Université de Montréal

Modèle épidémiologique multigroupe pour la transmission de la COVID-19 dans une résidence pour personnes âgées

par

Jean François Ndiaye

Département de mathématiques et de statistique Faculté des arts et des sciences

Mémoire présenté en vue de l'obtention du grade de Maître ès sciences (M.Sc.) en mathématiques appliquées

November 24, 2021

 $^{\odot}$ Jean François N
diaye, 2021

Université de Montréal

Faculté des arts et des sciences

Ce mémoire intitulé

Modèle épidémiologique multigroupe pour la transmission de la COVID-19 dans une résidence pour personnes âgées

présenté par

Jean François Ndiaye

a été évalué par un jury composé des personnes suivantes :

Morgan Craig (président-rapporteur)

Jacques Bélair (directeur de recherche)

Guillaume Lajoie

(membre du jury)

Résumé

Dans ce mémoire, nous considérons un modèle épidémiologique multigroupe dans une population hétérogène, pour décrire la situation de l'épidémie de la COVID-19 dans une résidence pour personnes âgées. L'hétérogénéité liée ici à l'âge reflète une transmission élevée dûe à des interactions accrues, et un taux de mortalité plus élevé chez les personnes âgées. Du point de vue mathématique, nous obtenons un modèle SEIR multigroupe d'équations intégro-différentielles dans lequel nous considérons une distribution générale de la période infectieuse. Nous utilisons la méthode des fonctions de Lyapunov et une approche de la théorie des graphes pour déterminer le rôle du nombre de reproduction de base \mathcal{R}_0 : l'état d'équilibre sans maladie est globalement asymptotiquement stable et l'épidémie s'éteint dans les deux groupes lorsque $\mathcal{R}_0 \leq 1$, par contre elle persiste et l'état d'équilibre endémique est globalement asymptotiquement stable lorsque $\mathcal{R}_0 > 1$. Les simulations numériques illustrent l'impact des stratégies de contrôle de la santé publique.

Mots-clés : Modèle épidémiologique SEIR, multigroupe, COVID-19, équations intégrodifférentielles, fonctions de Lyapunov, théorie des graphes, nombre de reproduction de base \mathcal{R}_0 , stabilité globale asymptotique, simulations numériques.

Abstract

In this thesis, we consider a multiple group epidemiological model in a heterogeneous population to describe COVID-19 outbreaks in an elderly residential population. Age-based heterogeneity reflects higher transmission with enhanced interactions, and higher fatality rates in the elderly. Mathematically, we analyse a SEIR model in the form of a system of integro-differential equations with general distribution function for the infectious period. Lyapunov functions and graph-theoretical methods are employed to establish the role played by the basic reproduction ratio \mathcal{R}_0 : global asymptotic stability of the disease-free equilibrium and no sustained outbreak when $\mathcal{R}_0 \leq 1$, as opposed to persistent outbreak and globally asymptotic endemic equilibrium when $\mathcal{R}_0 > 1$. Numerical simulations are presented to illustrate public health control strategies.

Keywords : Epidemiological SEIR model, multiple group, COVID-19, integrodifferential equations, Lyapunov fonctions, graph-theoretical, basic reproduction ratio \mathcal{R}_0 , global asymptotic stability, numerical simulations.

Table des matières

Résumé	5
Abstract	7
Liste des tableaux	11
Liste des figures	13
Liste des sigles et des abréviations	15
Remerciements	17
Introduction	19
Chapitre 1. Description du modèle	21
1.1. Modèle compartimental	21
1.2. Equations intégrales	23
Chapitre 2. Existence, unicité et positivité des solutions	27
Chapitre 3. Conditions d'une épidémie sous contrôle	31
3.1. Calcul du nombre de reproduction de base \mathcal{R}_0	31
3.2. Existence, unicité et stabilité du point d'équilibre sans maladie	33
Chapitre 4. Etude de la dynamique du système lorsque $\mathcal{R}_0 > 1 \dots \dots $	37
4.1. Existence et unicité du point d'équilibre endémique	39
4.2. Stabilité du point d'équilibre endémique	44
Chapitre 5. Résultats numériques	47
5.1. Estimation des paramètres	47
5.2. Cas d'une distribution constante	49
Chapitre 6. Conclusion	53

Référen	ces t	bibliographiques	55
Annexe	А.	Préliminaires sur la théorie des graphes	57
A.1.	Défi	nitions	57
A.2.	Thé	prème de Kirchhoff	58
Annexe	в.	Quelques définitions utiles	59

Liste des tableaux

5.1 Choix des paramètres du modè	e 49
----------------------------------	------

Liste des figures

1.1	Représentation des différents compartiments du modèle	22
5.1	Estimations du taux de contact moyen journalier par phase d'application des mesures en Ontario, Canada [13]	48
5.2	Estimations du pourcentage d'individus symptomatiques diagnostiqués et de la susceptibilité à l'infection en Ontario, Canada [13]	48
5.3	Courbes cumulées de la population infectée des deux groupes d'âge	50
5.4	Figure comparative du nombre d'infectés de chaque groupe d'âge durant les deux périodes	50

Liste des sigles et des abréviations

COVID-19	Maladie à coronavirus 2019
CHSLD	Centre d'hébergement et de soins de longue durée
RPA	Résidence privée pour aînés
VIH	Virus de l'immunodéficience humaine
SIDA	Syndrôme d'immunodéficience acquise
OMS	Organisation mondiale de la santé

Remerciements

Je tiens tout d'abord à remercier mon directeur de recherche, Jacques Bélair, pour son encadrement, ses conseils et orientations, pour toutes les connaissances qu'il m'a transmises, et pour son soutien financier qui m'a permis de mieux me concentrer dans mes études.

Je remercie aussi tous mes professeurs du département de mathématiques et de statistique pour leur initiation dans ce domaine stimulant et passionnant des mathématiques biomédicales.

Je voudrai aussi remercier très sincèrement mon oncle Jean Baptiste Faye pour tout le soutien qu'il accorde à mes études, ses conseils et ses encouragements, merci infiniment.

Un grand merci à toutes les membres de ma famille sans exception qui m'ont soutenu durant toutes ces années, à mes amis et mes proches.

Enfin je dis merci à tout ceux qui ont participé à la réalisation de ce travail.

Introduction

L'expansion de l'épidémie de la COVID-19 a incité la plupart des pays à mettre en oeuvre des stratégies de contrôle. Ces stratégies permettent de réduire ou d'arrêter la propagation rapide du virus surtout au sein des résidences pour ainés (CHSLD, RPA,...), où l'on rencontre d'inombrables dégats tels qu'une mortalité plus accrue chez les plus âgés (65 ans et plus). Tant du point de vue mathématique comme épidémiologique, les modèles multigroupes ont été proposés dans la littérature pour décrire les dynamiques de transmission des maladies infectieuses dans des populations hétérogènes [1, 7, 11, 16]. L'hétérogénéité dans une population hôte peut être dûe à plusieurs facteurs. La population peut être divisée en groupes selon la différence des modes de contacts, comme ceux que l'on retrouve entre les enfants et les adultes pour la rougeole et les oreillons, ou selon un nombre distinct de partenaires sexuels pour les maladies sexuellement transmissibles et le VIH/SIDA [8, 16]. Les groupes peuvent aussi être constitués de façon géographique, tels que les communautés, les villes et les pays, ou épidémiologique pour inclure la différence des infectivités ou la co-infection de plusieurs souches de l'agent pathogène. Les modèles multigroupes peuvent également être utilisés pour étudier les maladies infectieuses à hôtes multiples telles que le virus du Nil occidental et les maladies à transmission vectorielle telles que le paludisme. Dans le cas de notre étude, les dynamiques de transmission de la maladie sont différentes dans les deux classes d'âge, la classe "jeune" et la classe "agée", du fait de la différence des interactions entre individus de chaque classe. Aussi, l'incidence et la mortalité causées par la maladie ne sont pas les mêmes dans les deux groupes.

L'une des préoccupations majeures dans l'étude des maladies infectieuses est d'évaluer la capacité d'une maladie à envahir une population. Beaucoup de modèles épidémiologiques admettent un état d'équilibre sans maladie dans lequel la population demeure à l'absence de maladie. Ces modèles ont pour la plupart un paramètre de seuil connu sous le nom de nombre de reproduction de base, \mathcal{R}_0 , tel que si $\mathcal{R}_0 < 1$, alors l'état d'équilibre sans maladie est localement asymptôtiquement stable, et la maladie ne pourra pas se propager dans la population, mais si $\mathcal{R}_0 > 1$, alors l'état d'équilibre sans maladie est instable et l'invasion est toujours possible [3]. En d'autres termes le nombre de reproduction de base \mathcal{R}_0 est défini comme étant le nombre d'infections secondaires espérées que peut produire un individu infecté dans une population entièrement constituée d'individus susceptibles. Ce nombre est crutial pour décrire la dynamique d'une épidémie et pour suggérer des stratégies de contrôle.

Notre objectif est d'établir un modèle multigroupe capable de décrire et de prédire la situation de la COVID-19 au sein des résidences pour personnes âgées. Notre modèle aura la particularité de considérer une distribution générale de la période infectieuse afin de mieux saisir l'impact de cette durée de l'infection sur les dynamiques de transmission. Ainsi, nous pourrons tester l'efficacité de certaines stratégies de contrôle de l'épidémie telles que la distanciatiation sociale, l'isolement et l'utilisation de matériels de protection qui vise à réduire les interactions susceptibles de transmettre la maladie, mais aussi certaines interventions pharmaceutiques comme l'utilisation de médicaments capables d'améliorer la condition du patient et donc de réduire la durée de l'infection.

La première partie de notre étude est consacrée à la description du modèle. Nous définissons les différents compartiments du modèle puis formulons les hypothèses de sa mise en oeuvre. Le système d'équations intégro-différentielles décrivant le modèle est obtenu à partir de la formulation des équations intégrales dans *Hethcote et Tudor* [9]. Dans le chapitre 2, nous justifions la nature de problème bien posé de notre système en se servant d'un résultat classique dans *Miller* [14]. Nous montrons aussi la positivité des solutions du système et le fait qu'elles sont uniformément bornées. Ensuite, dans la troisième partie, nous déterminons le nombre de reproduction de base \mathcal{R}_0 par la méthode de la matrice de nouvelle génération [3, 2], puis nous étudions le comportement du système lorsque $\mathcal{R}_0 \leq 1$. Les résultats traduisent que l'épidémie va s'éteindre lorsque $\mathcal{R}_0 \leq 1$. Maintenant dans le cas où $\mathcal{R}_0 > 1$, que l'on traite dans le chapitre 4, nous montrons l'existence et l'unicité d'un unique point d'équilibre endémique pour le système et que ce point endémique est globalement asymptôtiquement stable. L'epidémie persiste alors dans ce cas. Les preuves de la stabilité globale des points d'équilibre du système utilisent la méthode des fonctions de Lyapunov qui sont motivées par les travaux dans [11, 16], combinées avec une approche de la théorie des graphes pour les systèmes à grande échelle basée sur le théorème de l'arbre matriciel de Kirchhoff [4]. Finalement, nous présentons dans le chapitre 5 quelques résultats de simulations numériques en considérant une distribution constante de la période infectieuse. Nous utilisons des données liées à une structuration par âge de l'épidémie de la COVID-19 en Ontario, Canada [13]. Ces données fournissent des informations sur les variations du taux de contacts moyens par personne suivant différentes phases d'application des mesures de distanciation annocées par la santé publique, et aussi pour chaque tranche d'âge la probabilité de transmission par contact susceptible avec un individu infecté.

Chapitre 1

Description du modèle

On se propose d'étudier la situation de l'épidémie de la COVID-19 dans les résidences pour ainés (RPA, CHSLD,...). Nous considérons que la population totale dans ces résidences est répartie en deux classe d'âge : la classe "jeune" d'indice 1 (moins de 65 ans) et la classe "âgée" d'indice 2 (65 ans et plus). Nous supposons que l'ensemble des membres du personnel médical constituent la population "jeune" et les personnes internées, les ainés, la population "âgée". Cette répartition en âge permet de mieux considérer l'interaction entre les groupes d'âge, ce qui induit des dynamiques de transmission différentes, et aussi permet de mieux représenter la mortalité liée à la COVID-19 chez les personnes les plus à risque (i.e les plus de 65 ans).

1.1. Modèle compartimental

Pour construire le modèle, nous nous servons ici du modèle SEIR standard dans chaque groupe d'âge, et où l'on considère que les individus infectés de chaque groupe peuvent aussi infecter les individus susceptibles de l'autre groupe. La population totale active de chaque groupe d'âge i, N_i , est alors divisée en quatre compartiments tels que $N_i(t) = S_i(t) + E_i(t) + I_i(t) + R_i(t)$, i = 1,2. Les classes S_i , E_i , I_i et R_i représentent respectivement le nombre d'individus susceptibles, exposés (contaminés mais pas encore capable de transmettre la maladie), infectieux et rétablis de chaque groupe i = 1,2. Ici, nous prenons en compte la mobilité au sein des résidences autrement dit les entrées et les sorties des populations dûes par exemple aux congés ou démissions des membres du personnel, leurs remplacements par de nouveaux membres, mais aussi l'hébergement de nouveaux ainés, les décès liés à d'autres maladies ou leurs transferts pour d'autres raisons. Tous les taux représentés ici sont des taux exponentiels. μ_i désigne le taux d'entrée et sortie des populations de la classe i. Nous désignons par σ le taux d'incubation, c'est à dire l'inverse de la période d'incubation (i.e la durée entre l'infection et le moment où l'on devient capable de transmettre la maladie).



Fig. 1.1. Représentation des différents compartiments du modèle.

Aussi, vu que la maladie induit une mortalité très significative chez la population âgée, alors nous représentons par δ_i , i = 1,2, le taux de mortalité dûe à la maladie pour chaque groupe *i*. Ainsi, nous obtenons une population totale variable dans chaque classe d'âge. Nous supposons que les individus rétablis acquièrent une immunité durable et donc il y'a aucun risque de rechute après guérison.

En outre, nous supposons dans ce modèle que les membres du personnel (groupe "jeune") sont asymptomatiques et que les ainés sont quant à eux symptomatiques. Ces considérations sont assez réalistes puisque l'on sait que la majorité des jeunes qui attrapent la maladie ne développent pas de symptômes majeurs, plus de 80% des cas d'après l'OMS, contrairement aux plus agés. Cela simplifie le modèle pour ne pas y introduire un nouveau compartiment de mise en quarantaine, et permet de justifier le maintien de la majorité des employés infectés au sein de la résidence. Un scénario assez réaliste vu qu'il y'a très peu de départs de mise en quarantaine dans les résidences pour personnes âgées.

Toutefois, l'un de nos objectifs majeurs dans cette étude est de mesurer l'impact de la période infectieuse sur la dynamique de transmission du virus. À cet égard, nous considérons ici une distribution générale de la période infectieuse donnée par $P_i(t)$, i = 1,2. $P_i(t)$ représente la probabilité pour un individu de rester infectieux t unités de temps après être devenu infectieux. La figure 1.1 montre les différents compartiments du modèle et leurs interactions.

1.2. Equations intégrales

Nous construisons le modèle à l'aide de la formulation des équations intégrales établies dans [9].

Notons par $P_i(t)$, i = 1,2, les probabilités de rester infectieuse t unité de temps après être devenue infectieuse pour chaque groupe i. Suivant l'évolution naturelle de la maladie, nous supposons que $P_i(t)$ est une fonction positive, décroissante et continue par morceaux avec $P_i(0) = 1$, $P_i(\infty) = 0$.

Soit $I_i(0)$ la population initialement infectée de la classe i. L'équation intégrale du nombres d'infectés $I_i(t)$ de la classe d'âge i est donnée par :

$$I_i(t) = I_i(0)e^{-(\mu_i + \delta_i)t} + \int_0^t \sigma E_i(u)P_i(t-u)e^{-(\mu_i + \delta_i)(t-u)} \, du, \quad i = 1, 2.$$
(1.2.1)

Le premier terme $I_i(0)e^{-(\mu_i+\delta_i)t}$ représente le nombre d'individus initialement infectieux qui sont toujours en vie et infectieux au temps t. Nous voyons bien que ce nombre décroit au cours du temps et tend vers 0 lorsque $t \to \infty$. Ce qui est biologiquement raisonnable puisque soit on guérit ou soit on meurt de la maladie.

 $P_i(t-u)$ est la probabilité de rester infectieux au temps t sachant qu'on l'est devenu au temps u. $e^{-(\mu_i+\delta_i)t}$ désigne la probabilité d'être toujours en vie au temps t > 0 et de rester toujours dans la classe. Le produit de ces deux termes par $\sigma E_i(u)$, puis avec la sommation sur [0, t] donnent le nombre de nouveaux individus infectés au temps t. Ceci correspond au second terme du membre de droite de l'équation (1.2.1).

Une dérivation par rapport à t de l'équation (1.2.1) donne :

$$I'_{i}(t) = -(\mu_{i} + \delta_{i})I_{i}(0)e^{-(\mu_{i} + \delta_{i})t} + \sigma E_{i}(t) - (\mu_{i} + \delta_{i})\int_{0}^{t} \sigma E_{i}(u)P_{i}(t-u)e^{-(\mu_{i} + \delta_{i})(t-u)} du + \int_{0}^{t} \sigma E_{i}(u)d_{t}P_{i}(t-u)e^{-(\mu_{i} + \delta_{i})(t-u)} du$$

C'est-à-dire

$$I'_{i}(t) = \sigma E_{i}(t) - (\mu_{i} + \delta_{i})I_{i}(t) + \int_{0}^{t} \sigma E_{i}(u)e^{-(\mu_{i} + \delta_{i})(t-u)}d_{t}P_{i}(t-u)du$$
(1.2.2)

Nous avons que la population totale active dans chaque groupe i est $N_i(t) = S_i(t) + E_i(t) + I_i(t) + R_i(t)$. Si l'on suppose que $A_i > 0$ est le recruitement constant d'individus du groupe i, μ_i le taux de sortie naturelle et δ_i le taux de mortalité dûe à la maladie, alors le taux de variation de $N_i(t)$ devient :

$$N'_{i}(t) = A_{i} - \mu_{i}N(t) - \delta_{i}I_{i}.$$
(1.2.3)

Ici nous ne prenons pas en compte les cas d'infections importées de l'extérieur qui peuvent être dûes aux visites de familles des aînés ou à la contamination des membres du personnel à partir de l'extérieur. Nous supposons simplement que des restrictions nécessaires ont été prises quant aux visites de familles et aux mouvements des employés. Cette prise en compte des cas importés pourrait être très significative et rendrait le modèle plus réaliste compte tenu des mouvements au début de l'épidémie, mais par contre elle ajouterait plus de complexité au modèle et à son analyse, en rajoutant des taux d'importations ϕ_1 et ϕ_2 dans l'expression de la force de l'infection. Cette force de l'infection de chaque groupe d'âge que l'on note par λ_i , i = 1,2, encore appelée le taux d'infection per capita, est le taux pour lequel les individus susceptibles du groupe i acquièrent l'infection. Elle est définie ici par :

$$\lambda_i(I_i, I_j) = \sum_{j=1}^2 \beta_{ij} I_j, \quad i = 1, 2.$$
(1.2.4)

En d'autres termes, cela signifie que le taux d'infection des individus susceptibles du groupe i dépend du taux de contact avec les infectés de la même groupe i et avec les infectés de l'autre groupes j, et aussi du nombre total d'individus infectés dans les deux classes respectives. β_{ij} est le taux de transmission de la maladie d'un individu infecté de la classe j vers un individu susceptible de la classe i.

Les variations du nombre d'individus susceptibles et exposés sont alors données par :

$$S'_{i}(t) = A_{i} - \sum_{j=1}^{2} \beta_{ij} I_{j}(t) S_{i}(t) - \mu_{i} S_{i}(t),$$

$$E'_{i}(t) = \sum_{j=1}^{2} \beta_{ij} I_{j}(t) S_{i}(t) - (\sigma + \mu_{i}) E_{i}(t).$$
(1.2.5)

Si l'on substitue les équations (1.2.2), (1.2.3) et (1.2.5) dans $R'_i(t) = N'_i(t) - S'_i(t) - E'_i(t)$, nous obtenons :

$$R'_{i}(t) = -\int_{0}^{t} \sigma E_{i}(u) e^{-(\mu_{i}+\delta_{i})(t-u)} d_{t} P_{i}(t-u) \, du - \mu_{i} R_{i}(t).$$
(1.2.6)

Ainsi, le système différentiel qui décrit notre modèle devient :

$$S'_{i} = A_{i} - \sum_{j=1}^{2} \beta_{ij} S_{i} I_{j} - \mu_{i} S_{i}$$

$$E'_{i} = \sum_{j=1}^{2} \beta_{ij} S_{i} I_{j} - (\sigma + \mu_{i}) E_{i}$$

$$I'_{i} = \sigma E_{i} - (\mu_{i} + \delta_{i}) I_{i} + \int_{0}^{t} \sigma E_{i}(u) e^{-(\mu_{i} + \delta_{i})(t-u)} d_{t} P_{i}(t-u) du$$

$$R'_{i} = -\int_{0}^{t} \sigma E_{i}(u) e^{-(\mu_{i} + \delta_{i})(t-u)} d_{t} P_{i}(t-u) du - \mu_{i} R_{i}, \quad i = 1, 2,$$
(1.2.7)

où la population totale de chaque groupe i vérifie :

$$N'_{i} = A_{i} - \mu_{i} N_{i} - \delta_{i} I_{i}, \quad i = 1, 2.$$

Maintenant, la prochaine étape consiste à voir si notre problème (1.2.7) est bien posé du point de vue mathématique et biologique.

Chapitre 2

Existence, unicité et positivité des solutions

La première étape de l'analyse de notre modèle consiste à établir que le problème est bien posé. Autrement dit, nous devons vérifier s'il y'a existence, unicité et dépendance continue des solutions de notre système par rapport à la condition initiale. De plus, puisque nous manipulons des populations donc des quantités positives, nous avons aussi besoin de montrer que les solutions du système demeurent positives lorsqu'on part de conditions initiales positives pour que cela soit biologiquement raisonnable.

Prenons

$$\left(S_1(0), E_1(0), I_1(0), R_1(0), S_2(0), E_2(0), I_2(0), R_2(0)\right) \in \mathbb{R}^8_+$$
(2.0.1)

la condition initiale du système (1.2.7).

Nous pouvons écrire notre système (1.2.7) muni de sa condition initiale (2.0.1) sous la forme :

$$X'(t) = f(t,X(t)) + \int_0^t a(t-u)g(u,X(u))du, \quad X(0) = X_0,$$
(2.0.2)

où

$$X(t) = \left(S_1(t), E_1(t), I_1(t), R_1(t), S_2(t), E_2(t), I_2(t), R_2(t)\right)^T,$$

$$f(t, X(t)) = \begin{pmatrix} A_1 - \sum_{j=1}^2 \beta_{1j} S_1 I_j - \mu_1 S_1 \\ \sum_{j=1}^2 \beta_{1j} S_1 I_j - (\sigma + \mu_1) E_1 \\ \sigma E_1 - (\mu_1 + \delta_1) I_1 \\ \mu_1 R_1 \\ A_2 - \sum_{j=1}^2 \beta_{2j} S_2 I_j - \mu_2 S_2 \\ \sum_{j=1}^2 \beta_{2j} S_2 I_j - (\sigma + \mu_2) E_2 \\ \sigma E_2 - (\mu_2 + \delta_2) I_2 \\ \mu_2 R_2 \end{pmatrix}, \quad g(t, X(t)) = \begin{pmatrix} 0 \\ \sigma E_1(t) \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ \sigma E_2(t) \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix},$$

 et

$$a(t) = \operatorname{diag}\left(e^{(\mu_1 + \delta_1)t} d_t P_1(t), \cdots, \underbrace{e^{(\mu_1 + \delta_1)t} d_t P_1(t)}_{4^{\operatorname{ème}} \operatorname{terme}}, e^{(\mu_2 + \delta_2)t} d_t P_2(t), \cdots, e^{(\mu_2 + \delta_2)t} d_t P_2(t)\right)_{8 \times 8}$$

une matrice carrée diagonale d'ordre 8.

Il est clair que f(t,X) et g(t,X) sont des fonctions continues dans $\mathbb{R}_+ \times \mathbb{R}^8_+$ et de classe C^1 , donc localement lipschitziennes par rapport à X, et que a(t) est une matrice carrée 8×8 de fonctions intégrables. Alors d'après *Miller* ([14], page 338), la classe d'équations intégro-différentielles (2.0.2) admet une unique solution $X(t) = X(t,X_0)$ qui dépend continûment de la condition initiale X_0 .

Maintenant il nous reste à montrer la positivité des solutions de (1.2.7).

Le lemme suivant nous donne ce résultat.

Lemme 2.0.1. Les solutions du système (1.2.7) sont uniformement bornées et l'ensemble admissible

$$\Gamma = \left\{ (S_1, E_1, I_1, R_1, S_2, E_2, I_2, R_2) \in \mathbb{R}^8 \middle| S_i + E_i + I_i + R_i \le \frac{A_i}{\mu_i}, S_i, E_i, I_i, R_i \ge 0, i = 1, 2. \right\}$$

est positivement invariant par rapport à (1.2.7).

DÉMONSTRATION. De la première équation du système (1.2.7) nous avons que $S'_i(t) \leq A_i - \mu_i S_i$. Ce qui implique que $\limsup_{t\to\infty} S_i(t) \leq \frac{A_i}{\mu_i}$ pour tout i = 1,2. En additionnant toutes les 4 équations du système (1.2.7), on obtient :

$$(S_i(t) + E_i(t) + I_i(t) + R_i(t))' = A_i - \mu_i(S_i + E_i + R_i) - (\mu_i + \delta_i)I_i,$$

$$\implies (S_i(t) + E_i(t) + I_i(t) + R_i(t))' \le A_i - \mu_i(S_i + E_i + R_i + I_i).$$

Il s'en suit que :

$$\limsup_{t \to \infty} \left(S_i(t) + E_i(t) + I_i(t) + R_i(t) \right) \le \frac{A_i}{\mu_i},$$

ce qui montre que les solutions du système sont uniformement bornées. Maintenant montrons qu'elles sont aussi positivement invariantes, c'est à dire que les solutions sont positives lorsqu'on part d'une condition initiale positive.

À partir du système (1.2.7) nous obtenons que :

$$S_i' \ge -\sum_{j=1}^2 \beta_{ij} S_i I_j$$

Supposons que $m_i(t) = -\sum_{j=1}^2 \beta_{ij} I_j$ et $v_i = \exp\left(\int_0^t m_i(s) ds\right)$. Alors $v_i(0) = 1$ et $v'_i = m_i(t) v_i(t)$.

Nous avons :

$$S'_{i}(t) \ge m_{i}(t)S_{i},$$

$$\implies S'_{i}v_{i} \ge m_{i}(t)v_{i}S_{i},$$

$$\implies S'_{i}v_{i} - S_{i}v'_{i} \ge m_{i}(t)v_{i}S_{i} - m_{i}v_{i}S_{i},$$

$$S'_{i}v_{i} - S_{i}v'_{i} \ge 0.$$

donc

$$\frac{d}{dt}\left(\frac{S_i}{v_i}\right) = \frac{S'_i v_i - S_i v'_i}{v_i^2} \ge 0.$$

Ce qui implique que $\frac{S_i(t)}{v_i(t)}$ est croissante pour tout $t \ge 0$, et alors :

$$\frac{S_i(t)}{v_i(t)} \ge \frac{S_i(0)}{v_i(0)} \quad \forall t \ge 0.$$

d'où

$$S_i(t) \ge S_i(0) \exp\left(\int_0^t m_i(s) ds\right).$$

Ainsi, si $S_i(0) \ge 0$, alors $S_i(t) \ge 0$ pour tout $t \ge 0$. Ensuite nous obtenons à partir de la deuxième équation du système (1.2.7) que :

$$E'_i \ge -(\sigma + \mu_i)E_i,$$
$$\implies E_i(t) \ge E_i(0)e^{-(\sigma + \mu_i)t}.$$

Si $E_i(0) \ge 0$, alors $E_i(t) \ge 0$ pour tout $t \ge 0$. L'équation intégrale (1.2.1) de $I_i(t)$ donne :

$$I_i(t) = I_i(0)e^{-(\mu_i + \delta_i)t} + \int_0^t \sigma E_i(u)P_i(t-u)e^{-(\mu_i + \delta_i)(t-u)}du.$$

Puisque $E_i(t)$ est positive pour tout $t \ge 0$ alors le terme intégrale est aussi positive. Puis il vient que si $I_i(0) \ge 0$ alors $I_i(t) \ge 0$ pour tout $t \ge 0$.

Pour prouver la positivité de $R_i(t)$, on considère l'équation (1.2.6). Du fait de la décroissance de la probabilité de rester infectieux $P_i(t)$, nous avons que le terme intégrale dans (1.2.6) est positive avec le signe moins. Nous en tirons que :

$$R'_{i}(t) \ge -\mu_{i}R_{i}$$
$$\implies R'_{i}(t) \ge R_{i}(0)e^{-\mu_{i}t}.$$

D'où si $R_i(0) \ge 0$ alors $R_i(t) \ge 0$ pour tout $t \ge 0$. Par suite Γ est positivement invariant.

A présent, puisque R_i , i = 1,2, n'intervient pas dans les trois premières équations de (1.2.7), alors pour l'analyse du modèle nous pouvons découpler le système (1.2.7) et juste

considérer le système réduit suivant :

$$S'_{i} = A_{i} - \sum_{j=1}^{2} \beta_{ij} S_{i} I_{j} - \mu_{i} S_{i}$$

$$E'_{i} = \sum_{j=1}^{2} \beta_{ij} S_{i} I_{j} - (\sigma + \mu_{i}) E_{i}$$

$$I'_{i} = \sigma E_{i} - (\mu_{i} + \delta_{i}) I_{i} + \int_{0}^{t} \sigma E_{i}(u) e^{-(\mu_{i} + \delta_{i})(t-u)} d_{t} P_{i}(t-u) du.$$
(2.0.3)

Soit

$$\Gamma_0 = \left\{ (S_1, E_1, I_1, S_2, E_2, I_2) \in \mathbb{R}^6 \right| S_i + E_i + I_i \le \frac{A_i}{\mu_i}, S_i, E_i, I_i \ge 0, \ i = 1, 2. \right\}$$

l'ensemble admissible de (2.0.3). Comme Γ_0 est un sous ensemble de Γ , il est aussi positivement invariant.

Les résultats de stabilité du système réduit (2.0.3) sont éntendus au système (1.2.7) par la théorie des systèmes asymptotiquement autonomes [17].

Conditions d'une épidémie sous contrôle

Déterminer les conditions d'un seuil de stabilité globale des états d'équilibres est généralement un problème difficile. Dans ce chapitre et dans le chapitre suivant, nous aborderons ce problème pour les modèles (1.2.7) et (4.0.1). Nous démontrerons que \mathcal{R}_0 est le seuil clé dont les valeurs déterminent complètement la dynamique globale des systèmes (1.2.7) et (4.0.1).

3.1. Calcul du nombre de reproduction de base \mathcal{R}_0

Le nombre de reproduction de base, \mathcal{R}_0 , est défini comme étant le nombre d'infections secondaires espérées que peut produire un individu infecté dans une population entièrement constituée d'individus susceptibles.

Nous calculons ce nombre par la méthode de la matrice de nouvelle génération [3]. Pour établir cette méthode, on considère uniquement les compartiments infectés E_i et I_i , i = 1,2. Définissons \mathcal{F}_i comme étant le taux d'apparence de nouvelles infections dans le compartiments i et \mathcal{V}_i le taux de transfert d'individus du compartiment i.

$$\mathcal{F}_{i} = \begin{pmatrix} \sum_{j=1}^{2} \beta_{ij} S_{i} I_{j} \\ 0 \end{pmatrix}$$
$$\mathcal{V}_{i} = \begin{pmatrix} (\sigma + \mu_{i}) E_{i} \\ -\sigma E_{i} - \int_{0}^{t} \sigma E_{i}(u) e^{-(\mu_{i} + \delta_{i})(t-u)} d_{t} P_{i}(t-u) du + (\mu_{i} + \delta_{i}) I_{i} \end{pmatrix}.$$

La matrice de nouvelle génération est donnée par FV^{-1} où

$$F = \left(\frac{\partial \mathcal{F}_i}{\partial x_i}(P_0)\right), \quad V = \left(\frac{\partial \mathcal{V}_i}{\partial x_i}(P_0)\right), \quad x_i = (E_i, I_i).$$

 $P_0 = (S_1^0, 0, 0, 0, S_2^0, 0, 0, 0)$, avec $S_i^0 = \frac{A_i}{\mu_i}$, i = 1, 2, est le point d'équilibre sans maladie du système (1.2.7).

Posons

 et

$$Q_i = -\int_0^\infty e^{-(\mu_i + \delta_i)t} d_t P_i(t) dt, \quad 0 < Q_i < 1.$$

 Q_i représente la proportion d'individus rétablis et qui sont toujours présents dans le compartiment des rétablis.

Notons

$$J_i(t) = -\int_t^\infty e^{-(\mu_i + \delta_i)u} d_u P_i(u) du$$

Alors $J_i(t) \ge 0$, $\forall t \ge 0$ et $J_i(0) = Q_i > 0$. Nous obtenons :

$$F = \begin{pmatrix} 0 & \beta_{11} S_1^0 & 0 & \beta_{12} S_1^0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \beta_{21} S_2^0 & 0 & \beta_{22} S_2^0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}$$

$$V = \begin{pmatrix} (\sigma + \mu_1) & 0 & 0 & 0 \\ -\sigma + \sigma Q_1 & (\mu_1 + \delta_1) & 0 & 0 \\ 0 & 0 & (\sigma + \mu_2) & 0 \\ 0 & 0 & -\sigma + \sigma Q_2 & (\mu_2 + \delta_2) \end{pmatrix}$$

$$FV^{-1} = \begin{pmatrix} \frac{\beta_{11} S_1^0 \sigma}{(\sigma + \mu_1)(\delta_1 + \mu_1)} (1 - Q_1) & \frac{\beta_{11} S_1^0}{\delta_1 + \mu_1} & \frac{\beta_{12} S_1^0 \sigma}{(\sigma + \mu_2)(\delta_2 + \mu_2)} (1 - Q_2) & \frac{\beta_{12} S_1^0}{\delta_2 + \mu_2} \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ \frac{\beta_{21} S_2^0 \sigma}{(\sigma + \mu_1)(\delta_1 + \mu_1)} (1 - Q_1) & \frac{\beta_{21} S_2^0}{\delta_1 + \mu_1} & \frac{\beta_{22} S_2^0 \sigma}{(\sigma + \mu_2)(\delta_2 + \mu_2)} (1 - Q_2) & \frac{\beta_{22} S_2^0}{\delta_2 + \mu_2} \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}.$$

Ainsi le nombre de reproduction de base est donné par le rayon spectral de la matrice de nouvelle génération c'est à dire :

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

Dans notre cas, la matrice FV^{-1} comporte deux lignes constituées uniquement de zéros. D'après [2], nous pouvons chercher à définir une matrice $M(S^0)$ de dimension réduite obtenue à partir de FV^{-1} telle que le rayon spectrale de FV^{-1} soit égale au rayon spectral de $M(S^0)$. Cette nouvelle matrice $M(S^0)$ est appelée matrice de nouvelle génération réduite et nous permet de nous passer des lignes constituées uniquement de zéros. Nous obtenons alors :

$$\rho(FV^{-1}) = \rho(M(S^0)), \quad \text{où} \quad M(S^0) = E^T(FV^{-1})E,$$

avec $E = \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 0 \\ 0 & 1 \\ 0 & 0 \end{pmatrix}$ appelée matrice auxiliaire de réduction.

Après calcul, nous trouvons que :

$$M(S^{0}) = \begin{pmatrix} \frac{\beta_{11}S_{1}^{0}\sigma}{(\sigma+\mu_{1})(\delta_{1}+\mu_{1})}(1-Q_{1}) & \frac{\beta_{12}S_{1}^{0}\sigma}{(\sigma+\mu_{2})(\delta_{2}+\mu_{2})}(1-Q_{2}) \\ \frac{\beta_{21}S_{2}^{0}\sigma}{(\sigma+\mu_{1})(\delta_{1}+\mu_{1})}(1-Q_{1}) & \frac{\beta_{22}S_{2}^{0}\sigma}{(\sigma+\mu_{2})(\delta_{2}+\mu_{2})}(1-Q_{2}) \end{pmatrix},$$

que l'on peut réécrire sous une forme réduite :

$$M(S^{0}) = \left(\frac{\beta_{ij}S_{i}^{0}\sigma}{(\sigma+\mu_{j})(\delta_{j}+\mu_{j})}(1-Q_{j})\right)_{2\times2}, \quad \text{où} \quad S_{i}^{0} = \frac{A_{i}}{\mu_{i}}.$$
(3.1.1)

Par suite :

$$\mathcal{R}_0 = \rho(M(S^0)).$$

3.2. Existence, unicité et stabilité du point d'équilibre sans maladie

Le théorème suivant donne les résultats d'existance, d'unicité et de stabilité du point d'équilibre sans maladie suivant la valeur de \mathcal{R}_0 .

Théorème 3.2.1. Supposons que $B = (\beta_{ij})_{2\times 2}$ est irréductible. Alors nous avons les résultats suivants :

- (1) Si $\mathcal{R}_0 \leq 1$ alors $P_0 = (S_1^0, 0, 0, 0, S_2^0, 0, 0, 0)$ est l'unique point d'équilibre du système (1.2.7) et il est globalement asymptotiquement stable dans Γ_0 .
- (2) Si $\mathcal{R}_0 > 1$, alors P_0 est instable.

DÉMONSTRATION. Nous montrons d'abord que P_0 est l'unique point d'équilibre du système (1.2.7) dans Γ_0 lorsque $\mathcal{R}_0 \leq 1$.

Notons $S = (S_1, S_2)^T$, $S^0 = (S_1^0, S_2^0)^T$, $P_0^{R'} = (E_1, I_1, E_0, I_0)$ et M(S) la matrice de nouvelle génération réduite de $FV^{-1}(S)$, avec

$$M(S) = \left(\frac{\beta_{ij}S_i\sigma}{(\sigma+\mu_j)(\delta_j+\mu_j)}(1-Q_j)\right)_{2\times 2}$$

On a : $0 \leq S_i \leq S_i^0$ pour tout i = 1, 2, et donc $0 \leq M(S) \leq M(S^0)$. Et si $S \neq S^0$, alors $M(S) < M(S^0)$.

D'autre part, puisque $B = (\beta_{ij})_{2\times 2}$ est irreductible, alors M(S) et $M(S^0)$ sont aussi irréductible. De plus $M(S) + M(S^0)$ est aussi irréductible. Il s'en suit d'après le théorème de Perron-Frobenius [5] (voir Annexe B) que $\rho(M(S)) < \rho(M(S^0))$ lorsque $S \neq S^0$. Si $\mathcal{R}_0 \leq 1$ et $S \neq S^0$, on obtient alors que $\rho(M(S)) < 1$, puisque $\mathcal{R}_0 = \rho(M(S^0))$. Et comme M(S) est la matrice de nouvelle génération réduite, ceci implique que :

$$\rho(FV^{-1}(S)) = \rho(M(S)) < 1.$$

Ainsi, l'équation d'équilibre $FV^{-1}(S)P_0^{R'} = P_0^{R'}$ admet uniquement la solution triviale $P_0^{R'} = 0$. D'où le point d'équilibre sans maladie est l'unique point d'équilibre du système lorsque $\mathcal{R}_0 \leq 1$.

Maintenant, nous allons prouver que P_0 est globalement asymptotiquement stable dans Γ_0 par la méthode des fonctions de Lyapunov.

Considérons le système réduit (2.0.3). Nous allons montrer que le point d'équilibre sans maladie $P_0^R = (S_1^0, 0, 0, S_2^0, 0, 0)$ du système réduit (2.0.3) est globalement stable puis étendre ce résultat au système (1.2.7) par la théorie des systèmes asymptotiquement autonomes.

Comme $M(S^0)$ est positive et irréductible, alors d'après [5] (voir Annexe B), $M(S^0)$ admet un vecteur propre à gauche strictement positive (w_1, w_2) qui est associé au rayon spectrale $\mathcal{R}_0 = \rho(M(S^0))$ tel que :

$$(w_1, w_2)\rho(M(S^0)) = (w_1, w_2)M(S^0), \text{ où } w_1, w_2 > 0.$$

Soit

$$c_i = \frac{w_i}{(\sigma + \mu_i)(\delta_i + \mu_i)}, \quad i = 1,2$$

Considérons une fonction de Lyapunov du système (2.0.3):

$$L = \sum_{i=1}^{2} c_{i} \left[(1 - Q_{i}) \left(S_{i} - S_{i}^{0} - S_{i}^{0} \ln \frac{S_{i}}{S_{i}^{0}} \right) + \sigma (1 - Q_{i}) E_{i} + (\sigma + \mu_{i}) I_{i} + \sigma (\sigma + \mu_{i}) \int_{0}^{t} J_{i}(u) E_{i}(t - u) du \right]$$

Il est clair que $L \ge 0$, et que L = 0 si et seulement si $S_i = S_i^0$, $E_i = 0$, $I_i = 0$ pour tout i = 1, 2, c'est-à-dire que P_0^R est solution.

La dérivée par rapport à $t de \int_0^t J_i(u) E_i(t-u) du$ au moyen d'un changement de variables et d'une intégration par partie nous donne :

$$\begin{aligned} \frac{\partial}{\partial t} \left(\int_0^t J_i(u) E_i(t-u) du \right) &= J_i(t) E_i(0) + \int_0^t J_i(u) \frac{\partial}{\partial t} E_i(t-u) du \\ &= -\int_0^t J_i(u) \frac{\partial}{\partial u} E_i(t-u) du \\ &= \left[-J_i(u) E_i(t-u) \right]_{u=0}^t + \int_0^t E_i(t-u) e^{-(\delta_i + \mu_i)u} d_u P_i(u) du \\ &= Q_i E_i(t) + \int_0^t E_i(t-u) e^{-(\delta_i + \mu_i)u} d_u P_i(u) du. \end{aligned}$$

Soit $I = (I_1, I_2)^T$.

La dérivation de L le long de la solution du système (2.0.3) donne :

$$\begin{aligned} \frac{dL}{dt}\Big|_{(2.0.3)} &= \sum_{i=1}^{2} c_{i} \Big[((1-Q_{i})\Big(A_{i}-\mu_{i}S_{i}-\sum_{j=1}^{2}\beta_{ij}S_{i}I_{j}-A_{i}\frac{S_{i}^{0}}{S_{i}}+\mu_{i}S_{i}^{0}+\sum_{j=1}^{2}\beta_{ij}S_{i}^{0}I_{j}\Big) \\ &+ \Big(\sum_{j=1}^{2}\beta_{ij}S_{i}\sigma(1-Q_{i})I_{j}-\sigma(\sigma+\mu_{i})(1-Q_{i})E_{i}\Big) \\ &+ \Big(\sigma(\sigma+\mu_{i})E_{i}+\sigma(\sigma+\mu_{i})\int_{0}^{t}E_{i}(u)e^{-(\delta_{i}+\mu_{i})(t-u)}d_{t}P_{i}(t-u)du - (\sigma+\mu_{i})(\delta_{i}+\mu_{i})I_{i}\Big) \\ &+ \Big(\sigma(\sigma+\mu_{i})Q_{i}E_{i}-\sigma(\sigma+\mu_{i})\int_{0}^{t}E_{i}(u)e^{-(\delta_{i}+\mu_{i})(t-u)}d_{t}P_{i}(t-u)du\Big)\Big] \\ &= \sum_{i=1}^{2} c_{i}\left[(1-Q_{i})\mu_{i}S_{i}^{0}\Big(2-\frac{S_{i}}{S_{i}^{0}}-\frac{S_{i}^{0}}{S_{i}}\Big) + (1-Q_{i})\sum_{j=1}^{2}\beta_{ij}S_{i}^{0}I_{j} - (\sigma+\mu_{i})(\delta_{i}+\mu_{i})I_{i}\Big] \\ &\leq \sum_{i=1}^{2}\frac{w_{i}}{(\sigma+\mu_{i})(\delta_{i}+\mu_{i})}\left[\sum_{j=1}^{2}\beta_{ij}S_{i}^{0}\sigma(1-Q_{i})I_{j} - (\sigma+\mu_{i})(\delta_{i}+\mu_{i})I_{i}\right], \quad \text{car} \quad 2-\frac{S_{i}}{S_{i}^{0}}-\frac{S_{i}^{0}}{S_{i}} \leq 0 \\ &\leq (w_{1},w_{2})(M(S^{0})I-I) \\ &\leq (\rho(M(S^{0})) - 1)(w_{1},w_{2})I \leq 0, \quad \text{si} \quad \mathcal{R}_{0} \leq 1. \end{aligned}$$

Soit

$$Y = \left\{ (S_1, E_1, I_1, S_2, E_2, I_2) \mid \frac{dL}{dt} \Big|_{(2.0.3)} = 0 \right\},$$

et Z le plus grand sous ensemble invariant de Y. Montrons que $Z = \left\{ P_0^R = (S_1^0, 0, 0, S_2^0, 0, 0) \right\}$. Si $\mathcal{R}_0 = \rho(M(S^0)) \leq 1$, de l'équation (3.2.1) et $c_i > 0$, on a $\frac{dL}{dt}\Big|_{(2.0.3)} = 0$ implique que $2 - \frac{S_i(t)}{S_i^0} - \frac{S_i^0}{S_i(t)} = 0$ pour tout $t \geq 0$ et i = 1, 2, et donc $S_i(t) = S_i^0 = \frac{A_i}{\mu_i}$. Ainsi, la première équation de (2.0.3) donne $\sum_{j=1}^2 \beta_{ij} S_i^0 I_j(t) = 0$ pour tout $t \geq 0$ et i = 1, 2. Puisque $B = (\beta_{ij})$ est irréductible, pour tout j, il existe $i \neq j$ tel que $\beta_{ij} \neq 0$ et donc $I_j(t) = 0$ pour tout $t \geq 0$. Aussi la deuxième équation de (2.0.3) implique que $E_i(t) = 0$ pour tout $t \geq 0$ et i = 1, 2. D'où $Z = \left\{ P_0^R = (S_1^0, 0, 0, S_2^0, 0, 0) \right\}$. Alors par le principe de LaSalle P_0^R est globalement asymptotiquement stable lorsque $\mathcal{R}_0 \leq 1$. En utilisant le fait que $S_i(t) \to S_i^0$, $E_i(t) \to 0$ et $I_i(t) \to 0$ si $t \to \infty$, de même que la théorie des systèmes asymptotiquement autonomes, $R_i(t) \to 0$ lorsque $t \to \infty$. Ainsi, le point d'équilibre sans maladie P_0 du système (1.2.7) est globalement asymptotiquement stable dans Γ lorsque $\mathcal{R}_0 \leq 1$.

Si $\mathcal{R}_0 > 1$ et $I \neq 0$, on sait que :

$$(\rho(M(S^0)) - 1)(w_1, w_2)I > 0,$$

ce qui implique par continuité que $\frac{dL}{dt} > 0$ sur un voisinage petit de P_0 dans $\mathring{\Gamma}$. D'où P_0 est instable si $\mathcal{R}_0 > 1$.

Chapitre 4

Etude de la dynamique du système lorsque $\mathcal{R}_0 > 1$

Maintenant nous étudions la dynamique du système lorsque $\mathcal{R}_0 > 1$.

Nous savons que le système peut ne pas avoir de point d'équilibre endémique lorsque le temps est fini. Par le théorème 7.2 dans *Miller* [14], si notre système (1.2.7) admet un point déquilibre endémique, alors il doit satisfaire le système en temps infini suivant :

$$S'_{i} = A_{i} - \sum_{j=1}^{2} \beta_{ij} S_{i} I_{j} - \mu_{i} S_{i}$$

$$E'_{i} = \sum_{j=1}^{2} \beta_{ij} S_{i} I_{j} - (\sigma + \mu_{i}) E_{i}$$

$$I'_{i} = \sigma E_{i} - (\mu_{i} + \delta_{i}) I_{i} + \int_{0}^{\infty} \sigma E_{i}(u) e^{-(\mu_{i} + \delta_{i})(t-u)} d_{t} P_{i}(t-u) du$$

$$R'_{i} = -\int_{0}^{\infty} \sigma E_{i}(u) e^{-(\mu_{i} + \delta_{i})(t-u)} d_{t} P_{i}(t-u) du - \mu_{i} R_{i}.$$
(4.0.1)

Puisque (4.0.1) possède un delai infini, nous avons besoin de restreindre sa condition initiale dans un espace mémoire vague ("fading memory space") approprié. On définit l'espace de Banach de type mémoire vague ("fading memory type") [**16**, **11**] suivant :

$$C_i = \left\{ \varphi \in C((-\infty, 0], \mathbb{R}) : \varphi(s)e^{\lambda_i s} \text{ est uniformement continue sur } (-\infty, 0], \text{ et } \sup_{s \le 0} |\varphi(s)|e^{\lambda_i s} < \infty \right\}$$
et

 $Y_{\Delta} = \{ \varphi_i \in C_i : \varphi_i(s) \ge 0 \text{ pour tout } s \le 0 \},\$

munis de la norme $||\varphi||_i = \sup_{s \le 0} |\varphi(s)| e^{\lambda_i s}$. Soit φ et $\phi \in C_i$ telles que $\varphi_t(s) = \varphi(t+s)$ et $\phi_t(s) = \phi(t+s), s \in (-\infty, 0]$. Soient $\varphi_i, \phi_i \in C_i$ et $E_{i,0}, R_{i,0} \in \mathbb{R}_+$ tels que $\varphi_i(s) \ge 0, \ \phi_i(s) \ge 0, \ s \in (-\infty, 0]$. Considérons le système (4.0.1) dans l'espace de phase :

$$X = \prod_{i=1}^{2} (C_i \times \mathbb{R} \times C_i \times \mathbb{R}).$$

Pour toute solution $(S_1(t), E_1(t), I_1(t), R_1(t)S_2(t), E_2(t), I_2(t), R_2(t))$ de (4.0.1), avec comme condition initiale $(S_1(0), E_1(0), I_1(0), R_1(0), S_2(0), E_2(0), I_2(0), R_2(0))$ où

$$S_i(0) = \varphi_i, \quad E_i(0) = E_{i,0}, \quad I_i(0) = \phi_i, \quad R_i(0) = R_{i,0}, \quad i = 1, 2,$$

nous pouvons établir par la théorie standart sur les équations différentielle [18] que $S_i(t), I_i(t) \in C_i \quad \forall t > 0$.

Soit

$$\Delta = \left\{ (S_1, E_1, I_1, R_1, S_2, E_2, I_2, R_2) \in X \mid E_i, R_i \ge 0, \quad S_i(s), I_i(s) \ge 0, \quad s \in (-\infty, 0], \\ 0 \le S_i(t) \le S_i(0), \quad S_i(0) + E_i(0) + I_i(0) + R_i(0) \le \frac{A_i}{\mu_i}, \quad i = 1, 2 \right\}.$$

On peut vérifier de la même manière qu'avec Γ que Δ est positivement invariant, et que les solutions du système (4.0.2) sont aussi uniformément bornées à l'intérieur de Δ , noté $\mathring{\Delta}$.

Nous considérons toujours le système réduit de (4.0.1) suivant :

$$S'_{i} = A_{i} - \sum_{j=1}^{2} \beta_{ij} S_{i} I_{j} - \mu_{i} S_{i}$$

$$E'_{i} = \sum_{j=1}^{2} \beta_{ij} S_{i} I_{j} - (\sigma + \mu_{i}) E_{i}$$

$$I'_{i} = \sigma E_{i} - (\mu_{i} + \delta_{i}) I_{i} + \int_{0}^{\infty} \sigma E_{i}(u) e^{-(\mu_{i} + \delta_{i})(t-u)} d_{t} P_{i}(t-u) du,$$
(4.0.2)

avec

$$\Delta_0 = \Big\{ (S_1, E_1, I_1, S_2, E_2, I_2) \in X \mid E_i \ge 0, \ S_i(s), I_i(s) \ge 0, \quad s \in (-\infty, 0], \\ 0 \le S_i(t) \le S_i(0), \quad S_i(0) + E_i(0) + I_i(0) \le \frac{A_i}{\mu_i}, \quad i = 1, 2 \Big\}.$$

l'ensemble admissible de ses solutions. Δ_0 garde les mêmes propriétés que Δ puisqu'il est un sous ensemble de Δ .

4.1. Existence et unicité du point d'équilibre endémique

Un point d'équilibre endémique $P^* = (S_1^*, E_1^*, I_1^*, S_2^*, E_2^*, I_2^*)$ de (4.0.2) dans $\mathring{\Delta}_0$, où $S_i^*, E_i^*, I_i^* > 0$, satisfait l'équation suivante :

$$A_{i} - \mu_{i}S_{i}^{*} = \sum_{j=1}^{2} \beta_{ij}S_{i}^{*}I_{j}^{*}$$

$$\sum_{j=1}^{2} \beta_{ij}S_{i}^{*}I_{j}^{*} = (\sigma + \mu_{i})E_{i}^{*}$$

$$(\mu_{i} + \delta_{i})I_{i}^{*} = \sigma(1 - Q_{i})E_{i}^{*}, \quad i = 1, 2.$$

$$(4.1.1)$$

À présent, nous voulons montrer que le système (4.0.2) admet un unique point d'équilibre endémique l'orsque $\mathcal{R}_0 > 1$. Cela revient alors à montrer que le système d'équations (4.1.1) admet une unique solution.

Considérons maintenant le système auxiliaire dérivé de (4.1.1) suivant :

$$S'_{i} = A_{i} - \sum_{j=1}^{2} \beta_{ij} S_{i} I_{j} - \mu_{i} S_{i}$$

$$E'_{i} = \sum_{j=1}^{2} \beta_{ij} S_{i} I_{j} - (\sigma + \mu_{i}) E_{i}$$

$$I'_{i} = \sigma (1 - Q_{i}) E_{i} - (\mu_{i} + \delta_{i}) I_{i}, \quad i = 1, 2.$$
(4.1.2)

Nous trouvons que le nombre de reproduction de base du système (1.2.7) est aussi le même que pour le système (4.1.2) c'est à dire que :

$$\mathcal{R}_0 = \rho(M(S^0)) \quad \text{où} \quad M(S^0) = \left(\frac{\beta_{ij}S_i^0\sigma}{(\sigma+\mu_j)(\delta_j+\mu_j)}(1-Q_j)\right)_{2\times 2}.$$

Maintenant l'objectif est de prouver que le système auxiliaire (4.1.2) admet un unique point d'équilibre endémique $P_R^* = (S_1^*, E_1^*, I_1^*, S_2^*, E_2^*, I_2^*)$ lorsque $\mathcal{R}_0 > 1$. En prouvant cela, nous montrons alors que le système d'équations (4.1.1) admet une unique solution $(S_1^*, E_1^*, I_1^*, S_2^*, E_2^*, I_2^*), S_i^*, E_i^*, I_i^* > 0, i = 1, 2$. D'où notre système différentiel (4.0.2) admet un unique point d'équilibre endémique lorsque $\mathcal{R}_0 > 1$.

Le lemme suivant énonce le résultat.

Lemme 4.1.1. Si $\mathcal{R}_0 > 1$, alors le système (4.0.1) admet un unique point d'équilibre endémique $P^* = (S_1^*, E_1^*, I_1^*, R_1^*, S_2^*, E_2^*, I_2^*, R_2^*)$ dans $\mathring{\Delta}$

Comme énoncé plus haut, la preuve de ce lemme découle du théorème suivant :

Théorème 4.1.2. On Suppose que $B = (\beta_{ij})$ est irréductible. Si $\mathcal{R}_0 > 1$, alors le système (4.1.2) admet un unique point d'équilibre endémique $P_R^* = (S_1^*, E_1^*, I_1^*, S_2^*, E_2^*, I_2^*)$, et P_R^* est globalement asymptotiquement stable dans $\mathring{\Delta}_0$.

Avant de donner la preuve du théorème, il est utile d'énoncer un résultat bien connu dans la littérature pour le système (4.1.2). Ce résultat nous donne la persistance du système, ce qui nous permet d'obtenir l'existence d'au moins un point d'équilibre endémique lorsque $\mathcal{R}_0 > 1$.

Proposition 4.1.3. Supposons que $B = (\beta_{ij})$ est irréductible. Nous avons alors :

- (1) Si $\mathcal{R}_0 \leq 1$, alors P_0^R est l'unique point déquilibre de (4.1.2) et il est globalement stable dans Δ_0 .
- (2) Si $\mathcal{R}_0 > 1$ alors P_0^R est instable et le système (4.1.2) est uniformément persistant dans $\mathring{\Delta}_0$.

La preuve de cette proposition est standard [12, 10, 15] et est semblable à la preuve de notre théorème 3.2.1 à un choix près de la fonction de Lyapunov.

Remarque 4.1.4. L'uniforme persistance de (4.1.2) associée au fait que les solutions sont uniformément bornées à l'intérieur de Δ_0 , impliquent l'existence d'un point d'équilibre dans $\mathring{\Delta}_0$ [6].

PREUVE DU THÉORÈME 4.1.2. Soit $P_R^* = (S_1^*, E_1^*, I_1^*, S_2^*, E_2^*, I_2^*)$, $S_i^*, E_i^*, I_i^* > 0$, i = 1, 2, un point d'équilibre endémique dont l'existence est établie par la remarque 4.1.4. Nous allons montrer que P_R^* est globalement stable lorsque $\mathcal{R}_0 > 1$. En particulier, cela implique que l'équilibre endémique est unique dans $\mathring{\Delta}_0$ lorsqu'il existe. Posons

$$\overline{\beta}_{ij} = \beta_{ij} S_i^* I_j^*, \quad i, j = 1, 2, \tag{4.1.3}$$

et \overline{B} la matrice définie par (A.2.1). Puisque $B = (\beta_{ij})$ est irréductible, alors nous savons que la matrice $(\overline{\beta}_{ij})$ est aussi irréductible. Soit $\{v_1, v_2\}, v_i > 0$, une base du système $\overline{B}v = 0$ comme décrit dans le théorème A.2.1. Prenons

$$V = \sum_{i=1}^{2} v_i \left[\left(S_i - S_i^* - S_i^* \ln \frac{S_i}{S_i^*} \right) + \left(E_i - E_i^* - E_i^* \ln \frac{E_i}{E_i^*} \right) + \frac{\sigma + \mu_i}{\sigma (1 - Q_i)} \left(I_i - I_i^* - I_i^* \ln \frac{I_i}{I_i^*} \right) \right]$$
(4.1.4)

Des équations d'équilibre (4.1.1), on tire :

$$\frac{(\sigma + \mu_i)(\mu_i + \delta_i)}{\sigma(1 - Q_i)} I_i^* = \sum_{j=1}^2 \beta_{ij} S_i^* I_j^*.$$
(4.1.5)

Une différentiation de V le long des solutions de (4.1.2) et l'utilisation de équations (4.1.1) et (4.1.5) nous permet d'obtenir :

$$\begin{aligned} V' &= \sum_{i=1}^{2} v_i \Big[A_i - \mu_i S_i - \sum_{j=1}^{2} \beta_{ij} S_i I_j - A_i \frac{S_i^*}{S_i} + \mu_i S_i^* + \sum_{j=1}^{2} \beta_{ij} S_i^* I_j \\ &+ \sum_{j=1}^{2} \beta_{ij} S_i I_j - (\sigma + \mu_i) E_i - \sum_{j=1}^{2} \beta_{ij} \frac{E_i^* S_i I_j}{E_i} + (\sigma + \mu_i) E_i^* \\ &+ (\sigma + \mu_i) E_i - \frac{(\sigma + \mu_i)(\mu_i + \delta_i)}{\sigma(1 - Q_i)} I_i - (\sigma + \mu_i) \frac{I_i^* E_i}{I_i} + \frac{(\sigma + \mu_i)(\mu_i + \delta_i)}{\sigma(1 - Q_i)} I_i^* \Big] \\ &= \sum_{i=1}^{2} v_i \Big[\mu_i S_i^* \Big(2 - \frac{S_i^*}{S_i} - \frac{S_i}{S_i^*} \Big) + \Big(\sum_{j=1}^{2} \beta_{ij} S_i^* I_j - \frac{(\sigma + \mu_i)(\mu_i + \delta_i)}{\sigma(1 - Q_i)} I_i \Big) \\ &+ \Big(3 \sum_{j=1}^{2} \beta_{ij} S_i^* I_j^* - \sum_{j=1}^{2} \beta_{ij} I_j^* \frac{(S_i^*)^2}{S_i} - \sum_{j=1}^{2} \beta_{ij} S_i I_j \frac{E_i^*}{E_i} - (\sigma + \mu_i) E_i \frac{I_i^*}{I_i} \Big) \Big] \\ &\leq \sum_{i=1}^{2} v_i \Big[\Big(\sum_{j=1}^{2} \beta_{ij} S_i^* I_j - \frac{(\sigma + \mu_i)(\mu_i + \delta_i)}{\sigma(1 - Q_i)} I_i \Big) \\ &+ \Big(3 \sum_{j=1}^{2} \beta_{ij} S_i^* I_j^* - \sum_{j=1}^{2} \beta_{ij} I_j^* \frac{(S_i^*)^2}{S_i} - \sum_{j=1}^{2} \beta_{ij} S_i I_j \frac{E_i^*}{E_i} - (\sigma + \mu_i) E_i \frac{I_i^*}{I_i} \Big) \Big], \end{aligned}$$

puisque $\frac{S_i^*}{S_i} + \frac{S_i}{S_i^*} \ge 2$, avec l'égalité qui se produit lorsque $S_i = S_i^*$. Pour simplifier l'inégalité (4.1.6) on observe que : puisque $\overline{B}v = 0$ alors

$$\sum_{i=1}^{2} \overline{\beta}_{ik} v_i = \sum_{j=1}^{2} \overline{\beta}_{kj} v_k.$$

Puis en utilisant (4.1.3) et (4.1.5), nous obtenons que :

$$\sum_{i=1}^{2} \beta_{ik} S_{i}^{*} I_{k}^{*} v_{i} = \sum_{j=1}^{2} \beta_{kj} S_{k}^{*} I_{j}^{*} v_{k} = \frac{(\sigma + \mu_{k})(\mu_{k} + \delta_{k})}{\sigma(1 - Q_{k})} I_{k}^{*} v_{k},$$

ce qui implique

$$\sum_{i=1}^{2} v_i \sum_{j=1}^{2} \beta_{ij} S_i^* I_j = \sum_{i=1}^{2} I_i \sum_{j=1}^{2} \beta_{ji} S_j^* v_j$$

$$= \sum_{i=1}^{2} \frac{(\sigma + \mu_i)(\mu_i + \delta_i)}{\sigma(1 - Q_i)} I_i v_i.$$
(4.1.7)

Par conséquent, les deux premiers termes du membre de droite de l'inégalité (4.1.6) s'annulent. Il s'en suit alors en utilisant (4.1.3):

$$V' \leq \sum_{i=1}^{2} v_i \left(3 \sum_{j=1}^{2} \overline{\beta}_{ij} - \sum_{j=1}^{2} \overline{\beta}_{ij} \frac{S_i^*}{S_i} - \sum_{j=1}^{2} \overline{\beta}_{ij} \frac{S_i I_j E_i^*}{S_i^* I_j^* E_i} - (\sigma + \mu_i) E_i \frac{I_i^*}{I_i} \right)$$

$$= \sum_{i,j=1}^{2} v_i \overline{\beta}_{ij} \left(3 - \frac{S_i^*}{S_i} - \frac{S_i I_j E_i^*}{S_i^* I_j^* E_i} - \frac{E_i I_i^*}{E_i^* I_i} \right)$$

$$=: H_2(S_1, E_1, I_1, S_2, E_2, I_2).$$
(4.1.8)

Dans la suite, nous montrons que $H_2 \leq 0$ pour tout $(S_1, E_1, I_1, S_2, E_2, I_2) \in \mathring{\Delta}_0$. Nous nous servons d'un argument en théorie des graphes pour montrer ce résultat.

Le produit des cofacteurs $\overline{\beta}_{rm}$ dans l'expression pour v_i donné par (A.2.3) peut être interprété comme étant le poids des sous-arbres orientés T de L, enracinés au sommet k. Par conséquent, chaque produit $v_i \overline{\beta}_{ij}$ peut être vu comme étant le poids d'un graphe unicyclique Q obtenu à partir d'un tel arbre T en ajoutant une arête (i,j) orientée du sommet racine ivers le sommet j. Un tel produit peut s'écrire :

$$\prod_{(r,m)\in E(Q)}\overline{\beta}_{rm},$$

avec le produit qui s'opère sur les arêtes (r,m) dans Q, et le même produit est obtenu pour chaque arête (i,j) dans un cycle unique CQ de Q. La double somme dans H_2 peut être interprété comme une somme de tous les graphes unicycliques Q de L sur toutes les arêtes dans les cycles. Ainsi nous pouvons réécrire H_2 par :

$$H_2 = \sum_Q H_{2,Q},$$

avec

$$H_{2,Q} = \prod_{(r,m)\in E(Q)} \overline{\beta}_{rm} \cdot \sum_{(i,j)\in E(CQ)} \left(3 - \frac{S_i^*}{S_i} - \frac{S_i I_j E_i^*}{S_i^* I_j^* E_i} - \frac{E_i I_i^*}{E_i^* I_i}\right)$$
$$= \prod_{(r,m)\in E(Q)} \overline{\beta}_{rm} \cdot \left(3l - \sum_{(i,j)\in E(CQ)} \left(\frac{S_i^*}{S_i} + \frac{S_i I_j E_i^*}{S_i^* I_j^* E_i} + \frac{E_i I_i^*}{E_i^* I_i}\right)\right)$$

où l = l(Q) est le nombre d'arêtes dans CQ. Il est facile de voir que :

$$\prod_{(i,j)\in E(CQ)} \frac{S_i^*}{S_i} \cdot \frac{S_i I_j E_i^*}{S_i^* I_j^* E_i} \cdot \frac{E_i I_i^*}{E_i^* I_i} = \prod_{(i,j)\in E(CQ)} \frac{I_j I_i^*}{I_j^* I_i} = 1$$

pour chaque graphe unicyclique Q. Dès lors,

$$\sum_{(i,j)\in E(CQ)} \left(\frac{S_i^*}{S_i} + \frac{S_i I_j E_i^*}{S_i^* I_j^* E_i} + \frac{E_i I_i^*}{E_i^* I_i} \right) \ge 3l,$$

Et donc $H_{2,Q} \leq 0$ pour chaque Q et

$$H_{2,Q} = 0 \iff \frac{S_i^*}{S_i} = \frac{S_i I_j E_i^*}{S_i^* I_j^* E_i} = \frac{E_i I_i^*}{E_i^* I_i}, \quad (i,j) \in E(CQ).$$
(4.1.9)

Ainsi,

$$H_2 = \sum_Q H_{2,Q} \le 0.$$

Nous avons montré que $V' \leq 0$ pour tout $(S_1, E_1, I_1, S_2, E_2, I_2) \in \mathring{\Delta}_0$, et nous avons aussi que V' = 0 si et seulement si $S_i = S_i^*$ et $H_2 = 0$. Prouvons que si $S_i = S_i^*$, i = 1, 2, alors

$$H_2 = 0 \iff E_i = aE_i^*, I_i = aI_i^*, i = 1, 2,$$
(4.1.10)

où a est une constante positive arbitraire. Notons à partir de (4.1.9) que :

$$\frac{I_i}{I_i^*} = \frac{E_i}{E_i^*} = \frac{I_j}{I_j^*}$$
(4.1.11)

pour toute arête (i,j) appartenant au cycle d'un sous graphe unicyclique quelconque Q de L. Mais L est fortement connecté, donc il est clair que chaque arête (i,j) de L appartient au moins à un cycle d'un sous graphe Q, et ainsi (4.1.11) est vérifiée pour toute arête (i,j). Maintenant, soit p et q deux sommets quelconques du graphe. Alors, par la forte connectivité, il existe un chemin orienté de p vers q. Si l'on applique consécutivement (4.1.11) aux arêtes de ce chemin, nous trouvons que $\frac{I_p}{I_p^*} = \frac{I_q}{I_q^*}$; ainsi, toujours à partir de (4.1.11) il s'en suit qu'on a aussi :

$$\frac{E_p}{E_p^*} = \frac{I_p}{I_p^*} = \frac{I_q}{I_q^*} = \frac{E_q}{E_q^*}$$

Et comme p et q sont arbitraires, ceci prouve la relation (4.1.10).

À partir de (4.1.6) et (4.1.10), on sait que V' = 0 si et seulement si $S_i = S_i^*$, $E_i = aE_i^*$ et $I_i = aI_i^*$, i = 1,2. En substituant $S_i = S_i^*$, $E_i = aE_i^*$, et $I_i = aI_i^*$ dans la première équation du système (4.1.2), nous obtenons :

$$A_i - \mu_i S_i^* - a \sum_{j=1}^2 \beta_{ij} S_i^* I_j = 0.$$
(4.1.12)

Puisque le membre de gauche est strictement décroissant en a, alors nous savons à partir de (4.1.1) que (4.1.12) est vrai si et seulement si a = 1, c'est à dire au point P_R^* . Donc le seul sous ensemble compact invariant de l'ensemble où V' = 0 est le singleton $\{P_R^*\}$. Ainsi, par le principe d'invariance de LaSalle, P_R^* est globalement stable dans $\mathring{\Delta}_0$ si $\mathcal{R}_0 > 1$. Ce qui complète la preuve du théorème.

En utilisant l'équation déquilibre de R_i dans (4.0.1), il vient que $R_i^* = \frac{\sigma Q_i E_{i^*}}{\mu_i} > 0$ pour tout *i*. Par suite, si $\mathcal{R}_0 > 1$, alors $P^* = (S_1^*, E_1^*, I_1^*, R_1^*, S_2^*, E_2^*, I_2^*, R_2^*)$ est un unique point d'équilibre endémique du système (4.0.1).

4.2. Stabilité du point d'équilibre endémique

Maintenant que nous avons montré l'existence d'un unique état d'équilibre endémique, nous voulons aussi établir que cet état d'équilibre endémique est globalement stable lorsqu'elle existe, c'est à dire lorsque $\mathcal{R}_0 > 1$. Cela traduit la coexistence de la maladie dans les deux groupes lorsque $\mathcal{R}_0 > 1$.

Définissons la fonction :

$$H(u) = u - 1 - \ln u.$$

Alors $H(u) \ge 0$ pour tout u > 0, et H(u) atteint son minimum global strict lorsque u = 1avec H(1) = 0. Cette définition de la fonction H nous sera utile dans la suite pour définir la fonction de Lyapunov.

Le résultat général qui donne la stabilité globale du point d'équilibre endémique est le suivant :

Théorème 4.2.1. On suppose que $B = (\beta_{ij})$ est irréductible. Si $\mathcal{R}_0 > 1$, alors l'unique point d'équilibre endémique P^* du système (4.0.1) est globalement asymptotiquement stable.

Cependant, notre proposition de preuve de ce théorème n'est pas complète. Nous avons dû admettre la preuve de l'inégalité (4.2.1) pour pouvoir terminer la preuve.

PROPOSITION DE PREUVE DU THÉORÈME 4.2.1. Considérons le système réduit (4.0.2). Nous voulons prouver que l'équilibre $(S_1^*, E_1^*, I_1^*, S_2^*, E_2^*, I_2^*)$ de (4.0.2) est globalement asymptotiquement stable en construisant une fonction de Lyapunov appropriée. Soit

$$V = \sum_{i=1}^{2} v_i V_i,$$

où

$$V_i = U_i + W_i,$$

avec

$$U_i = S_i^* H\left(\frac{S_i}{S_i^*}\right) + E_i^* H\left(\frac{E_i}{E_i^*}\right) + \frac{\sigma + \mu_i}{\sigma(1 - Q_i)} I_i^* H\left(\frac{I_i}{I_i^*}\right),$$

et $W_i = \frac{\sigma + \mu_i}{\sigma(1 - Q_i)} \int_0^\infty \sigma J_i(u) E_i^* H\left(\frac{E_i(t - u)}{E_i^*}\right) du.$

En dérivant U_i le long des solutions de (4.0.2) et en utilisant les équations de (4.1.1) on obtient :

$$\begin{split} U_i'\Big|_{(4.0.2)} &= A_i - \mu_i S_i - \sum_{j=1}^2 \beta_{ij} S_i I_j - A_i \frac{S_i^*}{S_i} + \mu_i S_i^* + \sum_{j=1}^2 \beta_{ij} S_i^* I_j \\ &+ \sum_{j=1}^2 \beta_{ij} S_i I_j - (\sigma + \mu_i) E_i - \sum_{j=1}^2 \beta_{ij} \frac{E_i^* S_i I_j}{E_i} + (\sigma + \mu_i) E_i^* \\ &+ \frac{\sigma + \mu_i}{1 - Q_i} E_i - \frac{(\sigma + \mu_i)(\mu_i + \delta_i)}{\sigma(1 - Q_i)} I_i + \frac{\sigma + \mu_i}{1 - Q_i} \int_0^\infty E_i(u) e^{-(\mu_i + \delta_i)(t-u)} d_t P_i(t-u) \, du \\ &- \frac{\sigma + \mu_i}{1 - Q_i} \frac{E_i I_i^*}{I_i} + \frac{(\sigma + \mu_i)(\mu_i + \delta_i)}{\sigma(1 - Q_i)} I_i^* - \frac{\sigma + \mu_i}{1 - Q_i} \int_0^\infty E_i(u) \frac{I_i^*}{I_i} e^{-(\mu_i + \delta_i)(t-u)} d_t P_i(t-u) \, du, \\ U_i'\Big|_{(4.0.2)} &= \mu_i S_i^* \left(2 - \frac{S_i^*}{S_i} - \frac{S_i}{S_i^*}\right) + \left(\sum_{j=1}^2 \beta_{ij} S_i^* I_j - \frac{(\sigma + \mu_i)(\mu_i + \delta_i)}{\sigma(1 - Q_i)} I_i\right) \\ &+ 3 \sum_{j=1}^2 \beta_{ij} S_i^* I_j^* - \sum_{j=1}^2 \beta_{ij} I_j^* \frac{(S_i^*)^2}{S_i} - \sum_{j=1}^2 \beta_{ij} S_i I_j \frac{E_i^*}{E_i} + \frac{\sigma + \mu_i}{1 - Q_i} \left(1 - (1 - Q_i) - \frac{I_i^*}{I_i}\right) E_i \\ &+ \frac{\sigma + \mu_i}{1 - Q_i} \int_0^\infty E_i(u) \left(1 - \frac{I_i^*}{I_i}\right) e^{-(\mu_i + \delta_i)(t-u)} d_t P_i(t-u) \, du. \end{split}$$

Puis, puisque

$$2 - \frac{S_i^*}{S_i} - \frac{S_i}{S_i^*} \le 0 \quad \text{et} \quad \sum_{j=1}^2 \beta_{ij} S_i^* I_j = \frac{(\sigma + \mu_i)(\mu_i + \delta_i)}{\sigma(1 - Q_i)} I_i \quad \text{d'après} \quad (4.1.7),$$

il vient que :

$$\begin{split} U_i'\Big|_{(4.0.2)} &\leq 3\sum_{j=1}^2 \beta_{ij} S_i^* I_j^* - \sum_{j=1}^2 \beta_{ij} I_j^* \frac{(S_i^*)^2}{S_i} - \sum_{j=1}^2 \beta_{ij} S_i I_j \frac{E_i^*}{E_i} + \frac{\sigma + \mu_i}{1 - Q_i} Q_i E_i - \frac{\sigma + \mu_i}{1 - Q_i} \frac{I_i^*}{I_i} E_i \\ &- \frac{\sigma + \mu_i}{1 - Q_i} \int_0^\infty E_i (t - u) \left(1 - \frac{I_i^*}{I_i}\right) e^{-(\mu_i + \delta_i)u} d_u P_i(u) \, du, \\ U_i'\Big|_{(4.0.2)} &\leq 3\sum_{j=1}^2 \beta_{ij} S_i^* I_j^* - \sum_{j=1}^2 \beta_{ij} I_j^* \frac{(S_i^*)^2}{S_i} - \sum_{j=1}^2 \beta_{ij} S_i I_j \frac{E_i^*}{E_i} - \frac{\sigma + \mu_i}{1 - Q_i} \int_0^\infty E_i(t) e^{-(\mu_i + \delta_i)u} d_u P_i(u) \, du \\ &- (\sigma + \mu_i) \frac{I_i^*}{I_i} E_i - \frac{\sigma + \mu_i}{1 - Q_i} \int_0^\infty E_i(t - u) \left(1 - \frac{I_i^*}{I_i}\right) e^{-(\mu_i + \delta_i)u} d_u P_i(u) \, du. \end{split}$$

Et la dérivée de W_i donne :

$$\begin{split} W_{i}'|_{(4.0.2)} &= -\frac{\sigma + \mu_{i}}{1 - Q_{i}} \int_{0}^{\infty} J_{i}(u) E_{i}^{*} \frac{\partial}{\partial u} H\left(\frac{E_{i}(t - u)}{E_{i}^{*}}\right), du, \\ W_{i}'|_{(4.0.2)} &= \frac{\sigma + \mu_{i}}{1 - Q_{i}} \left(\left[-J_{i}(u) E_{i}^{*} H\left(\frac{E_{i}(t - u)}{E_{i}^{*}}\right) \right]_{u=0}^{\infty} + \int_{0}^{\infty} \frac{dJ_{i}(u)}{du} E_{i}^{*} H\left(\frac{E_{i}(t - u)}{E_{i}^{*}}\right) du \right) \\ &= \frac{\sigma + \mu_{i}}{1 - Q_{i}} Q_{i} E_{i}^{*} H\left(\frac{E_{i}(t)}{E_{i}^{*}}\right) + \frac{\sigma + \mu_{i}}{1 - Q_{i}} \int_{0}^{\infty} e^{-(\mu_{i} + \delta_{i})u} d_{u} P_{i}(u) E_{i}^{*} H\left(\frac{E_{i}(t - u)}{E_{i}^{*}}\right) du \\ &= \frac{\sigma + \mu_{i}}{1 - Q_{i}} \int_{0}^{\infty} e^{-(\mu_{i} + \delta_{i})u} d_{u} P_{i}(u) \left(E_{i}^{*} H\left(\frac{E_{i}(t - u)}{E_{i}^{*}}\right) - E_{i}^{*} H\left(\frac{E_{i}(t)}{E_{i}^{*}}\right)\right) du \\ W_{i}'|_{(4.0.2)} &= \frac{\sigma + \mu_{i}}{1 - Q_{i}} \int_{0}^{\infty} e^{-(\mu_{i} + \delta_{i})u} d_{u} P_{i}(u) \left(E_{i}(t - u) - E_{i}(t) - E_{i}^{*} \ln \frac{E_{i}(t)}{E_{i}(t - u)}\right) du. \end{split}$$

Ce qui fait que :

$$V' \leq \sum_{i=1}^{2} v_i \Big[3\sum_{j=1}^{2} \beta_{ij} S_i^* I_j^* - \sum_{j=1}^{2} \beta_{ij} I_j^* \frac{(S_i^*)^2}{S_i} - \sum_{j=1}^{2} \beta_{ij} S_i I_j \frac{E_i^*}{E_i} - (\sigma + \mu_i) \frac{I_i^*}{I_i} E_i \\ + \frac{\sigma + \mu_i}{1 - Q_i} \int_0^\infty e^{-(\mu_i + \delta_i)u} d_u P_i(u) \left(\frac{I_i^*}{I_i} E_i(t - u) - 2E_i(t) - E_i^* \ln \frac{E_i(t)}{E_i(t - u)} \right) du \Big].$$

Arrivé à ce stade, nous admettons que :

$$\frac{I_i^*}{I_i}E_i(t-u) - 2E_i(t) - E_i^* \ln \frac{E_i(t)}{E_i(t-u)} \le 0$$
(4.2.1)

pour retrouver l'inégalité (4.1.8) suivante de la preuve du théorème 4.1.2 :

$$V' \leq \sum_{i=1}^{2} v_i \left[3\sum_{j=1}^{2} \beta_{ij} S_i^* I_j^* - \sum_{j=1}^{2} \beta_{ij} I_j^* \frac{(S_i^*)^2}{S_i} - \sum_{j=1}^{2} \beta_{ij} S_i I_j \frac{E_i^*}{E_i} - (\sigma + \mu_i) \frac{I_i^*}{I_i} E_i \right].$$

Ainsi nous appliquons les mêmes arguments que ceux de la preuve du théorème 4.1.2 pour trouver que $(S_1^*, E_1^*, I_1^*, S_2^*, E_2^*, I_2^*)$ est globalement asymptotiquement stable dans $\mathring{\Delta}_0$ si $\mathcal{R}_0 > 1$. Et donc P^* est globalement asymptotiquement stable dans $\mathring{\Delta}$ si $\mathcal{R}_0 > 1$.

Dans cette proposition de preuve, nous nous sommes beaucoup appuyés sur les similarités avec la preuve du théorème 4.1.2 et surtout avec l'utilisation des équations d'équilibre (qui sont les même dans les deux systèmes (4.1.2) et (4.0.2)) pour les simplifications, dans le but d'aboutir à la même inégalité (4.1.8). Cette démarche a été adopté de la preuve du théorème 1.1 dans *Guo et al* [4].

Chapitre 5

Résultats numériques

Nous présentons dans cette partie les résultats de simulations numériques en considérant une distribution constante de la période infectieuse. Toutefois, il est très difficile de trouver des données réelles adéquates à notre étude comme pour faire le traçage des contacts entre le personnel médical et les résidents. Face à ce manque de données, nous nous servons ici des données de la littérature, et quelques estimations, pour pouvoir nous rapprocher de notre but. L'objectif ici est d'évaluer numériquement l'impact que pourraient avoir les mesures de distanciation, d'isolement, de protection, et aussi certaines interventions pharmaceutiques sur le contrôle de l'épidémie.

5.1. Estimation des paramètres

Nous choisissons nos paramètres à partir des données disponibles dans la littérature [7, 13]. Nous utilisons ici des données liées à une structuration par âge de l'épidémie de la COVID-19 en Ontario, Canada [13]. Ces données fournissent des informations sur les variations du taux de contacts moyens par personne suivant différentes phases d'application des mesures de distanciation annocées par la santé publique, et aussi pour chaque tranche d'âge la probabilité de transmission par contact susceptible avec un individu infecté. Ces deux éléments nous permettent d'obtenir la matrice des interactions $B = (\beta_{ij})$ où β_{ij} est le taux d'infection par contact d'un individu susceptible du groupe i par un autre individu infecté du groupe j. Nous savons aussi que β_{ij} est obtenu en faisant le produit entre la probabilité de transmission et le taux de contact par unité de temps.

Nous voulons suivre l'évolution de la population infecté dans les deux classes d'âge suivant deux périodes : la période pré-intervention qui correspond au début de l'épidémie et la période qui correspond à la phase 3 d'application des mesures de contrôle. Le tableau 5.1 suivant présente les taux de contacts moyens par jour suivant différents secteurs d'activités.

Setting	Daily contact rate pre-interventions (contacts/day)	Running daily contact rate (change relative to pre- intervention)			
		Phase 1	Phase 2	Phase 3 (May 16)	
School	1.52	0 (–100%)	0 (–100%)	0 (–100%)	
Workplace	3.66	3.66 (0%)	3.66 (0%)	1.49 (-59%)	
Community	4.14	4.42 (+7%)	2.97 (-28%)	0.64 (-85%)	
Household	2.95	3.34 (+13%)	4.29 (+45%)	4.45 (+51%)	
Total	12.27	11.42 (–7%)	10.92 (–11%)	6.58 (-46%)	

Fig. 5.1. Estimations du taux de contact moyen journalier par phase d'application des mesures en Ontario, Canada [13].

Parameter	Age class					
	0–5	6–13	14–17	18–24	25–64	65+
Percentage of symptomatic individuals diagnosed	31%	38%	37%	20%	64%	67%
Susceptibility to infection	1.9%	1.6%	2.5%	9.2%	13.9%	50.2%

Fig. 5.2. Estimations du pourcentage d'individus symptomatiques diagnostiqués et de la susceptibilité à l'infection en Ontario, Canada [13].

Pour établir notre matrice de contacts, nous allons supposer que les interactions entre membres du personnel médical correspondent aux interactions dans les lieux de travail (*workplace*), les interactions entre ainés correspondent à celles en communauté (*community*) et enfin les interactions entre les deux groupes d'âge correspondent à celles dans les ménages (*household*).

Nous obtenons alors les matrices C^1 et C^2 donnant les taux de contacts quotidiens durant les deux périodes considérées.

$$C^{1} = \begin{pmatrix} 3.66 & 2.95\\ 2.95 & 4.14 \end{pmatrix}, \text{ et } C^{2} = \begin{pmatrix} 1.49 & 4.45\\ 4.45 & 0.64 \end{pmatrix}$$

Le tableau 5.2 donne la susceptibilité à l'infection de chaque tranche d'âge. Nous assimilons dans notre cas les membres du personnel à la population dont la tranche d'âge se situe entre 25 et 64 ans.

Ainsi nous en déduisons les matrices de contacts $B^k = (\beta_{ij}^k)$, k = 1, 2, où $\beta_{ij}^k = \beta_i \cdot C_{ij}^k$, avec β_i la susceptibilité à l'infection du groupe i.

$$B^{1} = \begin{pmatrix} 0.50 & 0.410 \\ 1.482 & 2.07 \end{pmatrix}, \quad B^{2} = \begin{pmatrix} 0.207 & 0.620 \\ 2.235 & 0.321 \end{pmatrix}$$

Les autres paramètres du modèle sont définis dans le tableau 5.1 suivant :

Paramètres	Valeurs	Source
σ (taux d'incubation)	$1/5.1 \text{ jour}^{-1}$	[7]
w_1 (durée moyenne de l'infection pour les cas asymptômatiques)	7 jours	[7]
w_2 (durée moyenne des hospitalisations)	14 jours	[7]
δ_1 (taux de mortalité pour les jeunes)	0.008 jour^{-1}	[13]
δ_2 (taux de mortalité pour les hospitalisations)	0.015 jour^{-1}	[7]
A_1 (recrutement d'employés)	2	aléatoire
A_2 (recrutement d'ainés)	3	aléatoire
μ_1 (taux de sortie naturelle d'employés)	0.01	aléatoire
μ_2 (taux de sortie naturelle des ainés)	0.006	aléatoire

Tableau 5.1. Choix des paramètres du modèle

5.2. Cas d'une distribution constante

Si nous considérons que la période infectieuse est constante, alors on définit la probabilité $P_i(t)$ par :

$$P_i(t) = \begin{cases} 1 & \text{si} \quad t \in [0, w_i] \\ 0 & \text{si} \quad t > w_i, \quad i = 1, 2. \end{cases}$$
(5.2.1)

où $w_i = \int_0^\infty P_i(u) du$ est la période infectieuse moyenne. Dans ce cas, nous obtenons un système d'équations différentielles à retard avec deux delais fixes w_i , i = 1,2, lorsque $t \ge \max_{i=1,2}(w_i)$. Notre système (1.2.7) devient alors :

$$S'_{i} = A_{i} - \sum_{j=1}^{2} \beta_{ij} S_{i} I_{j} - \mu_{i} S_{i}$$

$$E'_{i} = \sum_{j=1}^{2} \beta_{ij} S_{i} I_{j} - (\sigma + \mu_{i}) E_{i}$$

$$I'_{i} = \sigma E_{i} - (\mu_{i} + \delta_{i}) I_{i} - \sigma E_{i} (t - w_{i}) e^{-w_{i}(\mu_{i} + \delta_{i})}$$

$$R'_{i} = \sigma E_{i} (t - w_{i}) e^{-w_{i}(\mu_{i} + \delta_{i})} - \mu_{i} R_{i}, \quad i = 1, 2.$$
(5.2.2)

Pour cette distribution, la matrice de de nouvelle génération réduite est :

$$M(S^{0}) = \begin{pmatrix} \frac{\beta_{11}S_{1}^{0}\sigma}{(\sigma+\mu_{1})(\delta_{1}+\mu_{1})}(1-Q_{1}) & \frac{\beta_{12}S_{1}^{0}\sigma}{(\sigma+\mu_{2})(\delta_{2}+\mu_{2})}(1-Q_{2}) \\ \frac{\beta_{21}S_{2}^{0}\sigma}{(\sigma+\mu_{1})(\delta_{1}+\mu_{1})}(1-Q_{1}) & \frac{\beta_{22}S_{2}^{0}\sigma}{(\sigma+\mu_{2})(\delta_{2}+\mu_{2})}(1-Q_{2}) \end{pmatrix}, \quad \text{où} \quad Q_{i} \simeq e^{-w_{i}(\delta_{i}+\mu_{i})}, i = 1, 2.$$

Au cours de la phase 3, si nous supposons en plus par exemple que les interventions pharmaceutiques réduisent la durée de l'infection ou des hospitalisations de 2 jours, alors nous obtenons des changements significatives sur les courbes et sur le seuil \mathcal{R}_0 qui détermine si l'épidémie est contrôlée ou pas. Supposons aussi que le matériel de protection a une éfficacité à diminuer la susceptibilité à l'infection de 50%.



Fig. 5.3. Courbes cumulées de la population infectée des deux groupes d'âge.



Fig. 5.4. Figure comparative du nombre d'infectés de chaque groupe d'âge durant les deux périodes.

Nous utilisons le solver intégré dde23 de *Matlab* pour trouver les solutions numériques de l'équation à delais (5.2.2) (figures 5.3 et 5.4).

Bien que nous n'avons pas utilisé des données réelles provenant des résidences pour ainés, ces résultats nous montrent l'impact que peuvent avoir les mesures de distanciation, d'isolement et de protection sur les dynamiques de transmission de la maladie dans les deux classes d'âge. Ces interventions non-pharmaceutiques constituent alors déjà un moyen efficace pour freiner l'épidémie en l'absence de médicaments ou de vaccins. Dans la phase pré-intervention (i.e en l'absence de mesures), nous assistons à une transmission soutenue, avec un $\mathcal{R}_0 = 5.49$ très grand par rapport à 1. Ce qui constitue une alerte de devoir appliquer des mesures restrictives afin d'espérer contrôler l'épidémie. Les résultats numériques montrent que si nous combinons les mesures de distanciation avec l'utilisation de certains médicaments qui peuvent améliorer un peu la condition des patients, nous pouvons être en mesure de contrôler l'épidémie (phase 3 où $\mathcal{R}_0 = 0.71 < 1$).

Chapitre 6

Conclusion

Nous avons étudié la transmission de la maladie de la COVID-19 dans une population hétérogène en considérant une distribution générale de la période infectieuse. L'objectif était de voir l'impact de cette hétérogénéité liée à l'âge sur les dynamiques de transmission du virus lorsqu'on sait que les interactions entre les deux groupes d'âge ne sont pas les mêmes et que la mortalité causée par la maladie est beaucoup plus élevée chez la population âgée que chez les jeunes. Nous voulions aussi voir l'impact de la distribution de la période infectieuse sur cette transmission. Ce qui nous permet de vérifier certaines mesures de contrôle de l'épidémie annoncées par la santé publique ou d'en suggérer d'autres.

Nous avons analysé notre modèle en déterminant le nombre de reproduction de base \mathcal{R}_0 puis en prouvant qu'il constitue un seuil critique pour le modèle. C'ést-à-dire que si $\mathcal{R}_0 \leq 1$, alors le point d'équilibre sans maladie est globalement asymptotiquement stable et la maladie disparait dans les deux groupes, l'épidémie est alors controlée. Et si $\mathcal{R}_0 > 1$, le point d'équilibre endémique est globalement asymptotiquement stable et alors la maladie persiste dans les deux groupes.

La méthodologie utilisée pour analyser le modèle repose d'abord sur la construction de la matrice de nouvelle génération pour déterminer \mathcal{R}_0 . Ensuite, nous avons montré l'existence, l'unicité et la stabilité du point d'équilibre sans maladie en se servant du théorème de Perron-Frobenius et de la méthode des fonctions de Lyapunov, étendue par le Principe de LaSalle. Nous utilisons un argument de la théorie des systèmes asymptotiquement autonomes pour étendre les résultats du système réduit au système général. En outre, pour prouver l'existence et l'unicité d'un point endémique lorsque $\mathcal{R}_0 > 1$, nous sommes passés par une méthode alternative en partant des équations d'équilibre pour en déduire un système différentiel auxiliaire. Et après le problème revient à montrer que ce système auxiliaire admet un unique point d'équilibre endémique pour pouvoir ainsi conclure sur l'unicité de la solution du sysème d'équations d'équilibre lorsque $\mathcal{R}_0 > 1$. Et cette fois ci, nous montrons la stabilité du point endémique en cumulant un argument de la théorie des graphes avec la méthodes des fonctions de Lyapunov.

Finalement, nous avons testé les résultats numériquement en considérant une distribution constante de la période infectieuse. Ces résultats numériques viennent consolider le fait que les mesures de distanciation, d'isolement, les matériels de protection ainsi que l'utilisation de médicaments capables de soulager la condition des patients, constituent des moyens incontournables pour contrôler l'épidémie.

Dans ce modèle, nous avons supposé que les membres du personnel médical (population "jeune") sont asymptomatiques et que les aînés sont symptomatiques. Cette supposition est assez réaliste vu que la majorité des jeunes qui contractent la maladie ne développent pas de symptômes (près de 80% des cas d'après l'OMS) contrairement aux personnes âgées. Cela nous a permis de simplifier notre modèle en ne considérant pas les faibles départs de mise en quarantaine que l'on pourrait observer chez les employés. Toutefois, un nouveau compartiment de quarantaine pourrait être incorporé dans ce modèle pour prendre en compte ce scénario. D'autres stratégies de contrôle telles que la vaccination ou l'immunté bouclier ("shield immunity") peuvent aussi être adoptées dans ce modèle. Numériquement, nous avons étudié l'impact que pourrait avoir une combinaison de mesures sur les dynamiques de transmission. Cependant, une analyse de la sensibilité des paramètres du modèle serait plus appropriée pour évaluer lesquelles de ces mesures (guidées par les paramètres) influencent le plus les dynamiques de l'épidémie.

Références bibliographiques

- H. SHU, J. WANG : Global analysis on a class of multi-group SEIR model with latency and relapse. Mathematical Biosciences and Engineering, 13(1):209–225, 2016.
- [2] J. A. P. HEESTERBEEK, O. DIEKMANN et M. G. ROBERTS : The construction of next-generation matrices for compartmental epidemic models. *Journal of the Royal Society Interface*, 7:873–885, 2010.
- [3] J. WATMOUGH, P. VAN DEN DRIESSCHE : Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission. *Mathematical Biosciences*, 180:29–48, 2002.
- [4] M. Y. LI, H. GUO et Z. SHUAI : A graph-theoretic approach to the method of global Lyapunov functions. Proceedings Of The American Mathematical Society, 136(8):2793–2802, 2008.
- [5] A. BERMAN et R. J. PLEMMONS : Nonnegative Matrices in the Mathematical Sciences. Classics in Applied Mathematics. Society for Industrial and Applied Mathematics (SIAM), Philadelphia, 1994.
- [6] N. P. BHATIA et G. P. SZEGÖ : Dynamical Systems, Stability Theory and Applications. Lecture Notes in Mathematics. Springer-Verlag, Berlin, Heidelberg, New York, 1967.
- [7] S. E. EIKENBERRY et AL : To mask or not to mask: Modeling the potential for face mask use by the general public to curtail the covid-19 pandemic. *Infectious Disease Modelling*, 5:293–308, 2020.
- [8] M. Y. LI H. GUO et Z. SHUAI : Global stability of the endemic equilibrium of multigroup SIR epidemic models. *Canadian Applied Mathematics Quarterly*, 14(3), 2006.
- H. W. HETHCOTE et D. W. TUDOR : Integral equation models for endemic infectious diseases. Journal of Mathematical Biology, 9:37–47, 1980.
- [10] J. PANG J. WANG et X. LIU : Modelling diseases with relapse and nonlinear incidence of infection: a multi-group epidemic model. *Journal of Biological Dynamics*, 8(1):99–116, 2014.
- [11] J. PANG J. WANG, X. LIU et D. HOU : Global dynamics of a multi-group epidemic model with general exposed distribution and relapse. Osaka J. Math., 52:117–138, 2015.
- [12] M. Y. LI et Z. SHUAI : Global-stability problem for coupled systems of differential equations on networks. *Journal of Differential Equations*, 218:1–20, 2010.
- [13] Z. MCCARTHY et AL : Quantifying the shift in social contact patterns in response to non-pharmaceutical interventions. *Journal of Mathematics in Industry*, 10(28), 2020.
- [14] R. K. MILLER : Nonlinear Volterra Integral Equations. Mathematics Lecture Note Series. W. A. Benjamin, Inc, Menlo Park, California, 1971.
- [15] J. PANG N. WANG et J. WANG : Stability analysis of a multigroup SEIR epidemic model with general latency distributions. *Hindawi, Abstract and Applied Analysis*, Volume 2014:Article ID 740256, 8 pages, 2014.
- [16] Z. SHUAI et P. VAN DEN DRIESSCHE : Impact of heterogeneity on the dynamics of an SEIR epidemic model. *Mathematical Biosciences and Engineering*, 9(2):393–411, 2012.

- [17] H. R. THIEME : Asymptotically autonomous differential equations in the plane II. Stricter Poincare/Bendixson type results. *Differential and Integral Equations*, 7(6):1625–1640, 1994.
- [18] S. MURAKAMI Y. HINO et T. NAITO : Functional Differential Equations with Infinite Delay. Lecture Notes in Mathematics. Springer-Verlag, Berlin, 1991.

Annexe A

Préliminaires sur la théorie des graphes

A.1. Définitions

Une matrice positive A est dit réductible s'il existe une matrice de permutation Q telle que :

$$QAQ^T = \begin{bmatrix} A_1 & 0\\ A_2 & A_3 \end{bmatrix}$$

où A_1, A_3 sont des matrices carrées. Une matrice non réductible est dit irréductible. Une matrice ayant tous ses coéfficients non nuls est irréductible. L'irréductibilité de A peut aussi être vérifiée en utilisant les graphes orientés qui lui sont associés.

Soit $A = (a_{ij})$ une matrice positive, le graphe orienté G(A), associé à A, a les sommets $\{1, 2, \dots, n\}$ avec une arête (i, j) orientée de i vers j si et seulement si $a_{ij} \neq 0$. Il est fortement connecté si tout couple de sommets distincts est joint par un chemin orienté. La matrice A est irréductible si et seulement si G(A) est fortement connecté [5]. Un arbre est un graphe connecté qui n'admet pas de cycle. Un sous-arbre T d'un graphe G est dit couvrant si T contient tous les sommets de G. Un arbre orienté est un arbre où les arêtes sont orientées, c'est-à-dire qu'elles ont une direction. On dit qu'un arbre orienté est enraciné en un noeud (ou sommet), appelé racine, si toute arête est orientée vers la direction de la racine. Un cycle orienté d'un graphe orienté constitué d'une collection d'arbres orientés, enracinés et disjoints dont les racines sont sur un cycle orienté.

A.2. Théorème de Kirchhoff

Pour une matrice positive $B = (\beta_{ij})$, soit :

$$\overline{B} = \begin{bmatrix} \sum_{l \neq 1} \overline{\beta}_{1l} & -\overline{\beta}_{21} & \cdots & -\overline{\beta}_{n1} \\ -\overline{\beta}_{12} & \sum_{l \neq 2} \overline{\beta}_{2l} & \cdots & -\overline{\beta}_{n2} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ -\overline{\beta}_{1n} & -\overline{\beta}_{2n} & \cdots & \sum_{l \neq n} \overline{\beta}_{nl} \end{bmatrix}$$
(A.2.1)

la matrice laplacienne du graphe orienté G(B) et C_{ij} le cofacteur des entrées (i,j) de \overline{B} . pour le système linéaire

$$\overline{B}v = 0, \tag{A.2.2}$$

nous avons le résultat suivant (voir les détails de la preuve dans [4]).

Théorème A.2.1 (Kirchhoff's matrix tree theorem). Supposons que $n \ge 2$ et que A est irréductible. Alors nous avons les résultats suivants :

- (1) L'espace des solutions du système (A.2.2) est de dimension 1, avec comme base $(v_1, v_2, \dots, v_n) = (C_{11}, C_{22}, \dots, C_{nn}).$
- (2) Pour $1 \le k \le n$,

$$C_{kk} = \sum_{T \in T_k} w(T) = \sum_{T \in T_k} \prod_{(r,m) \in E(T)} \beta_{rm} > 0,$$
(A.2.3)

où T_k est l'ensemble de tous les sous arbres couvrants orientés de G(B) qui sont enracinés au sommet k, w(T) est le poids de l'arbre orienté T, et E(T) est l'ensemble des arêtes orientées dans T.

Annexe B

Quelques définitions utiles

Voici quelques définitions utiles sur la stabilité par la méthode de Lyapunov [4].

Soit $f : x \mapsto f(x) \in \mathbb{R}^N$ une fonction définie dans un ouvert $D \subset \mathbb{R}^N$ telle que l'équation différentielle

$$x' = f(x), \quad x \in D \tag{B.0.1}$$

admet une unique solution $f(t,x_0)$ pour une condition initiale $x_0 \in D$ donnée. Un point d'équilibre $\overline{x} \in D$ est dit globalement stable dans D s'il est localement stable et que $x(t,x_0) \rightarrow \overline{x}$, si $t \rightarrow \infty$ pour tout $x_0 \in D$.

Une fonction $x \mapsto V(x) \in \mathbb{R}$ est appelée une fonction globale de Lyapunov de l'équation (B.0.1) pour pour D, si $V'(x) = \operatorname{grad} V(x) \cdot f(x) \leq 0, x \in D$.

Un théorème classique de Lyapunov énonce que si :

(1) $V(x) \ge 0$ pour $x \in D$ et V(x) = 0 si et seulement si $x = \overline{x}$,

(2) $V'(x) \leq 0$ pour $x \in D$ et V'(x) = 0 si et seulement si $x = \overline{x}$,

alors \overline{x} est globalement stable dans D.

Le théorème de Lyapunov a été étendu comme Principe d'Invariance de LaSalle qui stipule que : si V(x) est une fonction globale de Lyapunov dans D, alors tous les ensembles oméga limite de (B.0.1) sont contenus dans le sous-ensemble compact maximal invariant K de $G = \{x \in D : V'(x) = 0\}$. En particulier, si D est positivement invariant et $K = \{\overline{x}\}$, alors $x(t,x_0) \to \overline{x}$, quand $t \to \infty$, c'est à dire la stabilité globale. On note que cela implique aussi la stabilité locale de \overline{x} , car sinon K contiendrait un orbite complet qui n'est pas constant.

Les propriétés suivantes sur les matrices positives sont standards (voir [5] pour plus de détails).

(1) Si A est une matrice positive, alors le rayon spectral $\rho(A)$ de A est une valeur propre, et A admet un vecteur propre positif associé à $\rho(A)$.

- (2) Si A est une matrice positive et irréductible, alors $\rho(A)$ est une valeur propre simple, et A admet un vecteur propre positif x associé à $\rho(A)$.
- (3) Si $0 \le A \le B$, alors $\rho(A) \le \rho(B)$. De plus, si $0 \le A < B$ et que A + B est irréductible, alors $\rho(A) < \rho(B)$.