathbb{R}$ une fonction différentiable de classe C^1 sur $\Omega \setminus \{0\}$.

1. V est dite définie positive si :
 - i) $V(0) = 0$.
 - ii) $V(x) > 0$ pour $x \in \Omega \setminus \{0\}$.
2. V est dite définie négative, si $-V$ est définie positive.
3. V est dite semi définie positive si :
 - i) $V(0) = 0$.

ii) $V(x) \geq 0$ pour $x \in \Omega \setminus \{0\}$.

4. V est dite semi définie négative si $-V$ est semi définie positive.

Définition I.4.2 (Fonction de Lyapunov [2]).

Une fonction $V : \Omega \subset \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$ est dite fonction de Lyapunov pour (I.1) si :

- V est définie positive.
- $V'(x) < 0, \forall x \in \Omega \setminus \{0\}$.

Théorème I.4.1 (Stabilité de Lyapunov [18]).

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

1. Si $V'(x) \leq 0, \forall x \in \Omega \setminus \{0\}$, alors x^* est stable.
2. Si $V'(x) < 0, \forall x \in \Omega \setminus \{0\}$, alors x^* est asymptotiquement stable.

Une telle fonction est dite fonction de Lyapunov

I.5 Principe d'invariance de LaSalle

Théorème I.5.1 ([14][15]).

Soit Ω un sous-ensemble de \mathbb{R}^n , supposons que Ω est un ouvert positivement invariant pour le système (II.1) en x^* . Soit $V : \Omega \rightarrow \mathbb{R}$ une fonction de classe C^1 pour le système (II.1) en x^* telle que :

1. $V' \leq 0$ sur Ω .
2. Soient $E = \{x \in \Omega | V'(x) = 0\}$ et L est le plus grand ensemble invariant par X et contenu dans E .

Alors, toute solution bornée commençant dans Ω tend vers l'ensemble L lorsque $t \rightarrow \infty$.

Corollaire I.5.1 ([14][15]).

Sous les hypothèses du théorème précédent, si l'ensemble L est réduit au point $x^* \in \Omega$, alors x^* est un point d'équilibre globalement asymptotiquement stable pour le système (II.1) défini dans Ω .

Définition I.5.1 (Attractivité [10]).

On dit que l'origine $x = 0$ est :

-Un point d'équilibre attractif, s'il existe un voisinage de l'origine $U(0)$, tel que

$$\forall x_0 \in U(0), \lim_{n \rightarrow +\infty} x(t) = 0.$$

-Un point d'équilibre globalement attractif si

$$\forall x_0 \in R^n, \lim_{n \rightarrow +\infty} x(t) = 0.$$

I.6 Théorème du point fixe Banach

Définition I.6.1 ([6]).

Soit E un espace de Banach et $A : E \rightarrow E$, un opérateur. On dit que A est une contraction (ou contractant), s'il existe une constante $0 < k < 1$ telle que :

$$\| Ax - Ay \|_E \leq k \| x - y \|_E, \text{ pour tout } x, y \in E.$$

Théorème I.6.1 (Contraction de Banach [11][26]).

Soit X un espace de Banach et $f : X \rightarrow X$ une contraction. Alors, f admet un point fixe unique.

I.7 Modèle Kermack et McKendrick

Suite aux travaux qu'ils réalisent sur la grande épidémie de peste apparue à Londres entre 1665 et 1666, **William Ogilvy Kermack** et **Anderson Gray McKendrick** [24] ont publié leur théorie dans un ensemble de trois articles entre 1927 à 1939, alors que cette théorie était en effet la source des modèles *SIR*. Dans ces modèles sont apparus explicitement les notions de taux d'infection et de guérison, de taux de retrait relatif, mais aussi le célèbre "théorème du seuil" qui constitue un résultat clé en épidémiologie. Le théorème du seuil stipule que pour éviter une épidémie il suffit de ramener le nombre de sujets réceptifs en dessous d'un certain seuil.

Dans ce modèle, la dynamique de transmission dépend de la fréquence et de l'intensité des interactions entre les individus susceptibles, les individus infectés et les individus retirés. En notant S la population des susceptibles, I celle des infectés et R la population des retirés.

Le modèle de Kermack et McKendrick est donné par le système de trois équations différentielles

non-linéaires :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta SI, \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I, \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I, \end{cases}$$

avec :

S : La densité des susceptibles,

I : La densité des infectés,

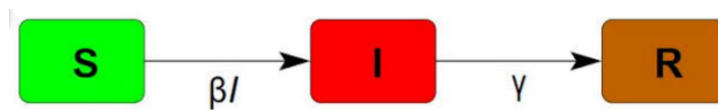
R : La densité des retirés,

β : Le taux de transmission d'infection,

γ : Le taux de guérison.

Ce modèle épidémique est utilisé pour des périodes de temps relativement courtes, il n'a pas de dynamique vitale.

On peut le schématiser comme suit :



Modèle épidémiologique SIR avec des mortalités différentes

II.1 Introduction

Dans ce chapitre on va étudier un modèle épidémiologique *SIR* avec un taux de mortalité différent et population de taille constante, par la suite on va analyser la stabilité locale des deux points d'équilibres (sans maladie et endémique) et la stabilité globale de l'équilibre sans maladie par rapport aux taux de reproduction de base.

A la fin on va réaliser deux simulations pour illustrer les résultats obtenus.

II.2 Le modèle mathématique

Le modèle SIR est donné par le système des équations différentielles suivantes :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \Lambda - \frac{\beta SI}{N} - \mu_1 S, \\ \frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI}{N} - \mu_2 I - \gamma I, \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu_3 R, \end{cases} \quad (\text{II.1})$$

avec les conditions initiales

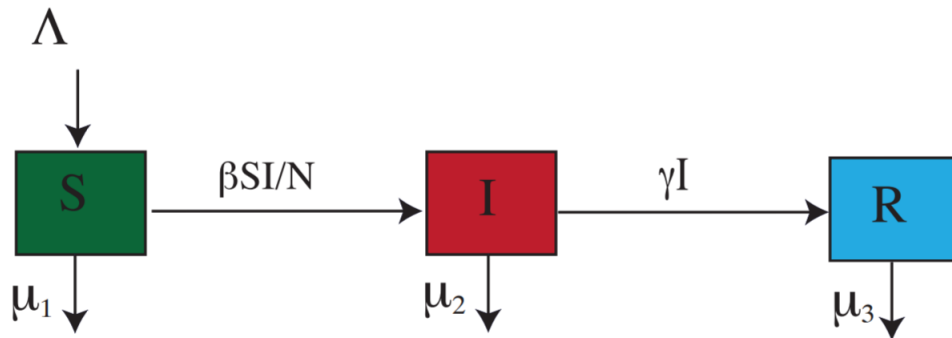
$$S(0) \geq 0, I(0) \geq 0, R(0) \geq 0,$$

et les paramètres Λ , μ_1 , μ_2 , μ_3 , γ et β sont des quantités positives telle que :

- μ_1 : représente le taux de mortalité de la population des personnes susceptibles.
- μ_2 : représente le taux de mortalité de la population des personnes infectieux.

- μ_3 : représente le taux de mortalité de la population des personnes retirées.
- γ : représente le taux de guérison.
- β : représente le taux de contact effectif des infectieux

On peut schématiser le système (II.1) comme suit :



II.2.1 L'interprétation du modèle

On considère une population N divisée en trois compartiments, notées S les individus susceptibles ou sains ceux qui n'ont jamais eu la maladie et peuvent la contracter, et I les individus infectés ceux qui ont déjà touché par la maladie, et R les individus retirés qui ont déjà eu la maladie et sont désormais immunisés contre cette maladie.

On note $S(t)$, $I(t)$ et $R(t)$ la proportion des individus dans les compartiments S , I et R à l'instant t . Puisque tous les nouveau-nés sont susceptibles alors il n'y a pas de transmission verticale. On observe aussi que la natalité Λ compense les mortalités.

On considère qu'un individu sain en contact avec un individu infecté quitte la population des individus sains avec le terme $-\frac{\beta SI}{N}$ et devient lui aussi infecté. En outre, les individus guéris de la population infectée seront retirés de cette dernière.

Les termes $-\mu_1 S$, $-\mu_2 I$ et $-\mu_3 R$ sont les morts qui sont supprimées respectivement de chaque compartiment S , I et R .

La taille de la population N est supposée constante, c'est-à-dire :

$$N = S + I + R, \quad (\text{II.2})$$

on dérive N par rapport à t , ce qui donne

$$\frac{dN}{dt} = \frac{d}{dt}(S + I + R),$$

d'où

$$\frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dR}{dt} = 0, \quad (\text{II.3})$$

on remplace les équations du système (II.1) dans (III.6), on obtient

$$\Lambda - \mu_1 S - \mu_2 I - \mu_3 R = 0,$$

ce qui implique

$$\Lambda = \mu_1 S + \mu_2 I + \mu_3 R. \quad (\text{II.4})$$

Donc, pour qu'elle soit une population constante il faut que $\Lambda = \mu_1 S + \mu_2 I + \mu_3 R$.

On remplace (II.4) dans le système (II.1), on obtient :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\frac{\beta SI}{N} + \mu_2 I + \mu_3 R, \\ \frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI}{N} - \mu_2 I - \gamma I, \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu_3 R, \end{cases} \quad (\text{II.5})$$

de (II.2) on obtient $R = N - S - I$.

vu que la première et la deuxième équations du système (II.5) sont distinctes de la troisième équation du système (II.5). On peut donc omettre l'équation des retirés.

On obtient donc le système de deux équations :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\frac{\beta SI}{N} + \mu_2 I + \mu_3(N - S - I), \\ \frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI}{N} - (\mu_2 + \gamma)I. \end{cases} \quad (\text{II.6})$$

Par raison des simplicités on note $\frac{S}{N}$, $\frac{I}{N}$ les proportions de susceptibles et d'infectés, encore par S et I, alors système (II.6) se réduit à :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \mu_3 + (\mu_2 - \mu_3)I - \mu_3 S - \beta SI, \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI - (\mu_2 + \gamma)I. \end{cases} \quad (\text{II.7})$$

L'étude du système (II.1) est réduite à l'étude du système (II.7).

Le domaine biologique de l'étude de ce système est l'ensemble Ω donné par

$\Omega = \{(S, I) : S \geq 0, I \geq 0, S + I \leq 1\}$ qui est un ensemble positivement invariant.

Voir que $S \geq 0, I \geq 0$ c'est-à-dire :

$$\frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} \geq 0,$$

alors

$$\mu_3 - \mu_3 I - \mu_3 S - \gamma I \geq 0,$$

d'où

$$\mu_3(1 - I - S) \geq \gamma I,$$

Puisque $\gamma I \geq 0$ donc

$$\mu_3(1 - I - S) \geq 0,$$

alors

$$1 - I - S \geq 0,$$

donc

$$I + S \leq 1.$$

II.2.2 Existence

Le fait que les fonctions du système (II.1) sont de classe C^1 , donc elles sont localement lipschitziennes sur \mathbb{R}_+^3 , d'après le théorème de **Cauchy-Lipschitz**, on en déduit l'existence de la solution du problème associé au système (II.1).

II.2.3 Positivité

Le système (II.1) peut s'écrire sous la forme suivante :

$$x'(t) = f(x(t)).$$

avec $x = (x_1, x_2, x_3) = (S, I, R)$.

Le système (II.1) peut s'écrire donc comme suit :

$$\begin{cases} x'_1 = \Lambda - \frac{\beta x_1 x_2}{N} - \mu_1 x_1 = f_1, \\ x'_2 = \frac{\beta x_1 x_2}{N} - \mu_2 x_2 - \gamma x_2 = f_2, \\ x'_3 = \gamma x_2 - \mu_3 x_3 = f_3. \end{cases}$$

Il est clair que pour tout $i = 1, 2, 3$, $f_i(x) \geq 0$ si $x \in \mathbb{R}_+^3$ et $x_i = 0$ d'où la positivité de la solution.

II.3 Le taux de reproduction de base \mathcal{R}_0

On va calculer par la méthode de *Von Den Driessche et Watmough* le taux de reproduction de base défini par :

$$\mathcal{R}_0 = \rho\left(\tilde{F}(-\tilde{V})^{-1}(E_0)\right),$$

où E_0 est le point d'équilibre sans maladie appelé DFE,

F le taux d'apparition des nouveaux infectés dans chaque compartiment, et V le taux de transfert des individus qui entrent et qui sortent dans chaque compartiment.

Le compartiment des individus infectés est I .

Donc on obtient,

$$F(I) = \left(\frac{\beta IS}{N}\right) \quad \text{et} \quad -V(I) = (\mu_2 + \gamma)I.$$

Soient \tilde{F} et \tilde{V} les dérivées de F et V par rapport à I respectivement, alors on trouve

$$\tilde{F}(E_0) = \beta \quad \text{et} \quad -\tilde{V}(E_0) = (\mu_2 + \gamma),$$

on a $(\mu_2 + \gamma) \neq 0$, donc la matrice $-\tilde{V}$ est inversible d'inverse donné par :

$$\left(-\tilde{V}\right)^{-1} = \frac{1}{\mu_2 + \gamma},$$

$$\tilde{F}\left(-\tilde{V}\right)^{-1} = \frac{\beta}{\mu_2 + \gamma}.$$

Le nombre de reproduction de base du modèle (II.1) est défini par :

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta}{\mu_2 + \gamma}.$$

II.4 Recherche des points d'équilibres

La recherche des points d'équilibres du système (II.7), se traduit par la résolution du système suivant :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = 0, \\ \frac{dI}{dt} = 0, \end{cases}$$

ce qui implique

$$\begin{cases} \mu_3 + (\mu_2 - \mu_3)I - \mu_3 S - \beta SI = 0, \\ \beta SI - (\mu_2 + \gamma)I = 0, \end{cases} \quad (\text{II.8})$$

d'après la deuxième équation du système (II.8), on a

$$(\beta S - (\mu_2 + \gamma))I = 0,$$

donc

$$I = 0 \text{ ou bien } \beta S - (\mu_2 + \gamma) = 0.$$

- Pour $I = 0$ c'est-à-dire le cas de la population sans maladie, on a $\mu_3 - \mu_3 S = 0$ par suite $S = 1$ donc, le point d'équilibre sans maladie (appelle aussi point d'équilibre trivial) est donné par :

$$E_0 = (S_0, I_0) = (1, 0).$$

Ce point d'équilibre existe toujours sans condition, il correspond à un état où il n'y a pas des individus infectés c'est-à-dire une éradication complète dans la population.

- D'autre part, si $I \neq 0$ $(\beta S - (\mu_2 + \gamma)) = 0$ cela veut dire qu'il existe des infectés c'est-à-dire , ce qui implique

$$S = \frac{\mu_2 + \gamma}{\beta},$$

en remplaçant cette valeur dans la première équation du système (II.8), on obtient :

$$\mu_3 + \mu_2 I - \mu_3 I - \mu_3 \left(\frac{\mu_2 + \gamma}{\beta} \right) - \mu_2 I - \gamma I = 0,$$

par suite

$$(\mu_3 + \gamma)I = \mu_3 \left(1 - \frac{\mu_2 + \gamma}{\beta} \right),$$

alors

$$I = \frac{\mu_3}{\mu_3 + \gamma} \left(1 - \frac{\mu_2 + \gamma}{\beta} \right),$$

par conséquent

$$I = \frac{\mu_3}{\mu_3 + \gamma} \left(1 - \frac{1}{\mathcal{R}_0} \right),$$

donc le deuxième point d'équilibre endémique est donné par

$$E^* = (S^*, I^*) = \left(\frac{1}{\mathcal{R}_0}, \frac{\mu_3}{\mu_3 + \gamma} \left(1 - \frac{1}{\mathcal{R}_0} \right) \right).$$

Pour que le point d'équilibre existe il faut qu'il soit positif, c'est-à-dire

$$E^* = (S^*, I^*) > 0 \text{ i.e. } \frac{\mu_3}{\mu_3 + \gamma} \left(1 - \frac{\mu_2 + \gamma}{\beta} \right) > 0,$$

qui implique

$$1 - \frac{\mu_2 + \gamma}{\beta} > 0,$$

par suite

$$\frac{\mu_2 + \gamma}{\beta} < 1,$$

pour cela

$$\frac{1}{\mathcal{R}_0} < 1,$$

par conséquent

$$\mathcal{R}_0 > 1.$$

Donc le point d'équilibre $E^* = (S^*, I^*) = \left(\frac{1}{\mathcal{R}_0}, \frac{\mu_3}{\mu_3 + \gamma} \left(1 - \frac{1}{\mathcal{R}_0} \right) \right)$ existe si $\mathcal{R}_0 > 1$.

Ce point d'équilibre correspond à un état où il y a une maladie.

II.5 Étude de la stabilité locale des points d'équilibres

Pour étudier la stabilité locale des points d'équilibres on utilise la méthode de linéarisation.

Théorème 1.

- *Le point d'équilibre sans maladie E_0 du système (II.7) est localement asymptotiquement stable si $\mathcal{R}_0 \leq 1$, et il est instable si $\mathcal{R}_0 > 1$.*
- *Le point d'équilibre endémique E^* est localement asymptotiquement stable si $\mathcal{R}_0 > 1$.*

Preuve:

La matrice jacobienne est donnée par :

$$J_{(S,I)} = \begin{pmatrix} -\mu_3 - \beta I & \mu_2 - \mu_3 - \beta S \\ \beta I & \beta S - \mu_2 - \gamma \end{pmatrix}.$$

- **Stabilité de l'équilibre sans maladie (DFE)**

La jacobienne au point d'équilibre sans maladie DFE est :

$$\begin{aligned} J_{(S_0, I_0)} &= \begin{pmatrix} -\mu_3 - \beta I_0 & \mu_2 - \mu_3 - \beta S_0 \\ \beta I_0 & \beta S_0 - \mu_2 - \gamma \end{pmatrix} \\ &= \begin{pmatrix} -\mu_3 & \mu_2 - \mu_3 - \beta \\ 0 & \beta - \mu_2 - \gamma \end{pmatrix}. \end{aligned}$$

Les deux valeurs propres associées à cette matrice jacobienne, sont données par :

$$\begin{cases} \lambda_1 = -\mu_3, \\ \lambda_2 = \beta - \mu_2 - \gamma, \end{cases}$$

comme $\lambda_1 < 0$, l'étude de la stabilité dépend du signe de λ_2

— 1^{er} cas : si $\lambda_2 < 0$ c'est-à-dire $\beta - (\mu_2 + \gamma) < 0$ donc $\mathcal{R}_0 < 1$.

Puisque les deux valeurs propres sont de signes négatifs, alors le point d'équilibre sans maladie $E_0 = (1, 0)$ est asymptotiquement stable.

— 2^{eme} cas : si $\lambda_2 > 0$ c'est-à-dire $\beta - (\mu_2 + \gamma) > 0$ donc $\mathcal{R}_0 > 1$.

Puisque les deux valeurs propres sont de signes opposés, alors le point d'équilibre sans maladie $E_0 = (1, 0)$ est instable.

— 3^{eme} cas : si $\lambda_2 = 0$ le cas où $\mathcal{R}_0 = 1$, dans ce cas on ne peut rien dire car le système est non linéaire.

- **Stabilité de l'équilibre endémique**

On remplace le point d'équilibre endémique dans la matrice jacobienne, on obtient

$$\begin{aligned} J_{(S^*, I^*)} &= \begin{pmatrix} -\mu_3 - \beta I^* & \mu_2 - \mu_3 - \beta S^* \\ \beta I^* & \beta S^* - \mu_2 - \gamma \end{pmatrix} \\ &= \begin{pmatrix} -(\beta I^* + \mu_3) & -(\mu_3 + \gamma) \\ \beta I^* & 0 \end{pmatrix}. \end{aligned}$$

La trace et le déterminant de cette matrice sont donnés par :

$$\begin{aligned} \det J_{(S^*, I^*)} &= \lambda_1 \lambda_2 \\ &= \beta I^* (\mu_3 + \gamma) > 0. \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \text{tr} J_{(S^*, I^*)} &= \lambda_1 + \lambda_2 \\ &= -(\beta I^* + \mu_3) < 0. \end{aligned}$$

Par conséquent, on trouve que les deux valeurs propres sont du même signes négatifs, alors le point d'équilibre endémique $E^* = (S^*, I^*)$ est asymptotiquement stable.

II.6 Étude de la stabilité globale de point d'équilibre sans maladie

Dans cette section, on va étudier la stabilité globale de point d'équilibre sans maladie pour cela on utilise le principe d'invariance de LaSalle.

Théorème 2.

Le point d'équilibre sans maladie E_0 du système (II.7) est globalement asymptotiquement stable sur Ω si $\mathcal{R}_0 \leq 1$, et il est instable si $\mathcal{R}_0 > 1$.

Preuve:

Pour montrer la stabilité globale du point d'équilibre sans maladie, on considère la fonction de Lyapunov suivante :

$$V(S, I) = I,$$

il est clair qu'elle est définie positive c'est-à-dire

$$V(S_0, I_0) = 0,$$

et de plus

on a $I > 0$ ce qui implique $V(S, I) > 0$ pour $(S, I) \in \Omega \setminus (1, 0)$,

on calcule la dérivée de la fonction V par rapport à t

$$\begin{aligned}
 \frac{dV}{dt} &= \frac{dI}{dt} \\
 &= \beta SI - (\mu_2 + \gamma)I \\
 &= I(\beta S - (\mu_2 + \gamma)) \\
 &= I(\mu_2 + \gamma) \left(\frac{\beta S}{(\mu_2 + \gamma)} - 1 \right) \\
 &= I(\mu_2 + \gamma)(\mathcal{R}_0 S - 1) \\
 &\leq 0.
 \end{aligned}$$

Maintenant on cherche quand $\frac{dV}{dt} = 0$ c'est-à-dire

$$\frac{dI}{dt} = 0,$$

alors

$$I(\mu_2 + \gamma)(\mathcal{R}_0 S - 1) = 0,$$

on trouve $I = 0$ ou $\mathcal{R}_0 S - 1 = 0$ ce qui implique $S = \mathcal{R}_0 = 1$.

Donc le plus grand ensemble positivement invariant est :

$$L = \left\{ (S, I) \in \Omega, \frac{dV}{dt}(S, I) = 0 \right\},$$

qui est réduit au point d'équilibre sans maladie (DFE). Puisque on est dans un compact positivement invariant, par le principe d'invariance de LaSalle, le DFE est globalement asymptotiquement stable dans Ω .

Dans le cas où $\mathcal{R}_0 > 1$ on aurait l'instabilité du point d'équilibre sans maladie.

II.7 Simulations numériques et discussions

Dans cette section on va donner deux simulations pour le modèle étudié. Les valeurs des paramètres utilisés sont inspirées pour illustrer nos résultats.

Exemple :

$$\mu_2 = 0.06, \mu_3 = 0.05, \beta = 0.04, \gamma = 0.02, N = 50.$$

Ce qui donne

$$\mathcal{R}_0 = 0.5.$$

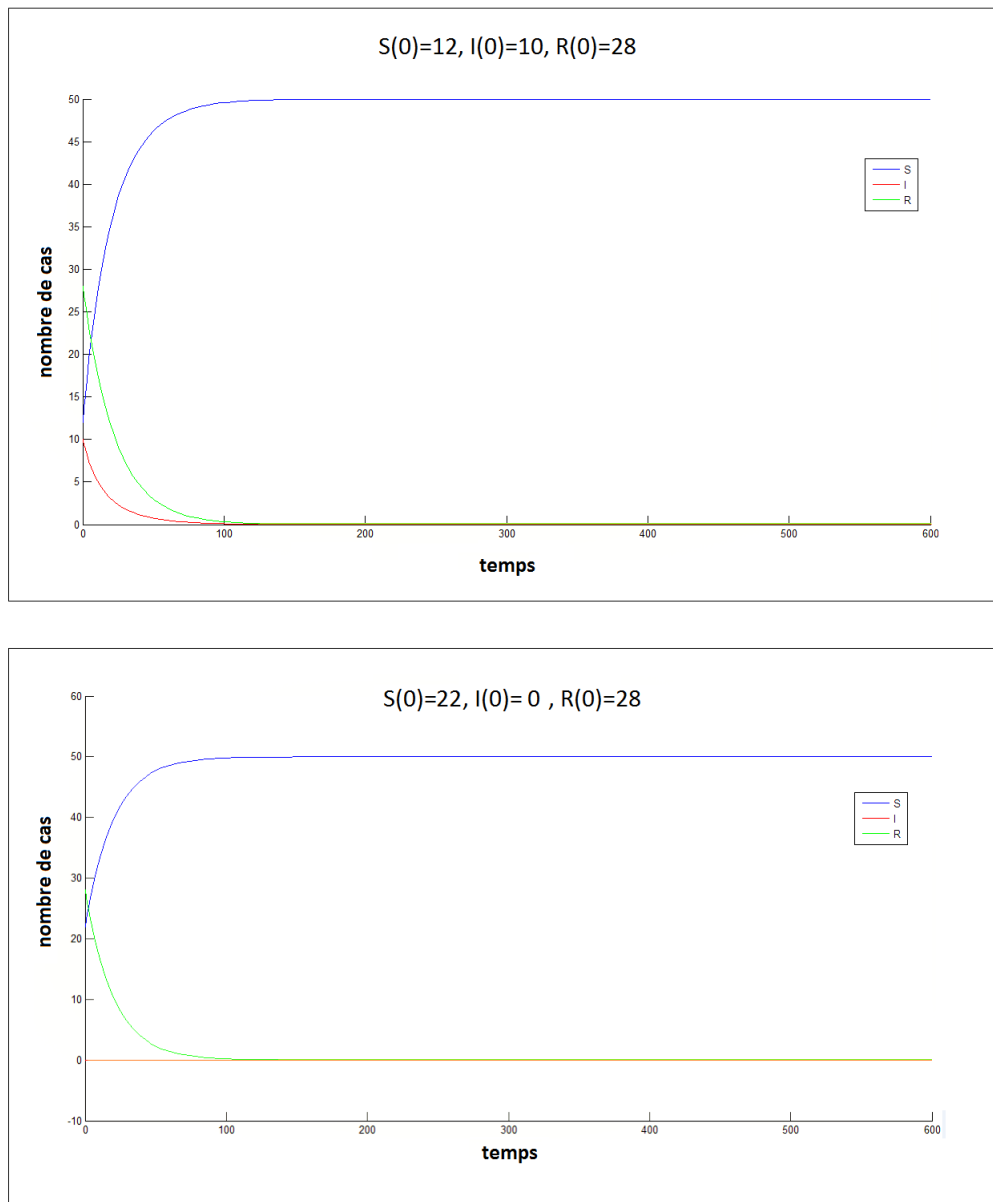


Figure II.1 – On a $\mathcal{R}_0 = 0,5 < 1$, le point d'équilibre sans maladie $E_0 = (S_0, I_0, R_0)$ est asymptotiquement stable.

La **figure-II.1** montre que quelles que soient les conditions initiales, le point d'équilibre E_0 est asymptotiquement stable, ce qui confirme notre résultat obtenu.

II.8 Conclusion

Le devenir de l'épidémie à long terme reste incertain, mais le modèle épidémiologique SIR permet de suivre l'évolution de l'épidémie afin de trouver une solution pour diminuer sa propagation.

Le modèle épidémiologique SIR avec vaccination

Dans ce chapitre, on va impliquer la vaccination sur le modèle épidémiologique SIR, mais ce dernier se diffère de modèle SIR du précédent chapitre dans le taux de mortalité des trois populations dont il est constant.

Dans cette partie en étudiant deux types de vaccination à savoir la vaccination constante et la vaccination par pulsation.

III.1 Analyse du modèle mathématique SIR

Le modèle SIR est donné par le système des équations différentielles suivantes :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = m - \beta IS - mS, \\ \frac{dI}{dt} = \beta IS - mI - gI, \\ \frac{dR}{dt} = gI - mR, \end{cases} \quad (\text{III.1})$$

avec les conditions initiales $S(0) \geq 0, I(0) \geq 0, R(0) \geq 0$.

Où $N = S + I + R$ est la taille de la population.

Les paramètres β, m et g sont respectivement le taux d'infection, le taux de natalité suppose égale au taux de mortalité et le taux de récupération.

Pour ce modèle, le taux de reproduction de base associé à ce modèle est $\mathcal{R}_0 = \frac{\beta}{m+g}$, en effet, cette quantité est le produit du taux de contact par la période moyenne d'infection ajustée par les décès $\frac{1}{m+g}$.

La population est supposée de densité constante, c'est-à-dire

$$S + I + R = cte,$$

donc

$$\frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dR}{dt} = 0,$$

on remplaçons les équations du système (III.1), On obtient

$$m(1 - S - I - R) = 0,$$

donc on trouve

$$m = 0 \text{ ou bien } 1 - S - I - R = 0$$

puisque $m \neq 0$ donc on a

$$S + I + R = 1, \tag{III.2}$$

on a $R = 1 - S - I$ par conséquent on peut négliger la troisième équation sans prendre de généralité. On obtient donc le système de deux équations :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = m - \beta IS - mS, \\ \frac{dI}{dt} = \beta IS - mI - gI. \end{cases} \tag{III.3}$$

III.1.1 Étude de la stabilité

La recherche des points d'équilibres du système (III.3) se traduit par la résolution du système suivant :

$$\begin{cases} m - (\beta I + m)S = 0, \\ \beta IS - (m + g)I = 0. \end{cases} \tag{III.4}$$

Il est évident que le système (III.4) admet un seul point d'équilibre trivial, noté par $E_0 = (S_0, I_0) = (1, 0)$ et par un simple calcul on trouve que si $\mathcal{R}_0 > 1$ le système (III.4) admet un seul point d'équilibre endémique (EE), noté par $E_1 = (S_1, I_1) = \left(\frac{m + g}{\beta}, \frac{m(\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta} \right)$, cela veut dire qu'il n'y a pas de maladie.

Les résultats de la stabilité des points d'équilibres sont donnés par le théorème suivant :

Théorème 3.

- si $\mathcal{R}_0 \leq 1$ le point d'équilibre sans maladie E_0 est asymptotiquement stable.
- si $\mathcal{R}_0 > 1$ le point d'équilibre sans maladie E_0 est instable, et le point d'équilibre endémique E_1 est asymptotiquement stable.

Preuve:

La matrice jacobienne associée au système (III.4) est donnée par

$$J_{(S,I)} = \begin{pmatrix} -\beta I - m & -\beta S \\ \beta I & \beta S - m - g \end{pmatrix}.$$

Pour le point d'équilibre sans maladie E_0 , on a :

$$J_{(S_0, I_0)} = \begin{pmatrix} -m & -\beta \\ 0 & \beta - m - g \end{pmatrix}.$$

Les deux valeurs propres associées à cette matrice jacobienne, sont données par :

$$\lambda_1 = -m,$$

et

$$\lambda_2 = \beta - m - g.$$

On a $\lambda_1 < 0$ donc si $\mathcal{R}_0 < 1$ dans ce cas $\lambda_2 < 0$ et par suite E_0 est asymptotiquement stable.

Si $\mathcal{R}_0 > 1$ alors $\lambda_2 > 0$ donc l'équilibre sans maladie E_0 est instable.

Si $\mathcal{R}_0 = 1$, on a $\lambda_2 = 0$ comme le système est non linéaire on ne peut rien dire.

Concernant la stabilité de l'équilibre endémique E_1 ($\mathcal{R}_0 > 1$), et par le même raisonnement que précédemment, on a

$$J_{(S_1, I_1)} = \begin{pmatrix} -m\mathcal{R}_0 & -m - g \\ m(\mathcal{R}_0 - 1) & 0 \end{pmatrix}.$$

La trace et le déterminant de cette matrice sont donnés par :

$$\begin{aligned} \det J_{(S_1, I_1)} &= \lambda_1 \lambda_2 \\ &= m(\mathcal{R}_0 - 1)(m + g) < 0. \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \text{tr} J_{(S_1, I_1)} &= \lambda_1 + \lambda_2 \\ &= -m\mathcal{R}_0 < 0. \end{aligned}$$

On en déduit que les deux valeurs propres sont du même signe négatif, alors le point d'équilibre endémique $E_1 = (S_1, I_1)$ est asymptotiquement stable .

III.2 Application de la vaccination constante au modèle SIR

Dans cette partie on va supposer qu'une proportion p des nouveau-nés est vaccinée avec succès. Cela est formalisé conventionnellement dans le modèle SIR, en réduisant le taux de

naissance des susceptibles de m à $(1 - p)m$.

Le système (III.3) devient :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = (1 - p)m - \beta IS - mS, \\ \frac{dI}{dt} = \beta IS - mI - gI. \end{cases} \quad (\text{III.5})$$

III.2.1 Étude de la stabilité

Théorème 4.

Le système (III.5) admet un point d'équilibre sans maladie noté par $E'_0 = (1 - p, 0)$, et un autre point d'équilibre endémique $E'_1 = \left(S_1, I_1 - \frac{mp}{(m + g)} \right)$.

Preuve:

La recherche des points d'équilibres du système (III.5), se traduit par la résolution du système suivant :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = 0, \\ \frac{dI}{dt} = 0, \end{cases}$$

qui implique

$$\begin{cases} (1 - p)m - (\beta I + m)S = 0, \\ (\beta S - m - g)I = 0, \end{cases} \quad (\text{III.6})$$

d'après la deuxième équation du système (III.6), on a $I = 0$ ou bien $\beta S - m - g = 0$

- pour $I = 0$ c'est-à-dire le cas sans maladie, on aura $S = 1 - p$ donc le point d'équilibre sans maladie (trivial) est

$$E'_0 = (S'_0, I'_0) = (1 - p, 0).$$

- pour $\beta S - m - g = 0$, cela veut dire qu'il existe des infectés c'est-à-dire $I = 0$ ce qui implique

$$S'_1 = \frac{m + g}{\beta} = S_1$$

On remplace dans la première équation du système (III.6), on obtient :

$$(1 - p)m - (\beta I + m) \left(\frac{m + g}{\beta} \right) = 0,$$

qui implique

$$I = \frac{m(\beta - m - g) - \beta mp}{\beta(m + g)},$$

donc

$$I = I_1 - \frac{mp}{(m + g)}.$$

D'où le point d'équilibre endémique est donné par

$$E'_1 = (S'_1, I'_1) = \left(S_1, I_1 - \frac{mp}{(m + g)} \right).$$

Pour que ce point existe il faut qu'il soit positive c'est-à-dire :

$$E'_0 = (S'_1, I'_1) > 0$$

alors

$$I_1 - \frac{mp}{(m + g)} > 0,$$

qui implique

$$I_1 > \frac{mp}{(m + g)},$$

par suite

$$\frac{m(\mathcal{R}_0 - 1)}{\beta} > \frac{mp}{m + g},$$

pour cela

$$p < \frac{m + g}{\beta}(\mathcal{R}_0 - 1),$$

donc

$$p < 1 - \frac{1}{\mathcal{R}_0}.$$

on pose $p_c = 1 - \frac{1}{\mathcal{R}_0}$ on obtient $p < p_c$.

Par conséquent on conclure que le point d'équilibre endémique existe si $p < p_c$.

Théorème 5.

- *Le point d'équilibre sans maladie E'_0 du système est localement asymptotiquement stable si $p_c < p$, et il est instable si $p_c > p$.*
- *Le point d'équilibre endémique E'_1 est localement instable si $p_c < p$.*

Preuve:

La matrice jacobienne est donnée par :

$$J_{(S,I)} = \begin{pmatrix} -\beta I - m & -\beta S \\ \beta I & \beta S - m - g \end{pmatrix}.$$

• **Stabilité de l'équilibre sans maladie (DFE)**

On remplace par le point d'équilibre trivial dans la matrice jacobienne, on trouve

$$J_{(S'_0, I'_0)} = \begin{pmatrix} -m & -\beta(1-p) \\ 0 & \beta(1-p) - m - g \end{pmatrix}.$$

Les deux valeurs propres associées à cette matrice jacobienne, sont données par :

$$\lambda_1 = -m \text{ et } \lambda_2 = \beta(1-p) - m - g.$$

Comme $\lambda_1 < 0$, l'étude de la stabilité dépend du signe de λ_2

— 1^{er} **cas** : si $\lambda_2 < 0$ c'est-à-dire

$$\beta(1-p) - m - g < 0,$$

alors

$$1 - \frac{1}{\mathcal{R}_0} < p,$$

par conséquent

$$p_c < p.$$

Puisque les deux valeurs propres sont de signe négatif, alors le point d'équilibre sans maladie E'_0 est asymptotiquement stable.

— 2^{eme} **cas** : si $\lambda_2 > 0$ c'est-à-dire

$$\beta(1-p) - m - g > 0,$$

alors

$$p_c > p.$$

puisque les deux valeurs propres sont de signes opposés, alors le point d'équilibre sans maladie E'_0 est instable.

- **Stabilité de l'équilibre endémique (EE)**

On remplace par le point d'équilibre endémique dans la matrice jacobienne, on obtient :

$$\begin{aligned}
 J_{(S'_1, I'_1)} &= \begin{pmatrix} -\beta \left(I_1 - \frac{mp}{(m+g)} \right) - m & -\beta S_1 \\ \beta \left(I_1 - \frac{mp}{(m+g)} \right) & \beta S_1 - m - g \end{pmatrix} \\
 &= \begin{pmatrix} \frac{m\beta}{(m+g)}(p-1) & -m-g \\ \frac{m\beta}{(m+g)}(1-p) - m & 0 \end{pmatrix}.
 \end{aligned}$$

La trace et le déterminant de cette matrice sont donnés par :

$$\begin{aligned}
 \det J_{(S'_1, I'_1)} &= \lambda_1 \lambda_2 \\
 &= (m+g) \left(\frac{m\beta}{(m+g)}(1-p) - m \right) \\
 &= m\beta - m\beta p - m^2 - mg \\
 &= m[(\beta - m - g) - \beta p].
 \end{aligned}$$

et

$$\begin{aligned}
 \text{tr} J_{(S'_1, I'_1)} &= \lambda_1 + \lambda_2 \\
 &= \frac{m\beta}{(m+g)}(p-1).
 \end{aligned}$$

Pour $p > p_c$, dans ce cas $\det J_{(S'_1, I'_1)} < 0$ et par suite le point d'équilibre endémique $E'_1 = (S'_1, I'_1)$ est instable.

III.3 Application de la vaccination par pulsation au modèle SIR

La stratégie de la vaccination par pulsation (PVS) est une méthode utilisée pour éradiquer une épidémie en vaccinant à plusieurs reprises un groupe à risque, sur une tranche d'âge définie, jusqu'à ce que la propagation du pathogène soit stoppée.

On prend comme hypothèse une maladie qui confère une immunité de longue durée, on modélise

ainsi le développement d'une épidémie dans une population par

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = (1-p)m - \beta IS - mS, \\ \frac{dI}{dt} = \beta IS - mI - gI, \\ S(t_n) = (1-p)S(t_n^-), \\ t_{n+1} = t_n + T, \end{array} \right. \quad (\text{III.7})$$

avec $n \in N$, et T la période de vaccination, et t_n le temps où on va appliquer la $n^{\text{ème}}$ impulsion, et t_n^- le temps juste avant l'application de la $n^{\text{ème}}$ impulsion.

III.3.1 Recherche de la solution périodique du modèle sans maladie

En absence de la population infectieuse, les susceptibles suit la dynamique suivante

$$\frac{dS}{dt} = m - mS. \quad (\text{III.8})$$

On applique la méthode de séparation des variables, on obtient :

$$S(t) = 1 - ke^{-mt}, \quad t_n \leq t < t_{n+1}.$$

Pour $t = t_n$, on a

$$S(t_n) = 1 - ke^{-mt_n},$$

et de là, on détermine la constante k

$$k = [1 - S(t_n)]e^{mt_n},$$

d'où

$$S(t) = 1 + (S(t_n) - 1)e^{-m(t-t_n)}.$$

D'après (III.8) et la formule d'impulsions on résulte la formule suivante :

$$S(t) = \begin{cases} Q(t) = 1 + (S(t_n) - 1)e^{-m(t-t_n)}, & t_n \leq t < t_{n+1} \\ (1-p)Q(t), & t = t_{n+1} \end{cases} \quad (\text{III.9})$$

Notons que $S(t_n)$ est le nombre des susceptibles S immédiatement après la $n^{\text{ème}}$ impulsion de la vaccination, donc on peut la considérer comme étant la condition initiale de l'équation (III.8)

dans l'intervalle $[t_n; t_{n+1})$. La condition initiale peut passer d'un intervalle de pulsation à un autre.

Posons $S_n = S(t_n)$,

alors on a la formule de récurrence suivante

$$S_{n+1} = F(S_n) ,$$

on obtient

$$F(S_n) = (1 - p)[1 + (S_n - 1)e^{-m(t_{n+1} - t_n)}],$$

d'où

$$F(S_n) = (1 - p)[1 + (S_n - 1)e^{-mT}].$$

Sachant que la fonction F est une fonction qui détermine la taille des susceptibles juste après chaque vaccination.

Pour que F admette un point fixe, il faut vérifier que F est une fonction contractante.

On a

$$\begin{aligned} \|F(S_n) - F(S'_n)\| &= \|(1 - p)[1 + (S_n - 1)e^{-mT}] - (1 - p)[1 + (S'_n - 1)e^{-mT}]\| \\ &= (1 - p)e^{-mT} \|S_n - S'_n\| \\ &\leq e^{-mT} \|S_n - S'_n\|. \end{aligned}$$

D'où F est contractante, alors d'après le théorème de Banach F admet un point fixe unique S^* tel que $S^* = F(S^*)$.

Alors, on a

$$S^* = (1 - p)[1 + (S^* - 1)e^{-mT}],$$

qui implique

$$S^*(p - 1 + e^{mT}) = (1 - p)(e^{mT} - 1),$$

donc

$$S^* = \frac{(1 - p)(e^{mT} - 1)}{(p - 1 + e^{mT})}.$$

Donc, on obtient l'expression de solution périodique sans maladie donnée par :

$$\tilde{S}(t) = \begin{cases} 1 + \frac{pe^{mT}}{1 - e^{mT} - p} e^{-m(t - t_n)} & t_n \leq t < t_{n+1}, \\ S^* & t = t_{n+1}, \end{cases} \quad (\text{III.10})$$

et

$$\tilde{I}(t) = 0.$$

III.3.2 Stabilité de la solution périodique

Dans cette section, on va étudier la stabilité de la solution périodique $(\tilde{S}(t), 0)$, pour cela on pose

$$\begin{cases} S(t) = \tilde{S}(t) + s(t), \\ I(t) = \tilde{I}(t) + i(t), \end{cases}$$

tel que s est une perturbation des susceptibles et i est une perturbation des infectés.

On a

$$\begin{cases} s(t) = S(t) - \tilde{S}(t), \\ i(t) = I(t) - \tilde{I}(t), \end{cases} \quad (\text{III.11})$$

en dérivant les équations du système (III.11) par rapport à t , on obtient

$$\begin{cases} \frac{ds}{dt} = \frac{dS}{dt} - \frac{d\tilde{S}}{dt}, \\ \frac{di}{dt} = \frac{dI}{dt} - \frac{d\tilde{I}}{dt}, \end{cases}$$

puisque (\tilde{S}, \tilde{I}) est une solution, donc elle vérifie le système suivant :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = m - (\beta I + m)S, \\ \frac{dI}{dt} = \beta IS - (m + g)I, \end{cases} \quad (\text{III.12})$$

par des indemnisation et des simplifications, le système (III.12) devient

$$\begin{cases} \frac{ds}{dt} = -\beta i \tilde{S} - ms, \\ \frac{di}{dt} = (\beta \tilde{S} - m - g)i. \end{cases} \quad (\text{III.13})$$

D'après la formule des impulsions et la première équation du système (III.11) on trouve

$$s(t_n) = S(t_n) - \tilde{S}(t_n), \quad (\text{III.14})$$

d'après des indemnisation, on trouve

$$s(t_n) = (1 - p)s(t_n^-), \quad t_{n+1} = t_n + T.$$

On a

$$\frac{di}{dt} = (\beta\tilde{S} - m - g)i,$$

alors

$$\int_{i(t_n)}^{i(t_{n+1})} \frac{di}{i} = \int_{t_n}^{t_{n+1}} (\beta\tilde{S} - m - g)dt,$$

ce qui implique

$$i(t_{n+1}) = i(t_n)e^{\int_{t_n}^{t_{n+1}} (\beta\tilde{S}(t) - m - g)dt},$$

Afin que le nombre des infectés diminue il faut que

$$\int_{t_n}^{t_{n+1}} (\beta\tilde{S}(t) - m - g)dt < 0,$$

pour cela

$$\beta \int_{t_n}^{t_{n+1}} \tilde{S}(t)dt - \int_{t_n}^{t_{n+1}} (m + g)dt < 0,$$

alors

$$\beta \int_{t_n}^{t_{n+1}} \tilde{S}(t)dt < (m + g)(t_{n+1} - t_n),$$

qui implique

$$\int_{t_n}^{t_{n+1}} \tilde{S}(t)dt < \frac{m + g}{\beta}T,$$

par conséquent, le nombre des infectés réduit si :

$$\frac{1}{T} \int_{t_n}^{t_{n+1}} \tilde{S}(t)dt < \frac{m + g}{\beta},$$

puisque $\tilde{S}(t)$ est une solution périodique, on a :

$$\int_{t_n}^{t_{n+1}} \tilde{S}(t)dt < \int_0^T \tilde{S}(t)dt,$$

d'où on trouve la condition de stabilité suivante

$$\frac{1}{T} \int_0^T \tilde{S}(t)dt < \frac{m + g}{\beta}. \quad (\text{III.15})$$

On calcule l'intégrale de la solution $\tilde{S}(t)$ entre 0 et T .

$$\begin{aligned} \int_0^T \tilde{S}(t) dt &= \int_0^T 1 + \frac{pe^{mT}}{1 - e^{mT} - p} e^{-m(t-t_n)} dt \\ &= T - \frac{pe^{mt_n} - pe^{mt_{n+1}}}{m(1 - e^{mT} - p)} \\ &= T - \frac{pe^{mt_n}(1 - e^{mT})}{m(1 - e^{mT} - p)} \\ &= \frac{(p - mT)(1 - e^{mT}) + mpT}{m(e^{mT} + p - 1)}. \end{aligned}$$

De (III.15) on trouve

$$\frac{(p - mT)(1 - e^{mT}) + mpT}{mT(e^{mT} + p - 1)} \leq \frac{m + g}{\beta}. \quad (\text{III.16})$$

Donc si la condition (III.16) est vérifiée, alors la solution périodique (\tilde{S}, \tilde{I}) est localement stable.

III.3.3 Calcul de la période maximale T_{max} de vaccination

On a la condition de stabilité (III.16).

On fait de développement de Taylor d'ordre 1 sur la fonction exponentielle, on trouve

$$\frac{(p - mT)(1 - 1 - mT) + mpT}{mT(1 + mT + p - 1)} \leq \frac{m + g}{\beta},$$

ce qui implique

$$\frac{-mT(p - mT) + mpT}{mT(p + mT)} \leq \frac{m + g}{\beta},$$

alors

$$\frac{mT}{p + mT} \leq \frac{m + g}{\beta},$$

pour cela

$$mT \left(1 - \frac{m + g}{\beta}\right) \leq \frac{p(m + g)}{\beta},$$

donc

$$mT \leq \frac{p(m + g)}{\beta - m - g},$$

Ce qui nous permet d'écrire

$$e^{mT} \leq 1 + \frac{p(m + g)}{\beta - m - g},$$

par conséquent

$$T_{max} \leq \frac{1}{m} \ln \left(1 + \frac{p(m + g)}{\beta - m - g} \right).$$

D'où T_{max} est l'expression de la période maximale, pour laquelle la solution soit stable.

Conclusion et perspectives

Dans ce travail, on a développé un modèle épidémiologique *SIR* pour fournir des outils aux personnels médicales et la santé publique, afin de leur permettre de formuler des politiques efficaces pour combattre la propagation de la maladie

Notre travail est composé en trois chapitres, dans le deuxième chapitre on a étudié le cas d'une maladie infectieuse décrite par un modèle SIR sans vaccination. Nous avons consacré une partie de notre travail à un concept central en épidémiologie : le taux de reproduction de base. Ensuite on a présenté des résultats principaux pour la stabilité locale des points d'équilibres sans maladie et endémique, et la stabilité globale du point d'équilibre sans maladie.

Dans le troisième chapitre en premier lieu on a étudié le modèle épidémiologique *SIR* avec vaccination constante ensuite la vaccination par pulsation pour mener à l'éradication des maladies, en traitant les conditions nécessaire voir la stabilité de la solution périodique sans maladie et la période maximale.

Dans le future, notre étude peut être complété par des recherches qui englobent la stabilité globale du point d'équilibre endémique, et des simulation numérique.

Bibliographie

- [1] H. AMANN, *Ordinary differential equations : model building, An introduction to non-linear Analysis, Walter de Gruyter, Berlin. New York, 1990.*
- [2] AUGER, P., LETT, C., AND POGGIALE, J. *Modélisation mathématique en écologie : cours et exercices corrigés.*
- [3] T.A.BUNTON. *Stability and periodic solutions of ordinary and functional differential equations.* Academic Press, inc **1985.**
- [4] DR CATHERINE ARNAUD. *METHODOLOGIE GENERALE DE LA RECHERCHE EPIDEMIOLOGIQUE :LES ENQUETES EPIDEMIOLOGIQUES.* Faculté de Médecine de Toulouse Purpan et Toulouse Rangueil.
- [5] DANG-VU, H., AND DELCARTE, C. *Bifurcations et chaos : une introduction à la dynamique contemporaine avec des programmes en Pascal, Fortran et Mathematica.* Ellipses, **2000.**
- [6] J.P. DENAILLY, *Analyse Numérique et Équations différentielles,* Collection Grenoble Sciences, France, **2006.**
- [7] O.DIEKMANN, J. A. P. H., AND METZ, J. A. J. *On the definition and the computation of the basic reproduction ratio r_0 in models for infectious diseases in heterogeneous populations.,* J.Math. Biol., **1990.**
- [8] DIEUDONNE.,J. *Éléments d'analyse. tome i.fondements de l'analyse moderne.* 3^{ème} édition. Paris Gauthier-Villars **1979.**
- [9] M.EUGENE. *Dynamical Systems in Neuroscience - the geometry of Excitability and Bursting.* (Computation Neuroscience)-The MIT Press, **2006.**
- [10] FRANCOISE., J.-P. *Oscillations en biologie. analyse qualitative et modèles.* Laboratoire J.-Lions, UMR 7598 CNRS. Université P.-M. Curie, Paris VI. **2000.**
- [11] A. GRANAS, J. DUGUNDJI *Fixed Point Theory,* Springer-Verlag, New York, **2003.** Sciences, 99, Springer-Verlag, New York, **1993.**
- [12] M.W.HIRSCH, S.SMALE *Differential equations, Dynamical systems and linear algebra,* *Pure and Applied Mathematics,* vol XI, Academic Press, **1974.**

- [13] JACK K.HALE, H. *Dynamics and bifurcations*. (Research in Criminology)-Springer-Verlag, **1991**.
- [14] LASALLE,J. *Stability theory for ordinary differential equations*. *J.Differ. Equations* **1968**.
- [15] LASALLE,J.P. *the Stability of dynamical systems, society for industrial and applied mathematics, philadelphia, pa.,. Regional conference Series in Applied Mathematics*. **1976**.
- [16] X. LIAO, L. WANG, P. YU, *Stability of Dynamical Systems*. Elsevier, première édition, **2007**.
- [17] LINDA J.S.ALLEN ET P. VAN DEN DRIESSCHE. *The Basic Reproduction Number in Some Discrete-Time Epidemic Models* **2008** Journal of Difference Equations and Applications, Vol.14 pp 1127-46.
- [18] MOULAY, E. *Stabilité des équations différentielles ordinaires*.
- [19] V. MÜLLER, *Spectral Theory of Linear Operators and Spectral Systems in Banach Algebras*, Institute of Mathematics Czech Academy of Sciences, **2000**.
- [20] MUSTAFA.R.S.KULENOVIC, O. M. *Discrete Dynamical Systems and Difference Equations with Mathematica*. -chapman and Hall-CRC, **2002**.
- [21]] PERKO, L. *Differential equations and dynamical systems*, vol. 7. Springer Science Business Media, **2013**.
- [22] T.SARI *Introduction aux systèmes dynamiques et application à un modèle cosmologique*.
- [23] D.R. SMART, *Fixed point theory*, Combridge Uni. Press, Combridge **1974**.
- [24] G. THOMAS, M. YOR ET P. YVES BOELLE, *L'épidémiologie Humaine, Conditions de son développement en France, et rôle des mathématiques*, Académie des sciences, **2006**.
- [25] YVES MORIN. *PETIT LAROUSSE DE LA MÉDECINE*, France juin **2003**.p :317.
- [26] Y.ZHOU, *Basic Theory of Fractional Differential Equations*, World Scientific, New Jersey, **2014**.