

REPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET POPULAIRE
UNIVERSITE ABOU BEKR BELKAID - TLEMCEM -
Faculté des Sciences
Département de Mathématiques



Projet de fin d'études pour l'obtention du diplôme de Master

Option : Systèmes dynamiques et Applications

Sur le Thème:

Méthode d'agrégation des variables appliquée à la dynamique des populations

Présenté par:

M^{elle} **CHEBAHI Ikram**

Soutenu le : 04/10/2012 devant le jury composé de:

M^r **B. ABDELLAOUI**

M^r **K. YADI**

M^r **S. E. MIRI**

M^r **A. MOUSSAOUI**

M.C.A. Université de Tlemcen

M.C.A. Université de Tlemcen

M.A.A. Université de Tlemcen

M.C.A. Université de Tlemcen

Président

Examineur

Examineur

Encadreur

Année Universitaire : 2011- 2012

Dédicaces

Je dédie ce modeste travail à

Mes très chers parents, pour leur sacrifices, et qui n'ont jamais cessé de m'encourager que
ALLAH me les garde.

Mes très chères sœurs : **Souhila** et son mari **Ayache, Mérième**.

Mes très chers frères **Karim** et **Mohamed**

Magrand-mère que dieu me le garde

Mes amies qui me connaissent de prêt et de loin et spécialement :
Chaima, Hayate, Amel, Mérième, Kheira.

Ikram

Remerciements

Je remercie tout d'abord **ALLAH** tout puissant pour m'avoir donné la santé, la patience et le courage pour mener à terminer ce mémoire.

Je tiens en tout deuxième lieu à témoigner ma plus profonde gratitude à mon encadreur Monsieur **A. MOUSSAOUI** qui a dirigé ce travail, de m'avoir encadré et proposé un sujet aussi passionnant et intéressant. Sa disponibilité permanente et son aide m'ont été d'un soutien dont je lui suis particulièrement reconnaissant. Sa compétence et ses conseils m'ont été d'un grand secours. Encore merci !

Par ailleurs, je tiens à exprimer mes vifs remerciements au président du jury Monsieur **B. ABDELLAOUI**.

Je remercie très respectueusement Monsieur **K. YADI** et Monsieur **S. E. MIRI** qui ont consacré leur temps à bien examiner et juger mon travail d'une façon minutieuse.

D'autre part, j'adresse une chaleureuse pensée à toute l'équipe pédagogique du Département de Mathématiques surtout le Chef du Département Monsieur **M. MEBKHOUT**.

En fin, un grand merci à toute personne m'ayant aidée et guidée pour la réalisation de Cette étude.

Résumé

Dans ce memoire, nous présenterons la "méthode d'agrégation des variables" qui a pour but de construire à partir d'un modèle complexe, un modèle réduit ne gouvernant que quelques variables globales évoluant à une échelle de temps lente. Cette méthode est basée sur la constatation que les systèmes dynamiques présentent une organisation "hiérarchique" (c'est-à-dire. En niveaux d'organisation emboîtés, du plus macroscopique au plus microscopique), avec des échelles de temps caractéristiques de chacun de ces niveaux assez différentes. Nous présenterons aussi des applications en dynamique de population. Le premier exemple concerne un modèle autonome de proie-prédateur dans lequel le prédateur est infecté par une maladie et nous étudions les effets d'une maladie qui affecte un prédateur. Nous finirons notre travail par la présentation d'un exemple du modèle épidémique SIS à plusieurs souches périodiques non autonomes dans un milieu constitué par un ensemble de sites discrets connectés par des migrations à une échelle de temps rapide.

Mots clés :

Agrégation de variables, Modèle de Lotka-Volterra, équations différentielles ordinaires, dynamique de population, stabilité, modèles épidémiologiques, échelles de temps.

Abstract

In this memory, we will present the "method of aggregation of variables" which is intended to build from a complex model, a model that does some global variables governing moving at a slow time scale. This method is based on the observation that the systems have a dynamics organization "hierarchical" (that is to say. In level of organization nested, from the macroscopic to the most microscopic), with characteristic time scales of each of these levels are quite different. We also present applications in population dynamics. The first example concerns an autonomous model of predator-prey in which the predator is infected with a disease and we study the effects of a disease affecting a predator. We will finish our work by presenting an example of periodic multi strain SIS epidemic model non autonomous in an environment consisting of a set of discrete sites connected by migration at the fast time scale.

Key words:

Aggregation of variables, Lotka-Volterra model, ordinary differential equations, population dynamics, Stability, epidemiological models, Time scales.

Table des matières

Introduction générale	7
1. Notions préliminaires	8
1.1 Notions sur la stabilité.....	8
1.1.1 Définition de la stabilité	8
1.1.2 Fonction de Lyapunov	9
1.1.3 Stabilité au sens de Lyapunov	9
1.1.4 Principe d'invariance de Lasalle	10
1.2 Taux de reproduction de base \mathcal{R}_0	11
1.2.1 Introduction	11
1.2.2 Méthode de calcul de \mathcal{R}_0	11
2. La méthode d'agrégation des variables pour le système autonome	13
2.1 Définitions et notations	13
2.2 Théorème de réduction	15
2.3 Exemple d'application	16
3. Effets d'une maladie qui affecte un prédateur sur la dynamique de système proie-prédateur	20
3.1 Introduction.....	20
3.2 Formulation mathématique	20
3.2.1 Le modèle agrégé.....	21
3.2.1.1 1 ^{ère} Cas : $\mathcal{R}_0 < 1$	21
3.2.1.2 2 ^{ème} Cas : $\mathcal{R}_0 > 1$	21
3.2.1.3 Dynamique du système agrégé	22
3.2.2 Équilibres et stabilités	22
3.2.3 Simulation numérique	25
3.3 Commentaires	28
3.4 Conclusion	29
4. La méthode d'agrégation des variables pour le système non autonome	30

4.1 Système lent-rapide.....	30
4.2 Théorème de Hoppensteadt	31
5. Agrégation approximative d'un modèle épidémique SIS périodiques à plusieurs souches non-autonomes	33
5.1 Introduction	33
5.2 Modèle épidémique SIS à plusieurs souches avec des migrations rapides	33
5.3 Réduction du modèle	34
5.4 Analyse du modèle agrégé	36
5.5 Conclusion	41
Conclusion générale	43
Bibliographie	44

Introduction générale

Dans le domaine de la dynamique des populations, nous sommes confrontés à prendre en considération les structures internes des populations. Une communauté est un ensemble de plusieurs populations en interaction, elles-mêmes subdivisées en des sous-populations distribuées spatialement sur des sites. La prise en considération d'un niveau de description détaillé en dynamique de population conduit alors à des modèles mathématiques composés d'un système d'équations comportant un grand nombre de variables d'état et consistant en deux parties : une rapide et une lente, qui sont en général difficiles à étudier analytiquement. La prise en compte d'échelles de temps différentes dans un modèle de dynamique de population permet de réduire la dimension du système dynamique. Cette opération s'appelle une agrégation de variables. L'objectif principal de la méthode d'agrégation des variables réside principalement dans la réduction de la dimension du système dynamique initial en un système agrégé administrant peu de variables globales évoluant à une échelle de temps lente.

Ce travail s'articule en cinq chapitres:

Dans le premier chapitre, nous faisons quelques rappels sur les notions de base des systèmes dynamiques. Qui vont nous servir dans ce mémoire.

Dans le deuxième chapitre, on présente la méthode d'agrégation des variables pour les systèmes d'Equations Différentielles Ordinaires (E.D.O) dans le cas autonome. Ce chapitre est basé sur les travaux [1], [2] et [3].

Dans le troisième chapitre, on étudie la dynamique d'un système proie-prédateur, ou on suppose que les prédateurs sont infectés. On étudie l'effet de la maladie sur la dynamique globale des deux populations. Le contenu de ce chapitre n'est autre qu'une présentation détaillée et développée de l'article [5].

Dans le quatrième chapitre, on présente la méthode d'agrégation pour les modèles non autonomes.

Dans le dernier chapitre, on étudie un modèle SIS périodique à plusieurs souches à l'aide de la méthode d'agrégation des variables on construit un modèle agrégé qui permet d'étudier certaines caractéristiques du comportement asymptotique du modèle originale. Ce chapitre est basé sur les travaux [6], [8].

On termine par une conclusion générale.

Chapitre 1

Notions préliminaires

Nous allons consacrer ce premier chapitre à rappeler quelques notions nécessaires et préalables à une bonne compréhension de l'étude des modèles auxquels nous serons confrontés tout au long de ce mémoire.

1.1 Notions sur la stabilité

1.1.1 Définition de la stabilité

Considérons un système continu autonome décrit par une équation différentielle du premier ordre :

$$\dot{x} = f(x), \quad x \in \mathbb{R}^n \quad (1.1)$$

Une notion qui est primordiale dans l'étude de la stabilité est la notion de point d'équilibre.

Définition 1.1 x_0 est appelé point d'équilibre pour le système (1.1) s'il est vérifié l'équation

$$f(x_0) = 0 \quad (1.2)$$

Remarque 1.1 : tout point d'équilibre peut être ramené à l'origine par un simple changement de variable $x \leftarrow x - x_0$. Donc, sans perte de généralité, les définitions et théorèmes qui suivent seront établis en considérant :

$$x_0 = 0 \quad (1.3)$$

Définition 1.2 (Stabilité simple) le point d'équilibre $x_0 = 0$ est stable :

Si $\forall \rho > 0, \exists r > 0$ tel que :

$$\|x(t=0)\| < r \Rightarrow \|x(t)\| < \rho \quad \forall t > 0 \quad (1.4)$$

Sinon le point d'équilibre est instable.

Définition 1.3 (Stabilité asymptotique) le point d'équilibre $x_0 = 0$ est asymptotiquement stable si :

- Il est stable
- Il existe $r > 0$ tel que :

$$\|x(0)\| < r \Rightarrow \lim_{t \rightarrow \infty} \|x(t)\| = 0 \quad (1.5)$$

Dans chacune des définitions précédentes, la stabilité est définie de manière locale puisque est reliée à la notion de voisinage.

Définition 1.4 (stabilité globale) l'équilibre $x_0 = 0$ est dit globalement asymptotiquement stable, s'il est stable asymptotiquement pour n'importe quelle condition initiale dans \mathbb{R}^n .

1.1.2 Fonction de Lyapunov

Définition 1.5

Soit $V: \Omega \rightarrow \mathbb{R}$ une fonction continue, Où Ω : désigne un ouvert non vide de \mathbb{R}^n ($n \in \mathbb{N}^*$) contenant l'équilibre x_0 . On dira que $V(x)$ est définie positive (respectivement définie négative) si seulement si :

1. $V(x_0) = 0$;
2. $V(x) > 0$ (respectivement $V(x) < 0$), $\forall x \in \Omega \setminus \{x_0\}$.

Elle est dite semi-définie positive (respectivement semi-définie négative) si seulement si :

1. $V(x_0) = 0$;
2. $V(x) \geq 0$ (respectivement $V(x) \leq 0$), $\forall x \in \Omega$.

Définition 1.6 (fonction de Lyapunov)

Une fonction V de classe \mathbb{C}^1 définie positive et dont la dérivée \dot{V} par rapport au système (1.1) est définie négative sur Ω est appelée fonction de Lyapunov stricte pour le système (1.1).

Si V est de classe \mathbb{C}^1 , semi-définie positive et $\dot{V} \leq 0$ sur Ω , alors V est une fonction de Lyapunov faible pour le système (1.1)

La théorie de Lyapunov joue un rôle central dans l'étude théorique de la stabilisation des systèmes non linéaires.

1.1.3 Stabilité au sens de Lyapunov

Théorème 1.1

- Si la fonction V est défini positive et \dot{V} semi-définie négative sur Ω , alors le point d'équilibre x_0 est stable pour le système (1.1).

- Si la fonction V est défini positive et \dot{V} définie négative sur Ω , alors x_0 est un point d'équilibre asymptotiquement stable pour le système (1.1).

Ce théorème nous dit que pour montrer qu'un point d'équilibre x_0 est stable, il suffit de trouver une fonction de Lyapunov en ce point. De plus, afin d'utiliser le théorème original de Lyapunov pour prouver la stabilité asymptotique d'un système donné, nous devons trouver une fonction V définie positive sur un ouvert contenu le point d'équilibre dont la dérivée \dot{V} est définie négative.

En général, il s'agit là d'une tâche difficile. La condition sur la dérivée \dot{V} peut être allégée en employant le principe d'invariance de LaSalle que nous présentons ci-dessous

1.1.4 Principe d'invariance de LaSalle

Théorème 1.2

Soit Ω un sous-ensemble de \mathbb{R}^n ; supposons que Ω est un ouvert positivement invariant pour le système (1.1). Soit $V: \Omega \rightarrow \mathbb{R}$ une fonction de classe \mathcal{C}^1 contenu le point d'équilibre x_0 telle que :

1. $\dot{V}(x) \leq 0$ sur Ω ;
2. Soient $E = \{x \in \Omega; \dot{V}(x) = 0\}$ et L le plus grand ensemble positivement invariant, $L \subset E$.

Alors, toute solution bornée commençant dans Ω tend vers l'ensemble L lorsque le temps tend vers l'infini.

Ce théorème est un outil très utile pour l'analyse des systèmes ; à la différence du théorème de Lyapunov, il n'exige ni de la fonction V d'être définie positive, ni de sa dérivée d'être définie négative. Cependant, il fournit seulement des informations sur l'attractivité du système considéré au point d'équilibre x_0 . Par exemple, il ne peut être employé pour prouver que des solutions tendent vers un point d'équilibre que lorsque l'ensemble L est réduit à ce point d'équilibre. Il n'indique pas si ce point d'équilibre est stable ou pas. Lorsque nous voulons établir la stabilité asymptotique d'un point d'équilibre x_0 de Ω , nous employons le corollaire suivant qui est une conséquence du principe d'invariance de LaSalle.

Corollaire 1.2 Supposons que $\Omega \subset \mathbb{R}^n$ est un ouvert connexe tel que $x_0 \in \Omega$. Soit $V: \Omega \rightarrow \mathbb{R}$ une fonction définie positive et de classe \mathcal{C}^1 telle que $\dot{V}(x) \leq 0$ sur Ω . Soit $E = \{x \in \Omega; \dot{V}(x) = 0\}$; supposons que le plus grand ensemble positivement invariant contenu dans E est réduit au point x_0 .

Alors x_0 est un point d'équilibre asymptotiquement stable pour le système (1.1).

Si $\Omega = \mathbb{R}^n$ et de plus $\lim_{\|x\| \rightarrow +\infty} V(x) = +\infty$, alors toutes les trajectoires sont bornées pour tout $t \geq 0$ et x_0 est un point d'équilibre globalement asymptotiquement stable pour le système (1.1).

1.2 Taux de reproduction de base \mathcal{R}_0

1.2.1 Introduction

Introduisons le nombre de reproduction de base couramment appelé \mathcal{R}_0 qui, sous certaines conditions permet d'étudier la stabilité des points d'équilibre d'un système dynamique. Ce paramètre généralement utilisé dans la modélisation en épidémiologie est un concept clé et une des idées importantes que les mathématiciens ont apporté à la théorie des épidémies.

Cette quantité, est le nombre moyen de cas secondaires produits par un individu infectieux au cours de sa période d'infectiosité, dans une population totalement constituée de susceptibles.

1.2.2 Méthode de calcul de \mathcal{R}_0

Dans ce paragraphe, nous allons considérer la définition du \mathcal{R}_0 suivant l'article de P. Van Den Driessche et J. Watmough [16]. On considère un modèle épidémiologique comportant n classes ou compartiments. Le vecteur x représente l'état du système et x_j , $j = 1, \dots, n$ est le nombre d'individus dans le compartiment j . Les compartiments sont ordonnés de tel sorte que les m premiers compartiments sont correspondent à des états infectés (latents, infectieux ...). Et les derniers sont correspondent à des individus libres de l'infection (susceptibles ...). Soit $X_s = \{x \geq 0, x_j = 0, j = 1, \dots, m\}$ l'ensemble de tous les états sans maladie.

Soient $\mathcal{F}_j(x)$ le taux d'apparition des nouveaux infectés dans le compartiment j , $v_j^+(x)$ le taux de transfert (entrant) des individus dans le compartiment j par toute autre cause et $v_j^-(x)$ le taux de transfert (sortant) des individus hors du compartiment j . Chaque fonction est supposée être au moins deux fois différentiable par rapport à la variable x .

La dynamique de la population du compartiment j est donnée par :

$$\frac{dx_j}{dt} = \dot{x}_j = \mathcal{F}_j(x) + v_j^+(x) - v_j^-(x)$$

Les fonctions \mathcal{F}_j , v_j^+ et v_j^- sont supposées vérifier les hypothèses (A1), ..., (A5) décrites ci-dessous :

(A1) : si $x \geq 0$, alors $\mathcal{F}_j(x), v_j^+(x), v_j^-(x) \geq 0$.

(A2) : si $x_j = 0$, alors $v_j^- = 0$. En particulier, si $x \in X_s$ alors $v_j^- = 0$ pour $j = 1, \dots, m$.

(A3) : si $j > m$, alors $\mathcal{F}_j(x) = 0$.

(A4) : si $x \in X_s$, alors $\mathcal{F}_j(x) = v_j^+(x) = 0$ pour $j = 1, \dots, m$.

(A5) : si $\mathcal{F}(x) = 0$, le système admet un équilibre x^* LAS (localement asymptotiquement stable), i.e. $D(v^+ - v^-)(x^*)$ à des valeurs propres à partie réelle strictement négative.

On va essayer de définir le nombre moyen de ré-infections produit par un individu infecté dans une population au voisinage d'un équilibre sans maladie DFE (disease free equilibrium). Pour cela on va considérer la dynamique du système linéarisé au voisinage du DFE, avec la ré-infection bloquée :

$$J(x^*) = D\mathcal{F}(x^*) - Dv(x^*) = D\mathcal{F}(x^*) - D(v^+ - v^-)(x^*)$$

Le lemme suivant précise la structure du système linéarisé $J(x^*)$.

Lemme (P. Van Driessche et J. Watmough [16])

Si x^* est un DFE, alors les matrices $D\mathcal{F}(x^*)$ et $Dv(x^*)$ se décomposent en blocs :

$$D\mathcal{F}(x^*) = \begin{bmatrix} F & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \quad \text{et} \quad Dv(x^*) = \begin{bmatrix} V & 0 \\ J_1 & J_2 \end{bmatrix}$$

Où $F \geq 0$ (matrice définie positive) et V est une matrice de Metzler stable.

$$F = \left[\frac{\partial F_j(x^*)}{\partial x_i} \right] \quad \text{et} \quad V = \left[\frac{\partial V_j(x^*)}{\partial x_i} \right] \quad \text{Avec} \quad i, j = 1, \dots, n$$

Définition 1.7 $\mathcal{R}_0 = \rho(-FV^{-1})$

Où ρ est le rayon spectral, i.e. le plus grand module des valeurs propres de la matrice de la génération suivante (next generation matrix).

Interprétation de la matrice $-FV^{-1}$

Considérons un individu infecté introduit dans un compartiment $k < m$ d'une population sans maladie. L'entrée (j, k) de la matrice $-V^{-1}$ est le temps moyen que l'individu passera dans le compartiment j au cours de sa vie, en supposant que l'on a bloqué la ré-infection.

L'entrée (j, k) de la matrice F est la vitesse à laquelle un infecté dans le compartiment k produit des infections dans le compartiment j . Ainsi, l'entrée (j, k) de $-FV^{-1}$ est le nombre espéré des nouvelles infections dans le compartiment j produit par un individu infecté introduit originellement dans le compartiment k . La matrice $-FV^{-1}$ est appelée la « next generation matrix ».

Chapitre 2

La méthode d'agrégation des variables pour les systèmes d'équations différentielles ordinaires

Ce chapitre comporte trois parties, qui a pour but de construire à partir d'un modèle complexe contenant un grand nombre de variable d'état un modèle agrégé gouvernant la dynamique de quelques variables globale à l'échelle du temps lent.

2.1 Définitions et notations

On considère un ensemble de plusieurs populations, appelé système, décomposé en sous-populations appelées états. Chaque état correspond par exemple à un site dans l'espace, ou bien à une activité, à un type de comportement.

On note n_i^α la densité de l'état i de la population α , où $\alpha = 1, \dots, A$, $i = 1, \dots, N_\alpha$. On dit que n_i^α est une variable d'état. Soient N_α le nombre d'états de la population α , et A le nombre de populations. Enfin, on note n , le vecteur dont les composantes sont les densités des états i de la population α .

$$(n_1^1, n_2^1, \dots, n_{N_1}^1, n_1^2, \dots, n_{N_2}^2, \dots, n_1^\alpha, n_2^\alpha, \dots, n_{N_\alpha}^\alpha, \dots, n_1^A, n_2^A, \dots, n_{N_A}^A)$$

La dynamique des états, donnée par la dérivée des variables d'états, est supposée rapide par rapport à la dynamique des populations, ceci signifie que l'on suppose que les migrations, c'est-à-dire les changements de milieux, où d'activités, se font rapidement par rapport à la croissance globale des populations, et à l'effet des interactions entre celles-ci.

En utilisant ces notations, on propose alors un modèle initial suivant :

$$\frac{dn_i^\alpha}{d\tau} = F_i^\alpha(n) + \varepsilon f_i^\alpha(n) \quad (2.1)$$

Les fonctions F_i^α et f_i^α correspondent respectivement au processus rapide et lente qui affectent n_i^α , et ε est un réel positif suffisamment petit ($\varepsilon \ll 1$).

Le modèle (2.1) est décrit par un ensemble d'équations différentielles simples (O.D.E.) gouverné par plusieurs variables appelées micro- variables. Ce modèle contient K équations.

Où K : représente le nombre total de micro variable. Plus précisément, nous avons:

$$K = \sum_{\alpha=1}^A N_{\alpha}$$

Nous voulons maintenant construire un modèle qui décrit le système au niveau macro variable, une macro variable est une variable variant lentement, c'est une intégrale première de la dynamique rapide, plus précisément nous allons définir $Y_j, j = 1, \dots, N$. Une telle variable peut être définie comme une fonction de n . Le fait que Y_j est une variable lente signifie que sa dérivée par rapport à τ est de l'ordre ε :

$$Y_j = \phi_j(n) \quad j = 1, \dots, N \quad (2.2a)$$

$$\frac{dY_j}{d\tau} = \sum_{\alpha=1}^A \sum_{i=1}^{N_{\alpha}} \frac{\partial \phi_j(n)}{\partial n_i^{\alpha}} \frac{dn_i^{\alpha}}{d\tau} = O(\varepsilon) \quad (2.2b)$$

La seconde équation (2.2b), associée à l'équation (2.1) implique l'égalité suivante :

$$\sum_{\alpha=1}^A \sum_{i=1}^{N_{\alpha}} \frac{\partial \phi_j(n)}{\partial n_i^{\alpha}} F_i^{\alpha}(n) = 0 \quad j = 1, \dots, N \quad (2.3)$$

D'où les équations de macro-variables s'écrivent comme suite :

$$\frac{dY_j}{d\tau} = \varepsilon \sum_{\alpha=1}^A \sum_{i=1}^{N_{\alpha}} \frac{\partial \phi_j(n)}{\partial n_i^{\alpha}} f_i^{\alpha}(n) \quad j = 1, \dots, N \quad (2.4)$$

Le système (2.4) est composé de N équations alors que le système initial (2.1) est composé de K équations.

Puisque le système est plus détaillé au niveau micro, nous devrions avoir $N \ll K$, pour utiliser les macro-variables, nous remplaçons les N micro-variables dans le modèle complet (2.1) par quelques expressions en fonction des macro-variables, et cela est possible dans les conditions suivantes :

Nous supposons que l'ensemble des N équations (2.2a) permet d'écrire N variables parmi les micro-variables $n_i^{\alpha}, \alpha = 1, \dots, A, i = 1, \dots, N_{\alpha}$, comme une fonction des macro-variables Y_j , nous avons donc traité K variables où N sont des macro-variables et $K - N$ sont des micro-variables. Ce système est formé par $K - N$ équation du système (2.1) et N équation du système (2.4). Autrement dit, nous effectuons un changement de variable $n \rightarrow (X, Y)$.

Avec ce changement de variable, le système obtenu est celui que nous utilisons dans le prochain paragraphe ; il s'écrit de la manière suivante :

$$\begin{cases} \frac{dX_i}{d\tau} = F_i(X, Y) + \varepsilon f_i(X, Y) & i = 1, \dots, K - N \\ \frac{dY_j}{d\tau} = \varepsilon G_j(X, Y) & j = 1, \dots, N \end{cases} \quad (2.5)$$

Avec

$$G_j(X, Y) = \sum_{\alpha=1}^A \sum_{i=1}^{N_\alpha} \frac{\partial \phi_j(X, Y)}{\partial n_i^\alpha} f_i^\alpha(X, Y) \quad j = 1, \dots, N$$

Dans cette forme, le modèle est appelée un système lent-rapide.

2.2 Théorème de réduction

Afin d'effectuer l'analyse, nous ajoutons au système (2.5) l'équation $\frac{d\varepsilon}{d\tau} = 0$.

$$\begin{cases} \frac{dX_i}{d\tau} = F_i(X, Y) + \varepsilon f_i(X, Y) & i = 1, \dots, K - N & (2.6a) \\ \frac{dY_j}{d\tau} = \varepsilon G_j(X, Y) & j = 1, \dots, N & (2.6b) \\ \frac{d\varepsilon}{d\tau} = 0 & & (2.6c) \end{cases} \quad (2.6)$$

Les composants de la variable lente Y dans \mathbb{R}^N représentent les densités globales des populations, et les composantes de la variable rapide X dans \mathbb{R}^{K-N} représentent les densités d'états.

Les conditions de la réduction sont les suivantes :

- (C1) Lorsque ε est nul dans le système (2.6), alors Y est une constante. Nous supposons que, pour chaque $Y \in \mathbb{R}^N$, il existe au moins un équilibre $(X = X^*(Y), Y, 0)$, Définie par $F_i(X^*(Y), Y) = 0$, $i = 1, \dots, K - N$.
Nous définissons l'ensemble :

$$\mathcal{M}_0 = \{(X, Y, \varepsilon); X = X^*(Y); \varepsilon = 0\}$$

- (C2) Notons $J(Y)$ de la partie linéaire du système (2.6) autour de l'équilibre $(X^*(Y), Y, 0)$.

Nous supposons que la matrice Jacobienne $J(Y)$ à $K - N$ valeurs propres de partie réelles strictement négatives, et $N+1$ valeurs propres de parties réelles nulles, avec cette condition l'ensemble \mathcal{M}_0 est normalement hyperbolique. (Voir définition 2.1)

Définition 2.1 La variété \mathcal{M}_0 est dite normalement hyperbolique si la linéarisation du système (2.6) en chaque point de \mathcal{M}_0 à exactement $N+1$ valeurs propres de parties réelles nulles.

Sous ces conditions (C1) et (C2), et avec les mêmes notations, Fénichel a énoncé le théorème de réduction suivant :

Théorème 2.1 Pour tout compact Ω de \mathbb{R}^N , et tout entier naturel $r > 1$, il existe un nombre réel ε_0 et une application ψ de classe C^r en Y et ε .

$$\begin{aligned} \psi : \Omega \times [0, \varepsilon_0] &\longrightarrow \mathbb{R}^{K-N} \\ (Y, \varepsilon) &\longmapsto X = \psi(Y, \varepsilon) \end{aligned}$$

tels que

- (1) $\psi(Y, 0) = X^*(Y)$
- (2) le graphe W de ψ est invariant pour le flot qui défini par le champ de vecteur (2.6).
- (3) W est tangente à la centrale E^c en tout point $(X^*(Y), Y, 0) \in \mathcal{M}_0$.

E^c : L'espace propre associé aux valeurs propres de $J(Y)$ avec la partie réelle nulle.

Cela signifie que nous pouvons considérer l'approximation de la restriction du système $X'_i = F_i(X, Y)$ à la variété centrale W , qui nous permet de réduire la dimension du modèle.

Le système réduit appelé modèle agrégé est la suivante :

$$\frac{dY_j}{dt} = G_j(\psi(Y, \varepsilon), Y)$$

Décrit dans ce cas la dynamique lente sur la variété centrale.

Où $t = \varepsilon\tau$. Puisque ε est petit, nous approchons le système précédent par :

$$\frac{dY_j}{dt} = G_j(\psi(Y, 0), Y)$$

Ce système décrit dans ce cas l'approximation à l'ordre 0 de la dynamique lente.

En outre, lorsque ψ est de classe C^r , nous pouvons calculer le développement de Taylor de la variété invariante à l'ordre 1.

2.3 Exemple d'application

On considère un système de proie-prédateur dans lequel la proie possède un refuge. On suppose que la proie peut migrer entre le refuge et un site où elle est exploitée par le prédateur. On suppose de plus que cette migration est un processus plus rapide que les processus de croissance et de prédation.

On peut formaliser ces hypothèses au moyen du modèle suivant :

$$\begin{cases} \frac{dn_1}{d\tau} = m_2 n_2 - m_1 n_1 + \varepsilon n_1 (r_1 - ap) \\ \frac{dn_2}{d\tau} = m_1 n_1 - m_2 n_2 + \varepsilon n_2 r_2 \\ \frac{dp}{d\tau} = \varepsilon p (bn_1 - d) \end{cases} \quad (2.7)$$

Où n_i est la densité des proies sur le site i , ($i = 1,2$) et p est la densité des prédateurs sur le site 1, le coefficient $r_i > 0$ est le taux de croissance intrinsèque des proies sur le site i , ($i = 1,2$). Le coefficient a est le taux d'attaque des proies par les prédateurs (i.e. est le taux de proie en site 1 qui disparaît à cause de la prédation exercée par prédateur en site 1). Le coefficient b est le taux de prédateurs en site1, 'produit' par la prédation sur des proies en site 1. Le paramètre m_2 représente le taux de migration des proies de site 2 à 1, le taux de migration des proies du site 1 à 2 est supposé d'être dépendantes de la densité des prédateurs que l'on note par m_1 , d est le taux de mortalité des prédateurs. Dans cet exemple, le site 1 est celui où la proie est exploitée et le site 2 est son refuge.

Notons n la densité globale des proies, $n = n_1 + n_2$ et définissons les fréquences des proies sur chaque site par $u_1 = \frac{n_1}{n}$ et $u_2 = \frac{n_2}{n}$. Avec ces variables, nous pouvons écrire le système (2.7) de la manière équivalente suivante :

$$\begin{cases} \frac{du_1}{d\tau} = m_2 - (m_1 + m_2)u_1 + \varepsilon u_1(1 - u_1)(r_1 - r_2 - ap) & (2.8a) \\ \frac{dn}{d\tau} = \varepsilon n(r_1 u_1 + r_2 u_2 - a u_1 p) & (2.8b) \quad (2.8) \\ \frac{dp}{d\tau} = \varepsilon p(b u_1 n - d) & (2.8c) \end{cases}$$

Ce système contient 3 équations, on va utiliser la méthode d'agrégation pour construire un système de deux équations gouvernant la dynamique des densités des proies et des prédateurs.

On suppose que la partie rapide (donnée par (2.8) et $\varepsilon = 0$) admet un équilibre hyperboliquement stable en fréquence. Il est solution du système d'équations linéaires suivant :

$$\begin{cases} m_2 - (m_1 + m_2)u_1 = 0 \\ u_2 = 1 - u_1 \end{cases}$$

Ce qui est équivalent à :

$$u_1^* = \frac{m_2}{m_1 + m_2} \quad \text{et} \quad u_2^* = \frac{m_1}{m_1 + m_2} \quad (2.9)$$

On remplace les u_i par leur valeurs d'équilibre u_i^* dans (2.8b) et (2.8c), donc on retrouve le modèle classique de Lotka-Volterra donné par :

$$\begin{cases} \frac{dn}{dt} = n(r - a_1 p) \\ \frac{dp}{dt} = p(b_1 n - d) \end{cases} \quad (2.10)$$

Où $t = \tau\varepsilon$, $r = r_1 u_1^* + r_2 u_2^*$, $a = a u_1^*$ et $b_1 = b u_1^*$

La dynamique de n et p dans le système (2.7) ne correspondent pas a celle trouver par le modèle agrégé (2.10), comme indiqué sur la Figure (2.1).

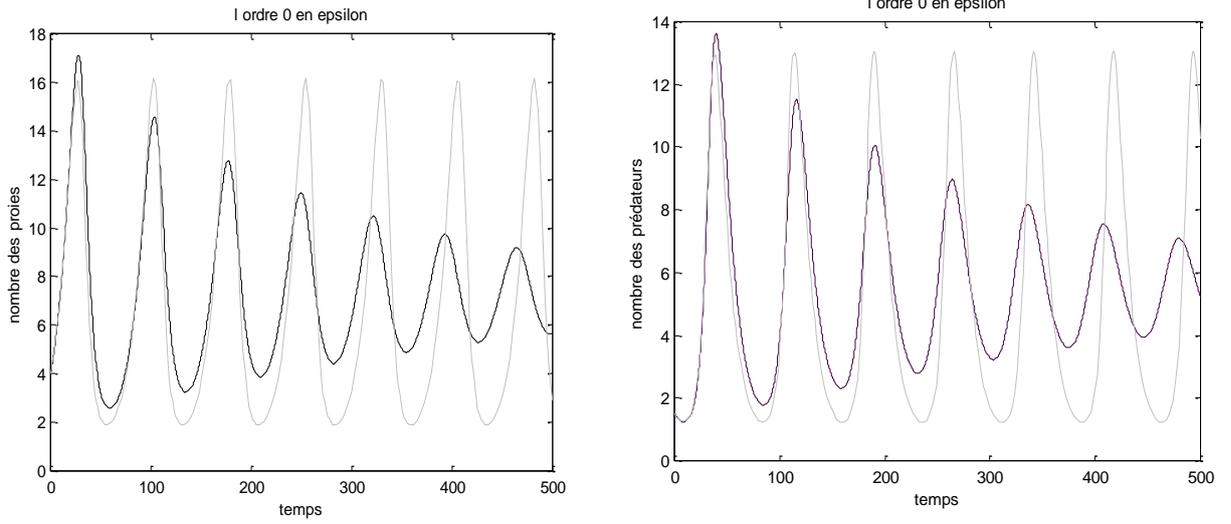


Fig 2.1 : Comparaison entre le modèle complet et le modèle agrégé à l'ordre 0 en ε .

Les valeurs des paramètres utilisées dans la simulation sont les suivants : $m_1 = 2, m_2 = 1, r_1 = 1, r_2 = 2, a = 1, d = 2, b = 0.9$ et $\varepsilon = 0.05$.

Ce problème provient du fait que le modèle de Lotka-Volterra est structurellement instable et que dans le modèle agrégé (2.10), nous avons omis les termes en ε qui viennent perturber le système, et pour connaître la dynamique des variable globales, il est donc nécessaire de développer la variété centrale au moins à l'ordre 1 en ε ; nous décrivons le procédé.

Le théorème de Fénichel nous dit qu'il y'a une variété centrale $\mathcal{M}_\varepsilon = \{u_1 = u_1(n, p, \varepsilon)\}$ dans l'espace de phases $(u_1, (n, p), \varepsilon)$ puisque l'équilibre rapide est hyperbolique stable, la variété \mathcal{M}_0 est normalement hyperbolique stable. L'approximation précédente que nous avons fait est donc une approximation d'ordre 0 de la variété \mathcal{M}_ε .

En faisant un développement d'ordre 1 de la variété centrale

$$u_1(n, p, \varepsilon) = u_1^* + \varepsilon \omega_1(n, p) + O(\varepsilon) \quad (2.11)$$

Pout tout (n, p) dans un compact Ω du plan.

Nous devons calculer le coefficient ω_1 du développement de la variété centrale, puis de remplacer u_1 par son expression (2.11) dans le système (2.7), afin d'améliorer l'approximation du modèle en 2 dimension.

Il y'a deux manière de calculer la dérivée de u_1 par rapport à τ

La première consiste à remplacer u_1 par son expression (2.11) dans l'équation (2.8a), ce qui donne

$$\frac{du_1}{d\tau} = \varepsilon(-(m_1 + m_2)(\omega_1(n, p)) + u_1^*(1 - u_1^*)(r_1 - r_2 - ap)) + O(\varepsilon^2)$$

La second manière consiste à utiliser la formule de dérivation d'une composée, ce qui donne:

$$\frac{du_1}{d\tau} = \frac{\partial u_1}{\partial n} \frac{dn}{d\tau} + \frac{\partial u_1}{\partial p} \frac{dp}{d\tau} = O(\varepsilon^2) \quad (2.12)$$

Puis nous identifions les termes d'ordre ε dans les deux formules, on obtient

$$\left(-(m_1 + m_2)(\omega_1(n, p)) + u_1^*(1 - u_1^*)(r_1 - r_2 - ap) \right) = 0 \quad (2.13)$$

Ce que nous permet de conclure, dans ce cas que ω_1 est une fonction ne dépendant que de p

$$\omega_1(p) = \frac{u_1^*(1 - u_1^*)}{m_1 + m_2} (r_1 - r_2 - ap) \quad (2.14)$$

On remplace la variable u_1 par son développement à l'ordre 1 en ε dans les équations des densités totales de proies et de prédateurs pour obtenir le modèle agrégé :

$$\begin{cases} \frac{dn}{dt} = n(r - a_1 p) + \varepsilon n \omega_1(p) (r_1 - r_2 - ap) & (2.15a) \\ \frac{dp}{dt} = p(b_1 n - d) + \varepsilon n p b \omega_1(p) & (2.15b) \end{cases} \quad (2.15)$$

Le modèle agrégé correspond à une ε -perturbation du modèle obtenu par la méthode de réduction. La figure 2.2 montre l'approximation des solutions du modèle initial par celle du modèle réduit (2.15) .

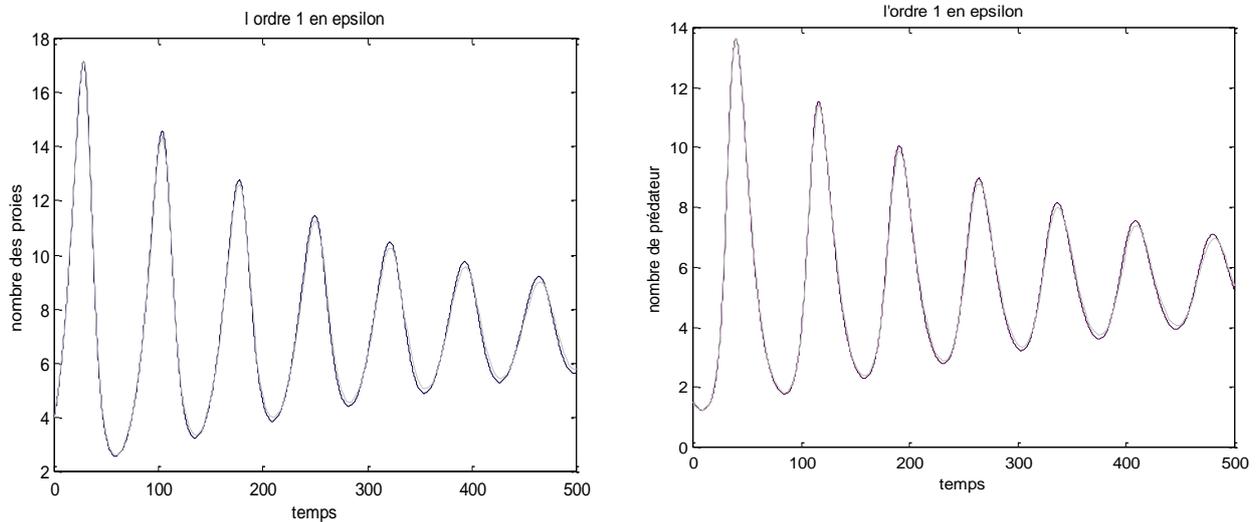


Fig 2.2 : Comparaison entre le modèle complet et le modèle agrégé obtenus à l'ordre 1 en ε

Les valeurs des paramètres utilisées dans la simulation sont les suivants : $m_1 = 2, m_2 = 1, r_1 = 1, r_2 = 2, a = 1, d = 2, b = 0.9$ et $\varepsilon = 0.05$.

Chapitre 3

Effets d'une maladie qui affecte un prédateur sur la dynamique de système proie-prédateur

3.1 Introduction

Le but de ce chapitre est d'étudier un modèle proie-prédateur dans lequel le prédateur est infecté par une maladie. Nous considérons deux échelles de temps, une rapide pour la propagation de la maladie et une lente pour les interactions entre proie-prédateur. Nous utilisons la « méthode d'agrégation » décrite dans le deuxième chapitre pour obtenir un modèle réduit équivalent au modèle complet. Nous montrons qu'il existe deux comportements asymptotiques possibles: Soit la population de prédateurs s'éteint et la proie tend vers sa capacité limite, ou le prédateur et la proie coexistent.

3.2 Formulation mathématique

Le modèle présenté est couplé de deux parties : Un modèle SIRS qui décrit la propagation de l'épidémie dans la population de prédateurs et un modèle de type Lotka-Volterra avec une croissance logistique de proie. On suppose qu'il existe deux échelles de temps: une échelle de temps lente t , correspond au recrutement des proies et les interactions entre proie-prédateur, et une échelle de temps rapide τ , correspond au processus épidémiologique dans la population des prédateurs. En conséquence, $t = \varepsilon\tau$ où ε est un paramètre petit. Notons que la densité totale de la population de prédateur est $p = S + I + R$.

On note par n la densité des proies. S, I et R sont, respectivement, le nombre des prédateurs sensibles, infectés et retirés.

Le système complet est d'écrit comme suit :

$$\begin{cases} \frac{dn}{d\tau} = \varepsilon \left[rn \left(1 - \frac{n}{K} \right) - an(S + I + R) \right] \\ \frac{dS}{d\tau} = (\gamma R - \beta SI) + \varepsilon [-\mu S + bnS] \\ \frac{dI}{d\tau} = (\beta SI - \delta I) + \varepsilon [-\mu I - \mu' I + bnI] \\ \frac{dR}{d\tau} = (\delta I - \gamma R) + \varepsilon [-\mu R + bnR] \end{cases} \quad (3.1)$$

Où: r est le taux de croissance intrinsèque des proies, K est la capacité limite du milieu. a est une constant positive qui rend compte de l'efficacité des prédateurs dans leur attaque. (le taux de capture). b est un paramètre liée au recrutement des prédateurs comme une conséquence d'interactions proie-prédateur. γ, β et δ représentent, respectivement, le taux de perte l'immunité de prédateur, le taux de l'infection et le taux de guérison.

μ et μ' représentent, respectivement le taux de mortalité naturelle de prédateur et le taux de mortalité due à la maladie de prédateur

3.2.1 Modèle agrégé

Il est facile de montrer que le taux de reproduction de base, pour la dynamique rapide, est donnée par

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta p}{\delta}$$

3.2.1.1 1^{ère} Cas : $\mathcal{R}_0 < 1$

Si $\mathcal{R}_0 < 1 \Leftrightarrow p < \delta/\beta$, alors la dynamique rapide de système (3.1) admet qu'un seul point d'équilibre rapide $(p, 0, 0)$ stable. Le système agrégé est donné par

$$\begin{cases} \frac{dn}{dt} = n \left[r \left(1 - \frac{n}{K} \right) - ap \right] \\ \frac{dp}{dt} = p(-\mu + bn) \end{cases} \quad (3.2)$$

3.2.1.2 2^{ème} Cas : $\mathcal{R}_0 > 1$

Si $\mathcal{R}_0 > 1 \Leftrightarrow p > \delta/\beta$, le seul point d'équilibre rapide dans ce cas est $(\bar{S}, \bar{I}, \bar{R})$ où $\bar{S} = \frac{\delta}{\beta}, \bar{I} = \frac{\gamma}{\delta + \gamma} \left(P - \frac{\delta}{\beta} \right)$ et $\bar{R} = P - \frac{\delta}{\beta} - \frac{\gamma}{\delta + \gamma} \left(P - \frac{\delta}{\beta} \right)$. Le système agrégé est donné par

$$\begin{cases} \frac{dn}{dt} = n \left[r \left(1 - \frac{n}{K} \right) - ap \right] \\ \frac{dp}{dt} = -\mu p - \frac{\mu' \gamma}{\gamma + \delta} \left(p - \frac{\delta}{\beta} \right) + bnp \end{cases} \quad (3.3)$$

On subdivise le quadrant positif (n, p) en deux sous population :

$$D_1 = [0, +\infty) \times [0, \delta/\beta) \text{ et } D_2 = [0, +\infty) \times [\delta/\beta, +\infty).$$

En sous-domaine D_1 , le système agrégé (3.2) est valable, et dans le sous-domaine D_2 , le système agrégé (3.3) est valable.

3.2.1.3 Dynamique du système agrégé

Soient $X_1(n, p)$ le champ de vecteur associée à (3.2) dans \mathbb{R}^2 , et $X_2(n, p)$ le champ de vecteur associée à (3.3) dans \mathbb{R}^2 . Le système agrégé est défini sur \mathbb{R}_+^2 par un champ de vecteur X_1 sur D_1 et par X_2 sur D_2 .

Notons $X(n, p)$ le champ de vecteurs agrégé par le système suivant :

$$X(n, p) = \begin{cases} X_1(n, p) = \begin{bmatrix} n \left[r \left(1 - \frac{n}{K} \right) - ap \right] \\ p(-\mu + bn) \end{bmatrix} & \text{si } (n, p) \in (D_1) \\ X_2(n, p) = \begin{bmatrix} n \left[r \left(1 - \frac{n}{K} \right) - ap \right] \\ -\mu p - \frac{\mu'\gamma}{\gamma+\delta} \left(p - \frac{\delta}{\beta} \right) + bnp \end{bmatrix} & \text{si } (n, p) \in (D_2) \end{cases} \quad (3.4)$$

3.2.2 Équilibres et leurs stabilités

Le champ de vecteur X_1 possède trois points d'équilibres : $(0,0)$, $(K, 0)$ et (n_1^*, p_1^*) où $n_1^* = \mu/b$ et $p_1^* = r/a(1 - \mu/bK)$.

Le champ de vecteur X_2 possède deux points d'équilibres : $(0, \bar{p}) \in D_1$ avec

$$\bar{p} = \frac{1}{1 + \frac{\mu(\gamma+\delta)}{\mu'\gamma}} \frac{\delta}{\beta} < \frac{\delta}{\beta}$$

et (n_2^*, p_2^*) avec

$$p_2^* = \frac{r}{a} \left(\frac{-\beta[(\delta + \gamma)(\mu - bK) + \mu'\gamma] + \sqrt{\Delta}}{2b\beta K(\delta + \gamma)} \right) > 0$$

et

$$n_2^* = K \left(1 - \frac{a}{r} p_2^* \right)$$

Où

$$\Delta = \beta^2 [(\delta + \gamma)(\mu - bK) + \mu'\gamma]^2 + \frac{4abK\beta\mu'\delta\gamma(\delta + \gamma)}{r} > 0$$

Pour chaque point d'équilibre (n_i^*, p_i^*) , $i = 1, 2$, nous avons un nombre de reproduction de base correspondant

$$\mathcal{R}_0^{i,*} = \frac{\beta}{\delta} p_i^*$$

Théorème 3.1 Avec les notations précédentes, nous donnons les propriétés suivantes :

- L'équilibre (0,0) est un point selle.
- Si $p_1^* < 0$, l'équilibre $(K, 0)$ est asymptotiquement stable .
- Si $0 < p_1^* < \delta/\beta \Leftrightarrow \mathcal{R}_0^{1,*} < 1$, alors $(n_1^*, p_1^*) \in D_1$ est globalement asymptotiquement stable.
- Si $\delta/\beta < p_1^* \Leftrightarrow \mathcal{R}_0^{1,*} > 1$, alors $(n_2^*, p_2^*) \in D_2$ est globalement asymptotiquement stable.

Pour prouver ce théorème, nous commençons à prouver deux résultats sur les équilibres du champ de vecteurs X_1 et X_2 .

Lemme 3.1

- $(n_2^*, p_2^*) \in D_2 \Leftrightarrow (n_1^*, p_1^*) \in D_2$.
- $(n_2^*, p_2^*) \in D_1 \Leftrightarrow (n_1^*, p_1^*) \in D_1$.

Preuve Nous rappelons $p_1^* = r/a(1 - \mu/bK)$ et

$$p_2^* = \frac{-r\beta[(\delta + \gamma)(\mu - bK) + \mu'\gamma] + \sqrt{r^2\beta^2[(\delta + \gamma)(\mu - bK) + \mu'\gamma]^2 + 4abK\beta\mu'\delta\gamma r(\delta + \gamma)}}{2ab\beta K(\delta + \gamma)}$$

On peut réécrire cette expression comme

$$p_2^* = \frac{p_1^*}{2} - \psi + \sqrt{\left(\frac{p_1^*}{2} - \psi\right)^2 + 2\frac{\delta\psi}{\beta}}$$

Où $\psi = \frac{r\mu'\gamma}{2ab\beta K(\delta + \gamma)}$

Supposons que $(p_2^*) \in D_2$, qui est équivalente à $p_2^* > \delta/\beta$ ou de façon équivalente

$$\sqrt{\left(\frac{p_1^*}{2} - \psi\right)^2 + 2\frac{\delta\psi}{\beta}} > \left(\frac{\delta}{\beta} - \frac{p_1^*}{2} + \psi\right)$$

On distingue deux cas:

Le premier est $\delta/\beta - p_1^*/2 + \psi < 0$, ce qui implique $p_1^* > 0$ et $\delta/\beta < p_1^*/2 < p_1^*$. En d'autres termes $(n_1^*, p_1^*) \in D_2$.

La seconde est $\delta/\beta - p_1^*/2 + \psi > 0$, ce qui implique

$$\left(\sqrt{\left(\frac{p_1^*}{2} - \psi\right)^2 + 2\frac{\delta\psi}{\beta}}\right)^2 > \left(\frac{\delta}{\beta} - \frac{p_1^*}{2} + \psi\right)^2$$

Ce qui donne $(\delta/\beta)(\delta/\beta - p_1^*/2) < 0$, d'où $(n_1^*, p_1^*) \in D_2$.

La deuxième équivalence est obtenue par une preuve identique: par la continuité nous obtenons des inégalités non strictes, l'équivalence des négations donne les résultats. Ceci termine la preuve du lemme. ■

Lemme.3.2 L'équilibre (n_2^*, p_2^*) est globalement asymptotiquement stable sur le quadrant positive de X_2 .

Si $p_1^* > 0$ alors (n_1^*, p_1^*) est globalement asymptotiquement stable sur le quadrant positive.

Preuve. Nous considérons que la fonction Lyapunov pour les deux systèmes est donnée par

$$V_i(n, p) = \frac{b}{a} (n - n_i^* \ln(n) - n_i^* + n_i^* \ln(n_i^*)) + (p - p_i^* \ln(p) - p_i^* + p_i^* \ln(p_i^*))$$

Nous écrivons X_1 comme

$$X_1(n, p) = \begin{bmatrix} an \left[\frac{r}{aK} (n_1^* - n) + (p_1^* - p) \right] \\ bp(n - n_1^*) \end{bmatrix}$$

Pour X_2 nous avons mis $\alpha = \mu' \gamma \delta / (\gamma + \delta) \beta$, de telle sorte que nous pouvons écrire X_2 comme

$$X_2(n, p) = \begin{bmatrix} an \left[\frac{r}{aK} (n_2^* - n) + (p_2^* - p) \right] \\ bp \left[(n - n_2^*) + \alpha \frac{p_2^* - p}{pp_2^*} \right] \end{bmatrix}$$

Nous calculons maintenant les dérivés de V_i qui sont le long des trajectoires de X_i

$$\dot{V}_1 = -\frac{b}{aK} (n - n_1^*)^2 \leq 0$$

et

$$\dot{V}_2 = -\frac{b}{aK} (n - n_1^*)^2 - \alpha \frac{(p_2^* - p)^2}{pp_2^*} \leq 0$$

La matrice Jacobienne J_0 de X_1 au voisinage de $(0,0)$ est donnée par

$$J_0 = \begin{bmatrix} r & 0 \\ 0 & -\mu \end{bmatrix}$$

Les deux valeurs propres de la Jacobienne en point $(0,0)$ sont donc $\lambda = r > 0$ et $\lambda = -\mu < 0$

Autrement dit, pour $r > 0$ et $-\mu < 0$, l'équilibre $(0,0)$ est un point selle.

La matrice Jacobienne J_K de X_1 au voisinage de $(K, 0)$ est

$$J_K = \begin{bmatrix} -r & -aK \\ 0 & -\mu + bK \end{bmatrix}$$

Si $p_1^* < 0$, et d'après le lemme (6.1), nous avons $(n_2^*, p_2^*) \notin D_2$. La matrice Jacobienne J_K montre que $(K, 0)$ est le seul point d'équilibre asymptotiquement stable pour le champ de vecteur agrégé X .

Si $0 < p_1^* < \delta/\beta$. Alors $(n_1^*, p_1^*) \in D_1$ et $(n_2^*, p_2^*) \in D_1$ par l'utilisation de lemme (6.1). Et le lemme (6.2), on en déduit que $(n_1^*, p_1^*) \in D_1$ est asymptotiquement stable pour X (au moins localement) et que chaque trajectoire commence par D_2 entre dans D_1 .

Si $p_1^* > \delta/\beta$ alors $(n_1^*, p_1^*) \in D_2$ et $(n_2^*, p_2^*) \in D_2$ par l'utilisation de lemme (6.1). Et le lemme (6.2), on déduit que $(n_2^*, p_2^*) \in D_2$ est asymptotiquement stable pour X (au moins localement) et que chaque trajectoire commence par D_1 entre dans D_2 .

Pour prouver la stabilité globale, il est maintenant suffisant pour éliminer la possibilité d'avoir un cycle limite. Avec les propriétés de X , nous pouvons utiliser le critère de Dulac avec $B(n, p) = \frac{1}{np}$. Un chemin fermé ne peut pas exister si $\frac{\partial}{\partial n}(BP_i) + \frac{\partial}{\partial p}(BQ_i)$ un de signe constant, où P_i et Q_i sont, respectivement, le premier et le second composants du champ de vecteur X_i .

Nous avons

$$\frac{\partial}{\partial n}(BP_1) + \frac{\partial}{\partial p}(BQ_1) = -\frac{r}{K} < 0$$

et

$$\frac{\partial}{\partial n}(BP_1) + \frac{\partial}{\partial p}(BQ_1) = -\frac{r}{K} - \frac{\mu'\gamma}{\gamma + \delta} \frac{\delta}{\beta} \frac{1}{np^2} < 0$$

Ceci termine la preuve du théorème. ■

3.2.3 Simulation numérique

Ci-dessus nous utilisons Matlab pour tracer plusieurs trajectoires dans le plans de phase (n, p) , les lignes blues sont des trajectoires du système agrégé, les lignes noires sont les isoclines et en ajoutant une ligne rouge pour faire la séparation entre D_1 et D_2 .

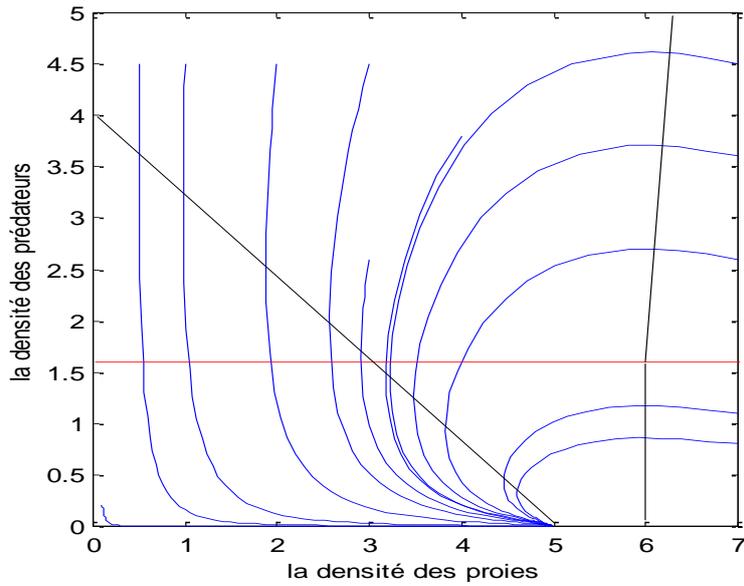


Fig.3.1 Portait de phase du modèle réduit. Les valeurs du modèle sont: $r = 2, K = 5, a = 0.5, b = 1, \beta = 0.5, \delta = 0.8, \gamma = 1, \mu = 6, \mu' = 1$. On observe que, $(K, 0)$ est le seul point d'équilibre.

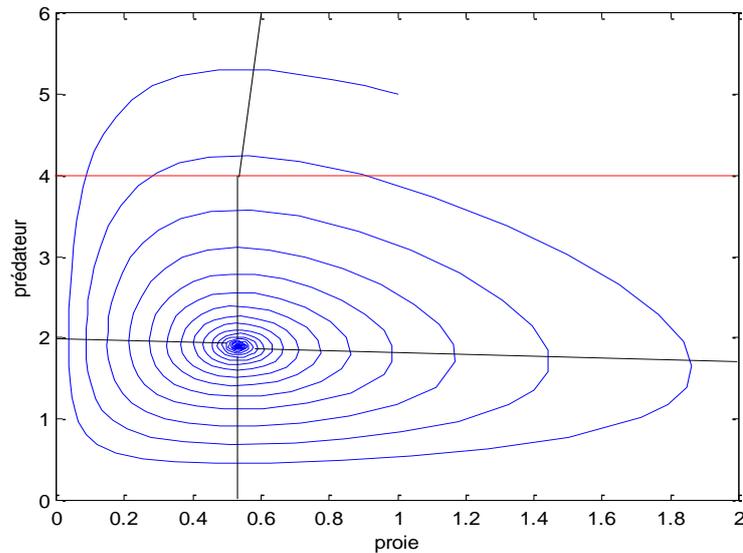


Fig.3.2 Portait de phase du modèle réduit. Représentation graphique pour $r = 2, K = 10, a = 1, b = 1.5, \beta = 0.5, \delta = 2, \gamma = 1, \mu = 0.8, \mu' = 1$. On observe l'existence d'un seul point d'équilibre positive dans D_1 .

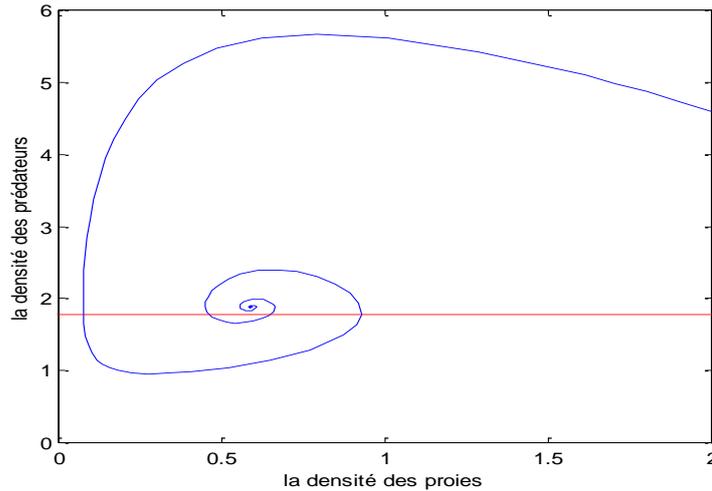


Fig.3.3 Portait de phase du modèle réduit. Représentation graphique pour: $r = 2$, $K = 10$, $a = 1$, $b = 1.5$, $\beta = 0.5$, $\delta = 0.8$, $\gamma = 1$, $\mu = 0.8$, $\mu' = 1$. On observe l'existence d'un seul point d'équilibre positif dans D_2 .

- Dans la figure 3.1, $(K, 0)$ est le seul point d'équilibre stable. En effet, la population de prédateurs s'éteint et la population de proies tend vers sa capacité limite du milieu.
- Dans la figure 3.2, (n_1^*, p_1^*) est le seul point d'équilibre positif. Il est globalement asymptotiquement stable et il est appartient à D_1 , car il est au dessous de la ligne horizontale rouge de l'équation $p = \delta/\beta = 4$.
- Dans la figure 3.3, (n_2^*, p_2^*) est le seul point d'équilibre positif. Il est globalement asymptotiquement stable et il est appartient à D_2 , car il est au dessus de la ligne horizontale rouge de l'équation $p = \delta/\beta = 1.6$.

Nous comparons maintenant le modèle agrégé avec le modèle complet. Dans les figures 3.4, 3.5 et 3.6 le modèle complet correspond à des lignes rouges alors que le modèle agrégé correspond à des lignes bleues.

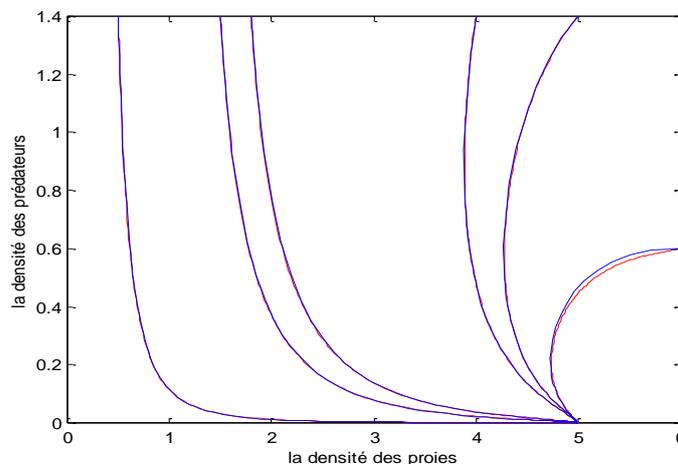


Fig.3.4 Cas d'équilibre axial : Comparaison entre le modèle complet avec $\varepsilon = 0.05$ et le modèle réduit.

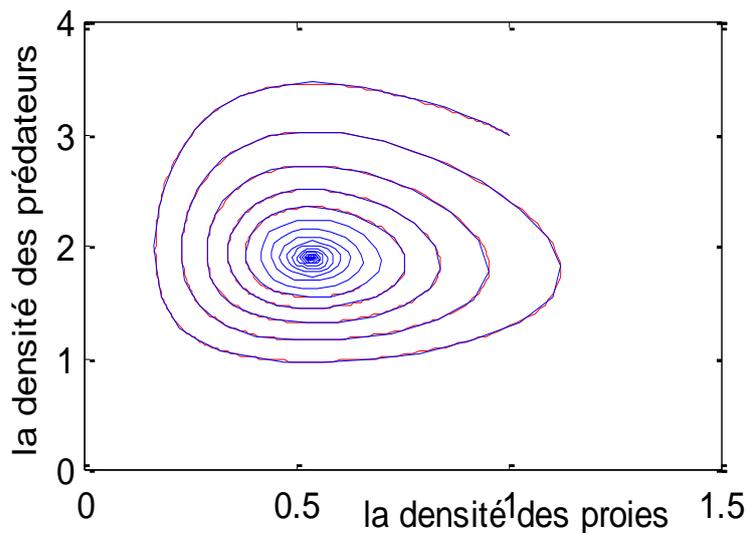


Fig.3.5 Cas d'équilibre dans D_1 : Comparaison entre le modèle complet avec $\varepsilon = 0.05$ et le modèle réduit.

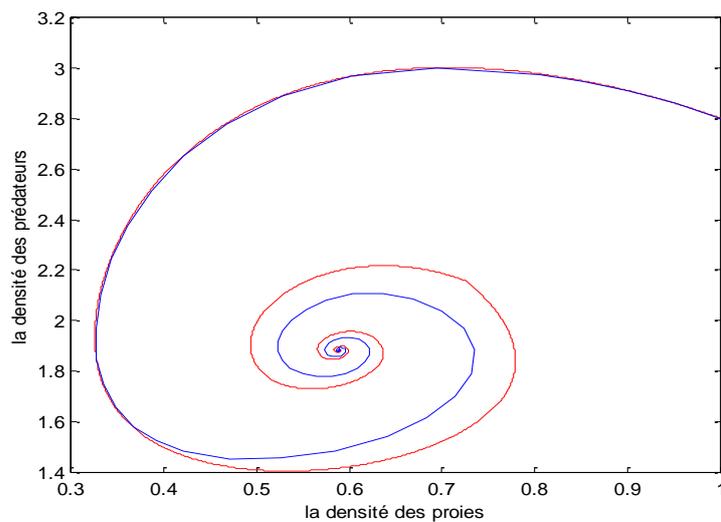


Fig.3.6 Cas d'équilibre dans D_2 : Comparaison entre le modèle complet avec $\varepsilon = 0.001$ et le modèle réduit.

3.3 Commentaires

1. La figure 3.1 illustre le cas de disparition des prédateurs et la stabilisation de la proie à sa capacité limite du milieu.
2. Illustration le cas d'un équilibre positive stable dans D_1 ou dans D_2 . Dans le long terme, la densité totale de prédateur tend vers l'équilibre n^* . Dans la figure 3.2, (n_1^*, p_1^*) est le point d'équilibre sans maladie, alors que dans la figure 3.3, le point d'équilibre (n_2^*, p_2^*) est endémique.

3. La densité de prédateur à l'équilibre endémique (EE) est toujours supérieure à la densité de prédateur à l'équilibre sans maladie (DFE).

3.4 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons étudié les effets d'une maladie qui affecte un prédateur, sur la dynamique d'un système proie-prédateur. Le modèle SIRS avec la loi d'action de masse a été utilisé pour décrire la propagation de la maladie dans la population de prédateur. D'autre part, les interactions proies-prédateurs sont modélisées par les équations de Lotka-Volterra. La méthode d'agrégation a été utilisée pour obtenir un système réduit équivalent du modèle complet, l'étude du modèle agrégé a permis de déterminer le comportement de la solution.

Chapitre 4

La méthode d'agrégation des variables pour les systèmes non autonomes

Le but de ce chapitre est de présenter les techniques d'agrégation des variables pour les systèmes non autonomes, basée sur un théorème de Hoppensteadt.

4.1 Système lent-rapide

Considérons le système différentiel suivant

$$\varepsilon \frac{dn}{dt} = f(t, n) + \varepsilon s(t, n) \quad (4.1)$$

Avec $n \in \mathbb{R}_+^m$, f et s sont, respectivement la dynamique rapide et lent.

La première étape consiste à transformer le système en un système lent-rapide, à l'aide d'un changement de variable. Pour reproduire cette étape avec le système non autonome (4.1), pareille comme dans le cas autonome, nous supposons qu'il existe un changement de variable $n \in \mathbb{R}^m \rightarrow (x, y) \in \mathbb{R}^{m-q} \times \mathbb{R}^q$ qui permet de transformer le système (4.1) en système lent-rapide

$$\begin{cases} \varepsilon \frac{dx}{dt} = F(t, x, y) + \varepsilon H(t, x, y) \\ \frac{dy}{dt} = G(t, x, y) \end{cases} \quad (4.2)$$

Où x et y représentent, respectivement, les variables rapides et lentes.

En prenant

$$f(t, x, y, \varepsilon) = F(t, x, y) + \varepsilon H(t, x, y) \text{ et } g(t, x, y, \varepsilon) = G(t, x, y).$$

On obtient un nouveau système équivalent à (4.2)

$$\begin{cases} \varepsilon \frac{dx}{dt} = f(t, x, y, \varepsilon), & x(t_0) = \eta_0 \\ \frac{dy}{dt} = g(t, x, y, \varepsilon), & y(t_0) = \xi_0 \end{cases} \quad (4.3)$$

Où $x \in \mathbb{R}^{m-q}$, $y \in \mathbb{R}^q$ et ε est un réel positif suffisamment petit. On définit le domaine $\widehat{\Omega} = I \times \Omega \times [0, \varepsilon_0]$ où $I = [t_0, +\infty[$, $\Omega = B_R \times B_{R'}$, $B_R = \{x \in \mathbb{R}^{m-q} : |x| \leq R\}$, $B_{R'} = \{y \in \mathbb{R}^q : |y| \leq R'\}$, et ε_0 est une constante fixé.

4.2 Théorème de Hoppensteadt

Pour étudier le comportement du système (4.3). On fait les hypothèses suivantes :

Hypothèse H1. Les fonctions f et g sont de classe $C^2(\widehat{\Omega})$ et l'ensemble $B_R \times B_{R'}$ est invariant par le système (4.3) $\forall t \in I$.

Posons $\varepsilon = 0$ dans (4.3), on obtient le problème réduit

$$\begin{cases} 0 = f(t, x, y, 0) \\ \frac{dy}{dt} = g(t, x, y, 0), & y(t_0) = \xi_0 \end{cases} \quad (4.4)$$

Hypothèse H2. Il existe une fonction $x = \Phi(t, y)$ telle que $f(t, \Phi(t, y), y, 0) = 0$. De plus $\Phi \in C^2(I \times B_{R'})$ et $\det(f_x(t, \Phi(t, y), y)) \neq 0 \forall (t, y) \in I \times B_{R'}$.

Hypothèse H3. Le système d'équation

$$\frac{dX}{d\tau} = f(\alpha, X, \beta, 0) \quad (4.5)$$

Possède $X = \Phi(\alpha, \beta)$ comme un équilibre pour tout (α, β) fixé dans $I \times B_{R'}$, qu'il est asymptotiquement stable (uniformément par rapport à $(\alpha, \beta) \in I \times B_{R'}$), et la condition initial η_0 pour le système (4.5) est dans le domaine d'attraction de l'équilibre $\Phi(t_0, \xi_0)$ avec $\alpha = t_0$ et $\beta = \xi_0$.

Hypothèse H4. Le système réduit

$$\frac{dy_0}{d\tau} = g(t, \Phi(t, y_0), y_0, 0) \quad (4.6)$$

a une solution $y^*(t)$ pour $t_0 \leq t < \infty$, qu'il est uniformément asymptotiquement stable et ξ_0 est dans le domaine d'attraction de $y^*(t)$.

Théorème 4.1 Supposons que les hypothèses **H1-H4** sont satisfaites et soit $y_0(t)$ la solution de (4.6) pour $y_0(t_0) = \xi_0$. Alors, pour ε suffisamment petites la solution de problème (4.3), $(x(t), y(t))$, existe pour $t_0 \leq t < \infty$ et elle satisfait

$$x(t) = \Phi(t, y_0(t)) + o(1), \quad y(t) = y_0(t) + o(1)$$

Quand $\varepsilon \rightarrow 0^+$ uniformément sur toute intervalle de la forme $t_0 \leq t < \infty$.

Chapitre 5

Agrégation approximative d'un modèle épidémique SIS périodique à plusieurs souches non-autonomes

5.1 Introduction

Dans ce dernier chapitre, on considère un modèle épidémique SIS périodique à plusieurs souches avec des migrations rapides entre les sites. Le modèle réduit obtenu par la méthode d'agrégation de variable dans le cas non autonome permet de conclure quelques résultats sur le comportement asymptotique du modèle complet: En particulier, on définit le nombre de reproduction des souches correspond au modèle agrégé et qui permet de conclure dans quelle condition on a l'extinction de l'épidémie.

5.2 Modèle épidémique SIS à plusieurs souches avec des migrations rapides

Nous considérons une population distribuée entre p sites. Les individus peuvent se déplacer entre les sites et on suppose qu'une épidémie se développe dans chaque site selon un modèle SIS et on note par :

$S_k(t)$ Le nombre des individus sensibles dans le site $k = 1, \dots, p$ à l'instant t .

$I_{jk}(t)$ Le nombre des individus infectés par la souche $j = 1, \dots, n$ dans le site k à l'instant t .

$m_{ik}(t)$ Le taux de migration des susceptibles du site k au site i à l'instant t .

$m_{ik}^j(t)$ Le taux de migration des infectés par la souche j du site k au site i à l'instant t .

On suppose que les migrations se déroulent à une échelle de temps plus rapide que les changements d'état.

Posons $M(t) = (m_{ik}(t))_{1 \leq i, k \leq p}$ où $m_{ii}(t) = -\sum_{\substack{k=1 \\ k \neq i}}^p m_{ki}(t)$, la matrice de migration des susceptibles et $M^j(t) = (m_{ik}^j(t))_{1 \leq i, k \leq p}$, où $m_{ii}^j(t) = -\sum_{\substack{k=1 \\ k \neq i}}^p m_{ki}^j(t)$, la matrice de migration des infectée par la souche $j = 1, \dots, n$.

On suppose que les matrices $M(t)$ et $M^j(t)$ ($j = 1, \dots, n$) sont irréductibles pour tout t . Cela veut dire que les individus peuvent se déplacer de n'importe quel site à n'importe quel autre site.

Il est facile de montrer que 0 est une valeur propre simple supérieure à la partie réelle de toutes autres valeurs propres. L'espace propre gauche de chacune de ces matrices associées à la valeur propre 0 est engendrée par le vecteur $\mathbf{1} := (1, \dots, 1) \in \mathbb{R}^p$. L'espace propre droite de la matrice $M(t)$ (respectivement de la matrice $M^j(t)$) est engendrée par le vecteur $\mathbf{v}(t) = (v_1(t), \dots, v_p(t))$ (respectivement $\mathbf{v}^j(t) = (v_1^j(t), \dots, v_p^j(t))$ ($j = 1, \dots, n$)).

Les entrées de ces vecteurs propres $\mathbf{v}(t)$ et $\mathbf{v}^j(t)$ ($j = 1, \dots, n$), représentent les proportions stables que la distribution entre les sites des différents type d'individus atteindrait, à l'échelle de temps rapide, si le processus de migration étaient le seul changement qui touche la population.

Le modèle prend la forme suivante

$$\begin{cases} \varepsilon \frac{dS_k}{dt} = \sum_{i=1}^p m_{ki}(t)S_i + \varepsilon \left[\mu_k(t) \left(S_k + \sum_{j=1}^n I_{jk} \right) - \sum_{j=1}^n \beta_{jk}(t)S_k I_{jk} - \mu_k(t)S_k + \sum_{j=1}^n \gamma_{jk}(t)I_{jk} \right] & (k = 1, \dots, p; j = 1, \dots, n) \\ \varepsilon \frac{dI_{jk}}{dt} = \sum_{i=1}^p m_{ki}^j(t)I_{ji} + \varepsilon [\beta_{jk}(t)S_k I_{jk} - (\mu_k(t) + \gamma_{jk}(t))I_{jk}] \end{cases} \quad (5.1)$$

Où les paramètres $\beta_{jk}(t)$, $\mu_k(t)$ et $\gamma_{jk}(t)$ sont respectivement le taux de transmission de la souche j dans le site k , Le taux de natalité supposé égale au taux de mortalité et le taux de guérison de la souche j dans le site k .

Les nouveaux nés sont tous supposés susceptibles. Et tous les taux (migration, mortalité, natalité, transmission et guérison) apparaissant dans le modèle sont supposés être des fonctions périodiques de période ω .

La population totale est donné par

$$N(t) = \sum_{k=1}^p \left(S_k(t) + \sum_{j=1}^n I_{jk} \right)$$

Lorsque en sommant toutes les équations (5.1), on trouve que $\frac{dN}{dt} = 0$. Nous supposons que la taille total de la population est normalisée à un. Considérons le système (5.1) définie sur l'ensemble :

$$\Omega = \left\{ (S_1, \dots, S_p, I_{11}, \dots, I_{1p}, \dots, I_{n1}, \dots, I_{np}) \in \mathbb{R}_+^{p(n+1)} : N(t) = 1 \right\}$$

5.3 Réduction du modèle

Le modèle (5.1) est décrit par le couplage de deux procédés différents qui agissent à des échelles de temps différentes et de sorte qu'il s'adapte à la forme générale (4.1). Pour transformer le système (5.1) à une forme lent-rapide en suivant les démarches présentées dans le chapitre 4.

On choisit les variables globales, comme la somme de toutes le nombre des individus susceptibles et des infectés à chaque souche parce que ces variables sont maintenus constants à travers les migrations, et ils évoluent à l'échelle de temps lente. On les notes

$$S = \sum_{k=1}^p S_k$$

$$I_j = \sum_{k=1}^p I_{jk} \quad , j = 1, \dots, n.$$

Le changement de variable qui transformé le système (5.1) en un système lent-rapide est donné par

$$n = (S_1, \dots, S_p, I_{11}, \dots, I_{1p}, \dots, I_{n1}, \dots, I_{np}) \in \mathbb{R}_+^{p(n+1)} \rightarrow (x, y) \in \mathbb{R}_+^{(p-1)(n+1)} \times \mathbb{R}^{n+1}$$

$$\text{Où } x = (S_1, \dots, S_{p-1}, I_{11}, \dots, I_{1p-1}, \dots, I_{n1}, \dots, I_{np-1}), \text{ et } y = (S, I_1, \dots, I_n).$$

Nous définissons les transformations suivantes

$$\mathfrak{T}(n) := (x, y), \mathfrak{T}_x(n) := x \text{ et } \mathfrak{T}_y(n) := y$$

En sommant les équations S_k et I_{jk} de $k = 1$ à $k = p$ dans (5.1) et en substituant S_p et I_{jp} par $S - \sum_{k=1}^{p-1} S_k$ et $I_j - \sum_{k=1}^{p-1} I_{jk}$, respectivement, nous obtenons les équations pour les variables globales, où la partie rapide, correspondant à des migrations, a disparu. Pour obtenir les équations transformées pour le reste des variables il suffit d'effectuer la substitution précitée. Le système obtenu est de la forme suivante :

$$\begin{cases} \varepsilon \frac{dx}{dt} = F(t, x, y) + \varepsilon H(t, x, y) \\ \frac{dy}{dt} = G(t, x, y) \end{cases} \quad (5.2)$$

Si on prend

$$f(t, x, y, \varepsilon) = F(t, x, y) + \varepsilon H(t, x, y) \text{ et } g(t, x, y, \varepsilon) = G(t, x, y).$$

Le système (5.2) devient un cas particulière du système (4.3).

Pour étudier le comportement du système (5.1), on applique le théorème 4.1 de Hoppensteadt. Pour cela on note par

$$\Omega_{\mathfrak{T}} = \mathfrak{T}(\Omega), \Omega_{\mathfrak{T}}^x = \mathfrak{T}_x(\Omega) \text{ et } \Omega_{\mathfrak{T}}^y = \mathfrak{T}_y(\Omega).$$

L'hypothèse H1 de théorème 4.1 est clairement satisfaite parce que $\Omega_{\mathfrak{T}}$ est positivement invariante pour le système lent-rapide. La dynamique rapide est définie par $x = \Phi(t, y)$ qui, dans le cas présent, est équivalent à trouver les vecteurs propres associés à 0 pour les matrices $M(t)$ et $M^j(t)$ ($j = 1, \dots, n$). Plus précisément, elle est donnée par

$$S_i = v_i(t)S, I_{ji} = v_i^j(t)I_j \quad (5.3)$$

Les hypothèses effectuées sur la dynamique rapide signifient que l'hypothèse H2 est satisfaite.

L'hypothèse H3 consiste à vérifier que les équilibres rapides $\Phi(\alpha, \beta)$ soient uniformément asymptotiquement stables dans $(\alpha, \beta) \in [t_0, \infty) \times \Omega_{\mathcal{X}}^y$. Le système à la forme suivante :

$$\frac{dX}{d\tau} = F(\alpha, X, \beta)$$

En substituant, dans la deuxième équation du système lent rapide les équilibres rapides (5.3), on obtient le système agrégé suivant

$$\begin{cases} \frac{d\bar{S}}{dt} = \sum_{j=1}^n \bar{\mu}_j(t)\bar{I}_j - \sum_{j=1}^n \bar{\beta}_j(t)\bar{S}\bar{I}_j + \sum_{j=1}^n \bar{\gamma}_j(t)\bar{I}_j \\ \frac{d\bar{I}_j}{dt} = \bar{\beta}_j(t)\bar{S}\bar{I}_j - (\bar{\mu}_j(t) + \bar{\gamma}_j(t))\bar{I}_j, \quad j = 1, \dots, n \end{cases} \quad (5.4)$$

Où

$$\bar{\mu}_j(t) = \sum_{k=1}^p \mu_k(t)v_k^j(t), \bar{\gamma}_j(t) = \sum_{k=1}^p \gamma_{jk}(t)v_k^j(t) \text{ et } \bar{\beta}_j(t) = \sum_{k=1}^p \beta_{jk}(t)v_k(t)v_k^j(t).$$

Le système (5.4) définie sur l'ensemble :

$$\bar{\Omega} = \left\{ (\bar{S}, \bar{I}_1, \dots, \bar{I}_n) \in \mathbb{R}_+^{n+1} : \bar{S} + \sum_{j=1}^n \bar{I}_j = 1 \right\}$$

Théorème 5.1 Supposons que le système (5.4) à une solution, par exemple $y^*(t)$, qu'il est uniformément asymptotiquement stable et soit $n(t)$ la solution du système (5.1) muni de la condition initiale $n(t_0) = n_0 \in \Omega$ tel que $\mathcal{X}_y(n_0)$ est dans le domaine d'attraction de $y^*(t)$. Soit $Y(t) = \text{diag}\{v(t), v^1(t), \dots, v^n(t)\}$, alors pour tout $\delta \gg 0$ il existe $\varepsilon_\delta > 0$ tel que

$$|n(t) - \bar{y}^*(t)Y(t)| < \delta$$

Pour chaque $\varepsilon \leq \varepsilon_\delta$ et chaque $t \geq t_\delta$.

5.4 Analyse du modèle agrégé

Les résultats que nous présentons dans le prochain paragraphe sont exprimés en termes les nombres de reproduction des souches.

Si f est une fonction périodique de période ω , On définit la moyenne de f par

$$\langle f \rangle = \frac{1}{\omega} \int_0^\omega f(t) dt$$

Qui vérifie

$$\langle f \rangle = \lim_{t \rightarrow \infty} \frac{1}{t - t_0} \int_{t_0}^t f(S) dS \quad (5.5)$$

On définit les nombres globales de reproduction par

$$\bar{\mathcal{R}}_j = \frac{\langle \bar{\beta}_j \rangle}{\langle \bar{\mu}_j \rangle + \langle \bar{\gamma}_j \rangle} \quad j = 1, \dots, n \quad (5.6)$$

Théorème 5.2 Soit $\bar{y}_0^* = (1, 0, \dots, 0) \in \mathbb{R}^{n+1}$ l'équilibre sans maladie du système agrégé (5.4). Si $\bar{\mathcal{R}}_j < 1$ pour $j = 1, \dots, n$ alors \bar{y}_0^* est uniformément globalement asymptotiquement stable.

Preuve. Pour chaque $j = 1, \dots, n$ nous avons

$$\frac{d\bar{I}_j}{dt} = \bar{\beta}_j(t) \bar{S} \bar{I}_j - (\bar{\mu}_j(t) + \bar{\gamma}_j(t)) \bar{I}_j.$$

Le fait que $\bar{S}(t) \in [0, 1]$ pour tout t , alors

$$\frac{d\bar{I}_j}{dt} \leq \bar{\beta}_j(t) \bar{I}_j - (\bar{\mu}_j(t) + \bar{\gamma}_j(t)) \bar{I}_j$$

Soit alors

$$\bar{I}_j(t) \leq \bar{I}_j(t_0) \exp \left(\int_{t_0}^t [\bar{\beta}_j(S) - (\bar{\mu}_j(S) + \bar{\gamma}_j(S))] dS \right)$$

La condition $\bar{\mathcal{R}}_j < 1$ avec l'égalité (5.5) implique que

$$\lim_{t \rightarrow \infty} \frac{1}{t - t_0} \int_{t_0}^t [\bar{\beta}_j(S) - (\bar{\mu}_j(S) + \bar{\gamma}_j(S))] dS < 0$$

Ainsi nous pouvons trouver une constante $\sigma > 0$ et un temps $t_1 > 0$ tel que pour tout $j = 1, \dots, n$ et pour chaque t tel que $t - t_0 \geq t_1$, nous avons

$$\int_{t_0}^t [\bar{\beta}_j(S) - (\bar{\mu}_j(S) + \bar{\gamma}_j(S))] dS < -\sigma(t - t_0)$$

D'où $\lim_{t \rightarrow \infty} \bar{I}_j(t) \rightarrow 0$, uniformément en t_0 et pour chaque condition initial dans $\bar{\Omega}_x$.

Le fait que $\bar{S}(t) = 1 - \sum_{j=0}^n \bar{I}_j(t)$ pour $t \geq 0$ l'équilibre sans maladie est uniformément asymptotiquement stable. ■

Parfois, dans l'épidémie de plusieurs souches, une de ces souches parvient à persister alors que les autres meurent, ce fait est connu comme solution d'une seule souche.

Théorème 5.3. Pour tout i telle que $\bar{\mathcal{R}}_i > 1$, alors il existe une seule fonction périodique positive $\bar{I}_i^*(t)$ tel que $(1 - \bar{I}_i^*(t), 0, \dots, 0, \bar{I}_i^*(t), 0, \dots, 0)$ est la solution du système agrégé (5.4). De plus, si $(1 - \bar{I}_i(t), 0, \dots, 0, \bar{I}_i(t), 0, \dots, 0)$ est une solution du système (5.4) avec $\bar{I}_i(0) > 0$, alors

$$\lim_{t \rightarrow \infty} |\bar{I}_i(t) - \bar{I}_i^*(t)| = 0 \quad (5.7)$$

Preuve.

Nous allons montrer que si $\bar{\mathcal{R}}_i > 1$, alors l'équation

$$\frac{d\bar{I}_i}{dt} = \bar{\beta}_i(t)(1 - \bar{I}_i)\bar{I}_i - (\bar{\mu}_i(t) + \bar{\gamma}_i(t))\bar{I}_i \quad (5.8)$$

a une solution unique périodique positif.

Nous étudions l'équation (5.8) sur le domaine $\Omega_i = \{\bar{I}_i: \bar{I}_i \in [0,1]\}$.

L'application de Poincaré \mathcal{P} qui associe l'intervalle $[0,1]$ dans lui-même. $\mathcal{P}: [0,1] \rightarrow [0,1]$

est définie comme suit : Si $\bar{I}_i(0) = \bar{I}_0$ alors $\mathcal{P}(\bar{I}_0) = \bar{I}_i(\omega, \bar{I}_0)$. Où, $\bar{I}_i(\omega, \bar{I}_0)$ est la solution de l'équation (5.8) muni de la condition initiale \bar{I}_0 .

Le nombre $\bar{I}_p \in (0,1)$ est une valeur initiale d'une solution périodique si seulement si $\mathcal{P}(\bar{I}_p) = \bar{I}_p$. Qui est, si \bar{I}_p est un point fixe de l'application de Poincaré.

Sachant que l'existence d'une solution périodique de l'équation (5.8) est implique par l'existence d'un point fixe.

Notons par

$$v(t) = \frac{\partial \bar{I}_i}{\partial \bar{I}_0}(t, \bar{I}_0)$$

La dérivée de l'application de Poincaré est donnée par

$$\mathcal{P}'(\bar{I}_0) = \frac{\partial \bar{I}_i}{\partial \bar{I}_0}(\omega, \bar{I}_0) = v(\omega)$$

On peut obtenir la dérivée de l'application de Poincaré en dérivant l'équation (5.8) par rapporte à la condition initiale \bar{I}_0 :

$$\mathcal{P}'(\bar{I}_0) = \exp \int_0^\omega [\bar{\beta}_i(t)(1 - \bar{I}_i(t, \bar{I}_0)) - (\bar{\mu}_i(t) + \bar{\gamma}_i(t)) - \bar{\beta}_i(t) \bar{I}_i(t, \bar{I}_0)] dt$$

$\mathcal{P}'(\bar{I}_0) > 0$, Cela implique que l'application de Poincaré est en augmentation. Ainsi, si \bar{I}_1 et \bar{I}_2 sont deux conditions initiales correspondant $\bar{I}_1 < \bar{I}_2$ alors $\mathcal{P}(\bar{I}_1) < \mathcal{P}(\bar{I}_2)$. En outre,

$$\mathcal{P}'(0) = e^{\int_0^\omega [\bar{\beta}_i(t) - (\bar{\mu}_i(t) + \bar{\gamma}_i(t))] dt} = e^{\omega [(\bar{\beta}_i) - ((\bar{\mu}_i) + (\bar{\gamma}_i))]}$$

Cela implique que $\mathcal{P}'(0) > 1$. Par conséquent, pour \bar{I}_0 assez petit nous avons

$$\frac{\mathcal{P}(\bar{I}_0) - \mathcal{P}(0)}{\bar{I}_0} \approx \mathcal{P}'(0) > 1$$

Qui nous donne

$$\mathcal{P}(\bar{I}_0) > \bar{I}_0$$

Si $\mathcal{P}(1) < 1$ alors $\mathcal{P}(\bar{I}_0) - \bar{I}_0$ change de signe dans l'intervalle $(0,1)$. Donc il existe \bar{I}_0 , telle que

$$\mathcal{P}(\bar{I}_0) = \bar{I}_0$$

Ceci établit l'existence d'une solution périodique de l'équation (5.8).

Pour montrer l'unicité, nous supposons qu'il existe deux points fixes \bar{I}_{p1} et \bar{I}_{p2} qui sont distincts. Sans perte de généralité, on peut supposer que $\bar{I}_{p1} < \bar{I}_{p2}$.

Nous avons

$$|\bar{I}_{p1} - \bar{I}_{p2}| = |\mathcal{P}(\bar{I}_{p1}) - \mathcal{P}(\bar{I}_{p2})| = |\mathcal{P}'(\bar{I}_m)| |\bar{I}_{p1} - \bar{I}_{p2}| \quad (5.9)$$

Où \bar{I}_m satisfait $\bar{I}_{p1} < \bar{I}_m < \bar{I}_{p2}$. Ces dernières inégalités impliquent

$$\bar{I}_i(t, \bar{I}_{p1}) < \bar{I}_i(t, \bar{I}_m) < \bar{I}_i(t, \bar{I}_{p2})$$

Premièrement, si $I(t, \bar{I}_p)$ est une solution périodique qui satisfait l'équation (5.8), alors

$$\int_0^\omega [\bar{\beta}_i(t) (1 - \bar{I}_i(t, \bar{I}_p)) - (\bar{\mu}_i(t) + \bar{\gamma}_i(t))] dt = 0$$

D'où

$$\begin{aligned} \mathcal{P}'(\bar{I}_m) &= \exp \int_0^\omega [\bar{\beta}_i(t) (1 - \bar{I}_i(t, \bar{I}_m)) - (\bar{\mu}_i(t) + \bar{\gamma}_i(t)) - \bar{\beta}_i(t) \bar{I}_i(t, \bar{I}_m)] dt \\ &< \exp \int_0^\omega [\bar{\beta}_i(t) (1 - \bar{I}_i(t, \bar{I}_{p1})) - (\bar{\mu}_i(t) + \bar{\gamma}_i(t)) - \bar{\beta}_i(t) \bar{I}_i(t, \bar{I}_m)] dt \\ &= \exp \int_0^\omega (-\bar{\beta}_i(t) \bar{I}_i(t, \bar{I}_m)) dt < 1 \end{aligned} \quad (5.10)$$

Ainsi, on obtient une contradiction avec l'équation(5,9). ■

Pour montrer la convergence vers la solution périodique. Nous supposons que $\bar{\mathcal{R}}_i > 1$, On suppose que $\bar{I}_i(t)$ est une solution quelconque de système agrégé (5.4) muni de la condition initiale \bar{I}_0 , et \bar{I}_p représente la condition initiale pour la solution périodique. Avec $\bar{I}_0 \neq \bar{I}_p$. Nous avons deux choix $\mathcal{P}(\bar{I}_0) > \bar{I}_0$ ou $\mathcal{P}(\bar{I}_0) < \bar{I}_0$. On suppose que $\mathcal{P}(\bar{I}_0) < \bar{I}_0$. L'autre cas peut être traité de la même manière. Puisque l'application de Poincaré est en augmentation, on a $\mathcal{P}^n(\bar{I}_0) < \mathcal{P}^{n-1}(\bar{I}_0)$. Par conséquent, la suite $\{\mathcal{P}^n(\bar{I}_0)\}_{n=0}^{\infty}$ est décroissante, et puisque elle est bornée, il doit avoir une limite :

$$\lim_{n \rightarrow \infty} \mathcal{P}^n(\bar{I}_0) = \bar{I}_{\infty}$$

Le nombre \bar{I}_{∞} est forcément un point fixe de l'application de Poincaré $\mathcal{P}(\bar{I}_{\infty}) = \bar{I}_{\infty}$. Ainsi $\bar{I}_{\infty} = 0$ où $\bar{I}_{\infty} = \bar{I}_p$. Supposons que $\bar{I}_{\infty} = 0$, pour un certain N le nombre $\mathcal{P}^N(\bar{I}_0)$ est petit et par les propriétés de l'application de Poincaré, nous avons $\mathcal{P}^{N+1}(\bar{I}_0) > \mathcal{P}^N(\bar{I}_0)$. Ce qui contredit le fait que la suite est décroissante donc $\bar{I}_{\infty} = \bar{I}_p$, par conséquent la limite (5.7) détient. ■

Théorème 5.4 Si $\bar{\mathcal{R}}_i > 1$ et $\bar{\mathcal{R}}_j < 1$ pour $i \neq j$, alors la solution périodique d'une seule souche $(1 - \bar{I}_i^*(t), 0, \dots, 0, \bar{I}_i^*(t), 0, \dots, 0)$ est globalement uniformément asymptotiquement stable.

Preuve.

La preuve est basée sur le fait que $\bar{\mathcal{R}}_j < 1$ implique $\bar{I}_j(t) \rightarrow 0$ quand $t \rightarrow \infty$, la démonstration du théorème 5.2 nous donne les inégalités suivantes :

$$\bar{\beta}_i(t)(1 - \varepsilon - \bar{I}_i)\bar{I}_i - (\bar{\mu}_i(t) + \bar{\gamma}_i(t))\bar{I}_i \leq \frac{d\bar{I}_i}{dt} \leq \bar{\beta}_i(t)(1 - \bar{I}_i)\bar{I}_i - (\bar{\mu}_i(t) + \bar{\gamma}_i(t))\bar{I}_i$$

Nous appliquons la démonstration du théorème 5.3 sur les équations

$$\frac{dX}{dt} = \bar{\beta}_i(t)(1 - X)X - (\bar{\mu}_i(t) + \bar{\gamma}_i(t))X$$

et

$$\frac{dY}{dt} = \bar{\beta}_i(t)(1 - \varepsilon - Y)Y - (\bar{\mu}_i(t) + \bar{\gamma}_i(t))Y$$

On obtient que $\bar{I}_i(t)$ est bornée entre deux fonctions périodiques qui converge vers $\bar{I}_i^*(t)$ quand $\varepsilon \rightarrow 0$.

Pour prouver que la stabilité asymptotique est uniforme nous utilisons un résultat de **Farkas (1994) (th. 1.4.12)**.

Théorème de Farkas [11] : Pour le système $\dot{w} = h(t, w)$ si h est périodique en t et $h(t, 0) \equiv 0$ alors la stabilité asymptotique de $w = 0$ implique qu'il est asymptotiquement uniformément stable.

Nous résumons dans le théorème suivant les résultats sur le comportement asymptotique du système (5.1) qui peut être déduit des Théorèmes 5.2 - 5.4 par l'utilisation de Théorème 4.1.

Théorème 5.5 Soit $n(t)$ la solution du système (5.1) avec la condition initiale $n(t_0) = n_0 \in \Omega$.

1. Si $\bar{\mathcal{R}}_j < 1$ pour $j = 1, \dots, n$ alors pour tout $\delta > 0$ il existe $\varepsilon_\delta > 0$ et $t_\delta > t_0$ tel que

$$|n(t) - (\mathbf{v}(t), 0, \dots, 0)| < \delta$$

pour chaque $\varepsilon \leq \varepsilon_\delta$ et chaque $t \geq t_\delta$.

2. Si $\bar{\mathcal{R}}_i > 1$ tel que $\sum_{k=1}^p I_{ik}(t_0) > 0$ et $\sum_{k=1}^p I_{jk}(t_0) = 0$ pour $i \neq j$ alors pour toute $\delta > 0$ il existe $\varepsilon_\delta > 0$ et $t_\delta > t_0$ tel que

$$\left| n(t) - \left((1 - \bar{I}_i^*(t))\mathbf{v}(t), 0, \dots, 0, \bar{I}_i^*(t)\mathbf{v}^i(t), 0, \dots, 0 \right) \right| < \delta$$

pour chaque $\varepsilon \leq \varepsilon_\delta$ et chaque $t \geq t_\delta$.

3. Si $\bar{\mathcal{R}}_i > 1$ et $\bar{\mathcal{R}}_j < 1$ pour $i \neq j$ alors pour toute $\delta > 0$ il existe $\varepsilon_\delta > 0$ et $t_\delta > t_0$ tel que

$$\left| n(t) - \left((1 - \bar{I}_i^*(t))\mathbf{v}(t), 0, \dots, 0, \bar{I}_i^*(t)\mathbf{v}^i(t), 0, \dots, 0 \right) \right| < \delta$$

pour chaque $\varepsilon \leq \varepsilon_\delta$ et chaque $t \geq t_\delta$.

Preuve.

1. Conséquence directe des théorèmes 5.1 et 5.2.
2. Considérant le système (5.4) sur le domaine $\bar{\Omega}_i = \{\bar{x} \in \bar{\Omega} : \bar{I}_j = 0 \text{ pour } j \neq i\}$ d'après le théorème 5.3, nous établissons que la solution périodique d'un seul souche est uniformément globalement asymptotiquement stable (voir la démonstration du théorème 5.4. Maintenant, et de manière correspondante nous considérons le système définie sur l'ensemble $\Omega_i = \{n \in \Omega : \bar{I}_{jk} = 0 \text{ pour } j \neq i \text{ et } k = 1, \dots, p\}$, le résultat est une conséquence directe du théorème 5.1.
3. Conséquence directe des théorèmes 5.1 et 5.4. ■

5.5 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons considéré une population touchée par une épidémie SIS à plusieurs souches périodiques avec des migrations rapides entre les sites. À l'aide des hypothèses de **Hoppensteadt** et les résultats de **Martcheva** nous avons arrivé à définir le nombre de reproduction globale. Et à travers ce nombre nous établissons les résultats suivants :

- Il existe un seul point d'équilibre sans maladie qui est globalement stable si tous les nombres de reproduction sont inférieurs à un.
- En outre, nous établissons que nous avons une solution périodique. Si le nombre de reproduction d'une seule souche est supérieur à un, alors que ceux des autres sont inférieurs à un. Cette solution périodique est globalement stable où tous les autres souches sont éteints.

Conclusion générale

Dans ce mémoire, nous avons présenté la méthode d'agrégation des variables pour les équations différentielles ordinaires dans les deux cas : autonome et non autonome.

On peut conclure que la méthode d'agrégation des variables, semble être une approche intéressante et un outil puissant pour traiter un système complexe. L'existence de deux échelles de temps permet d'obtenir un modèle mathématique réduit gouvernant la dynamique de quelques variables globales. Ce modèle réduit (agrégé) est obtenu par des méthodes d'approximation dont la dynamique est très proche de celle du modèle initial complexe.

Nous avons présenté aussi des applications de cette méthode en écologie et en épidémiologie.

Bibliographie

- [1] Auger, P., Bravo de la Parra, R., Poggiale, J.C., Sanchez, E., Nguyen Huu, T., 2008a. Aggregation of variables and applications to population dynamics. In: Magal
- [2] Auger, P., Bravo de la Parra, R., Poggiale, J.C., Sanchez, E., Sanz, L., 2008b. Aggregation methods in dynamical systems and applications in population and community dynamics. *Phys. Life Rev.* 5, 79–105.
- [3] Auger, P., Benoit, E., 1993. prey–predator model in a multi-patch environment with different time scales. *J. Biol. Syst.*, 1(2), 187–197
- [4] Auger, P., Bravo de la Parra, R., 2000: of aggregation of variables in population. *C. R. Acad. Sci. Paris, Sciences de la vie*, 323, 665–674
- [5] Auger, P., mchich, R. , Chowdhury, T., Sallet, G. , Tchuenta, M. , Chattopadhyay, J., 2009: Effects of a disease affecting a predator on the dynamics of a predator–prey system, *Journal of Theoretical Biology* ,258 ,344–351.
- [6] M. Marva, R. Bravo de la parra, J.-C. Poggiale, 2011. Approximation aggregation of a two time scales periodic multi-strain SIS epidemic model : A patchy environment with fast migrations.
- [7] Ma, J., Ma, Z., 2006. Epidemic threshold conditions for seasonally forced SEIR models. *Math. Biosci. Eng.* 3, 161–172.
- [8] Martcheva, M., 2009. A non-autonomous multi-strain SIS epidemic model. *J. Biol. Dynam.* 3 (2), 235–251.
- [9] Michalski, J., Poggiale, J.C., Arditi, R., Auger, P., 1997: Effects of migrations modes on patchy predator–prey systems. *J. Theor. Biol.*, 185, 459–474
- [10] Murray, J.D., 1989: *Mathematical biology*. Springer, Berlin Heidelberg New York
- [11] Farkas, M., 1994. *Periodic Motions*. Springer-Verlag, New York. Hethcote, H.W., 1973. Asymptotic behavior in a deterministic epidemic model. *Bull. Math. Biol.* 36, 607–614.
- [12] Fenichel, N., 1971: Persistence and Smoothness of Invariant Manifolds for Flows. *Indiana Univ. Math. J.*, 21(3), 193–226

- [13] Hoppensteadt, F., 1966. Singular perturbations on the infinite interval. *Trans. Am. Math. Soc.* 123 (2), 521–535.
- [14] Hoppensteadt, F., 1993. *Analysis and Simulation of Chaotic Systems*. Springer-Verlag, New York.
- [15] Hoppensteadt, F., 2010. *Quasi-Static State Analysis of Differential, Difference, Integral, and Gradient Systems*. Courant Institute of Mathematical Sciences, New York University, New York.
- [16] P.van den Driessche and J.Watmough,2002. Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission.*Math.Biosci.*(180):29-48.
- [17] Sakamoto, K.,1990:Invariant manifolds in singular perturbations problems for ordinary differential equations. *Proc. Roy. Soc. Ed.*, 116A, 45–78.
- [18] Schwartz, I.B., 1989. Nonlinear dynamics of seasonally driven epidemic models. In: Eisenfeld, J., Levine, D.S. (Eds.), *Biomedical Systems Modelling and Simulation* (Paris 1988). *IMACS Ann. Comput. Appl. Math.*, vol. 5. Baltzer, Basel, pp. 201–204.
- [19] Seneta, E., 1981. *Non-negative Matrices and Markov Chains*. Springer-Verlag, New York.
- [20] Thieme, H.R., 2000. Uniform persistence and permanence for non-autonomous semiflows in population biology. *Math. Biosci.* 166, 173–201.
- [21] Wiggins, S.,1994: *Normally Hyperbolic invariant manifolds in dynamical systems*.Springer, Berlin Heidelberg New York .