

UNIVERSITÉ ABOU BEKR BELKAID TLEMCCEN



Faculté de Sciences

Département de Mathématiques

MÉMOIRE DE MASTER

Spécialité : PROBABILITÉ ET STATISTIQUE

présenté par Meryem Haraig

PROBABILITE D'EXTINCTION DANS UN ENVIRONNEMENT PERIODIQUE LENT

Soutenu le : 27/ 09/ 2023

devant le jury composé de :

M.me Benyahia Ouahiba MCB U. Tlemccen Présidente
M.me Bensaber Fatna MAA U. Tlemccen Examinatrice
M.me Khattab Zahira MCB U. Tlemccen Examinatrice
M.me Bensmain Nawel MCB U. Tlemccen Encadrant

Année Universitaire :2022-2023

Remerciements

En préambule à ce mémoire, nous remercions **ALLAH** qui nous aide et nous inspire la patience et le courage durant toutes nos années d'études.

Comme je souhaite adresser mes remerciements à **mes chers parents** et spécialement **ma mère** pour leur amour, leurs conseils ainsi que leur soutien inconditionnel, qu'Allah le tout puissant les préserve et les bénisse.

Je voudrais adresser toute ma gratitude et mes remerciements les plus sincères à la directrice de ce mémoire **Mme. Bensmain Nawel** pour sa patience, sa disponibilité, sa gentillesse et surtout ses judicieux conseils, qui ont contribué à alimenter ma réflexion et aussi pour les connaissances qu'elle a bien voulu me transmettre, elle m'a guidé dans mon travail et m'a aidé à trouver des solutions pour avancer.

Je désire aussi remercier les professeurs, qui m'ont fourni les outils nécessaires à la réussite de mes études universitaires. Je tiens à remercier spécialement **Mme.bensaber Fatna** non seulement pour son consentement à examiner ce mémoire mais également pour son soutien et ses conseils.

Je tiens à remercier **Mme.Benyahia Ouahiba** de bien vouloir présider le jury, aussi à remercier **Mme.Khattab Zahira** pour avoir acceptée d'examiner ce travail.

Mes remerciements les plus chaleureux vont à tous mes proches,mes soeurs **Soumia et Ikram** et **mes amis** qui m'ont apporté leur support moral et intellectuel tout au long de ma démarche.

Enfin, je remercie tous ceux qui, de près ou de loin, ont contribué à la réalisation de ce travail.

Que chacun d'entre vous soit ici vivement remercié de m'avoir fait le plaisir d'assister à ma soutenance, ainsi que pour l'attention et l'intérêt que vous avez portés à ce travail....

TABLE DES MATIÈRES

1	Préliminaires	6
1.1	Importance de la modélisation	7
1.2	Épidémiologie	8
1.2.1	Épidémiologie et Modélisation Mathématique	8
1.2.2	Système lent-rapide	10
1.2.3	la solution canard	10
1.2.4	Le champ de vecteur coopératif	11
1.2.5	Le multiplicateur de Floquet	11
2	Généralités sur les processus de naissances et de morts	13
2.1	Définitions de base	13
2.1.1	Chaînes de Markov à temps continu	14
2.1.2	Processus de naissance et de mort homogène	15
2.1.3	Processus de naissance et de mort non homogène	16
2.1.4	Processus de naissance et de mort linéaire	16
2.1.5	Processus de comptage	17
2.1.6	Processus de branchement	18
3	Probabilité d’extinction et Applications	20
3.1	Quelques définitions	20
3.1.1	Le rayon spectral	20
3.1.2	Valeur propre principale	20
3.1.3	Théorème de Perron-Frobénius	21
3.2	La Probabilité d’extinction	21
3.3	la probabilité d’extinction dans un environnement périodique lent	27

3.3.1	Présentation du modèle	27
3.3.2	Exemple	31

Introduction

Il existe de nombreuses situations en biologie, et en particulier en épidémiologie, où l'on rencontre une population d'individus qui évoluent sur le plan quantitatif. Pour cela, de nombreux modèles stochastiques ont été développés tels que les processus de comptage à travers lesquels les variations, la croissance, ou l'extinction d'une population ont été abondamment discutées dans la littérature.

Le processus de la naissance et de la mort a été largement utilisé pour formuler le comportement des populations dynamiques. Il existe de nombreux exemples de modèles univariés de croissance démographique, en particulier dans les applications biologiques. Les travaux pionniers de Yule, Feller et Kendall vers les années soixante-dix du siècle précédent dans le domaine des processus de naissance et de mort ont été étendus dans une variété d'applications y compris des études en épidémiologie, en contrôle des populations et en génétique [15]. En pratique, les individus d'une population ne sont pas indiscernables mais sont de types différents. Dans ce cas, un des processus de comptage qui sont d'une grande utilité est celui de naissance et de mort, il est utilisé pour modéliser certaines situations en épidémiologie lorsque les différents stades d'une maladie sont traités comme des types différents. Pour une épidémie, nous pouvons anticiper plusieurs périodes de la maladie, telles que l'incubation latente et la phase infectieuse. C'est dans ce contexte que l'on peut utiliser des processus de naissance et de mort à plusieurs types.

Les progrès scientifiques récents ont largement contribué à l'expansion de la connaissance de la dynamique de la progression en épidémiologie et de son interaction au niveau de la population. De nombreux modèles mathématiques, qu'ils soient stochastiques ou déterministes, tentent de décrire ces phénomènes au moyen d'équations Différentielles Ordinaires, qu'elles soient linéaires ou non-linéaires.

L'estimation de la probabilité d'extinction d'une population est une question qui suscite l'interrogation et l'intérêt de nombreux chercheurs, à la fois pour le phénomène vital de la conservation de l'espèce et pour l'épidémiologie. Cette dernière se concentre spécifiquement sur la population et plus précisément sur la population infectée.

L'un des objectifs de la recherche fondamentale de ce travail est de comprendre les mécanismes à partir d'un modèle mathématique classique, afin d'étudier ce genre de problème ainsi que des processus linéaires de naissance et de mort avec un ou plusieurs types d'individus. Nous tiendrons compte dans de nombreuses situations de la saisonnalité de l'environnement, ce qui nous conduira à étudier ces processus lorsque les coefficients de naissance et de mort sont des fonctions périodiques du temps.

Dans ce mémoire, nous abordons la modélisation mathématique à travers un processus linéaire de naissance de mort ayant plusieurs types d'individus au sein d'une population dans un environnement périodique. Nous allons tenir compte dans De nombreuses situations la saisonnalité de l'environnement, ce qui nous conduira à l'étude de ces processus lorsque les coefficients de naissance et de mort sont des fonctions périodiques du temps.

Le chapitre 1 sera consacré aux préliminaires et rappels, où nous illustrerons l'importance

de la modélisation mathématique en épidémiologie, ainsi que la dynamique des populations. Dans le chapitre deux nous allons présenter une généralité sur les processus et spécifiquement les processus de naissance et de mort.

Le chapitre 3 sera dédié à la probabilité d'extinction et à ses applications. Nous présenterons quelques théorèmes et propriétés de cette probabilité, tout en traitant un modèle de processus de naissance et de mort à coefficients périodiques avec plusieurs types d'individus.

CHAPITRE

1

PRÉLIMINAIRES

1.1 Importance de la modélisation

Notre objectif dans Cette section est d'essayer de comprendre, en utilisant un modèle mathématique, l'évolution temporelle ou la "dynamique" d'un phénomène biologique. Pour mettre en évidence ce phénomène, nous serons obligés de simplifier le système biologique afin d'obtenir un modèle plus facile à étudier mathématiquement. Une difficulté de cette démarche est donc d'obtenir un bon compromis entre le réalisme biologique du modèle et la faisabilité des calculs.

L'existence d'un modèle mathématique permet de quantifier certains phénomènes et de prédire certains comportements par exemple, montrer qu'une certaine population va s'éteindre et calculer l'espérance du temps d'extinction ou indiquer comment elle va envahir l'espace. Il est important de se poser la question de la justification du modèle.

Une étape ultérieure, dans le cas où il est possible d'obtenir des données observées pour le phénomène qui nous intéresse, consiste à construire des tests statistiques qui permettront de valider le modèle.

L'intérêt d'un modèle réside dans son "universalité". Par exemple, nous verrons que des problèmes biologiques très différents, tels que les échelles de taille allons des gènes aux cellules, des bactéries aux individus, et jusqu'aux colonies, peuvent présenter des comportements aléatoires similaires et être étudiés par des modèles analogues.

Définissons par exemple le modèle suivant :

$$X_n = X_0 + \sum_{i=1}^n Z_i \quad (1.1)$$

tels que :

X_n = taille de la population à la génération (ou instant) n .

A chaque instant n , un individu apparaît ou meurt de manière indépendante de ce qui s'est passé précédemment, et indépendamment de ses congénères, avec probabilité $\frac{1}{2}$.

Le nombre initial d'individus est X_0 .

Les variables aléatoires $(Z_i)_i$ sont indépendantes et de même loi

$$P(Z_i = 1) = P(Z_i = -1) = \frac{1}{2} \quad (1.2)$$

Comme X_n décrit la taille de la population, le processus s'arrête quand X_n atteint 0, (sans immigration). Considérons maintenant le modèle de déplacement spatial le plus simple. Un kangourou se déplace sur une route en sautant par sauts de 1 mètre, aléatoirement et indifféremment en avant ou en arrière, à chaque unité de temps, et sa position initiale est X_0 . La position X_n du kangourou au temps n sera alors donnée par

$$X_n = X_0 + \sum_{i=1}^n Z_i$$

où les variables aléatoires $(Z_i)_i$ sont définies comme ci-dessus. ici, il n'y a aucune raison de supposer que le processus s'arrête quand $X_n = 0$. Le kangourou peut en fait repasser une

infinité de fois par 0. D'un point de vue probabiliste, les modèles qui décrivent ces deux phénomènes bien distincts sont très proches.

1.2 Épidémiologie

L'épidémiologie est une discipline scientifique qui étudie les problèmes de santé dans les populations humaines, leurs fréquences, leurs distributions dans le temps et dans l'espace ainsi que les facteurs influençant la santé et les maladies au sein de ces populations.

L'étude de la répartition et des déterminants des événements de santé sert de fondement à la logique des interventions en matière de santé publique et de médecine préventive. La reconnaissance de l'épidémiologie en tant que champ d'étude est relativement récente, remontant à la première étude significative réalisée en 1854.

Cependant, l'épidémiologie a toujours été l'un des piliers de la santé publique et de la médecine tout au long de l'histoire. Les approches des épidémiologistes sont variées, allant de l'étude sur le terrain (au cœur de la communauté, souvent dans un service de santé publique) jusqu'au front de la recherche et de la lutte contre l'émergence des maladies, en passant par la modélisation et la veille sanitaire.

Prenons un exemple pour illustrer le concept de l'épidémiologie et ses applications.

Imaginons qu'il y ait une épidémie de grippe dans une petite communauté. Les épidémiologistes vont collecter des données sur les personnes atteintes de la grippe, telles que leur âge, leur sexe et leurs symptômes. Ils vont également étudier les modes de transmission de la grippe, tels que les contacts étroits avec des personnes malades ou la propagation du virus par la toux et les éternuements.

En analysant ces données, les épidémiologistes pourront déterminer la fréquence de la grippe dans la communauté, identifier les groupes d'âge les plus touchés et évaluer l'efficacité des mesures de prévention, comme la vaccination. Ils pourront également anticiper l'évolution de l'épidémie et recommander des actions pour la contenir, telles que des mesures d'hygiène renforcées ou la mise en place de campagnes de sensibilisation.

Grâce à l'épidémiologie, il est possible de mieux comprendre les maladies infectieuses et de prendre des mesures appropriées pour protéger la santé des populations.

1.2.1 Épidémiologie et Modélisation Mathématique

La modélisation mathématique et l'épidémiologie sont deux disciplines interdépendantes qui travaillent ensemble pour étudier les maladies et les épidémies. La modélisation mathématique permet de représenter et de simuler les processus épidémiologiques à l'aide d'équations et de modèles mathématiques. Elle permet de prédire la propagation d'une maladie, d'estimer son impact sur la population et d'évaluer l'efficacité des interventions de santé publique. Voici un exemple de modèle mathématique utilisé en épidémiologie :

Modèle SIR (Susceptible-Infecté-Récupéré) :

Ce modèle représente la dynamique d'une maladie infectieuse dans une population. Il est

basé sur les équations différentielles suivantes :

- Variation du nombre de personnes susceptibles d'être infectées : $dS/dt = -\beta \times S \times I$
- Variation du nombre de personnes infectées : $dI/dt = \beta \times S \times I - \gamma \times I$
- Variation du nombre de personnes récupérées : $dR/dt = \gamma \times I$

Dans ces équations,

S : représente le nombre de personnes susceptibles d'être infectées.

I : représente le nombre de personnes infectées .

R : représente le nombre de personnes récupérées.

t : représente le temps.

β et γ : sont des paramètres qui décrivent respectivement le taux de transmission de la maladie et le taux de guérison.

Ce modèle permet de prédire l'évolution de l'épidémie en fonction des interactions entre différentes populations. Il peut être utilisé pour estimer l'impact d'interventions de santé publique telles que la vaccination ou la distanciation sociale.

La dynamique des populations étudie la répartition et le développement quantitatif de populations d'individus, asexués ou sexués. Elle s'intéresse aux mécanismes d'auto-régulation des populations, au problème de l'extinction d'une population ou à l'existence d'un éventuel état stationnaire ou quasi-stationnaire. Elle examine également les interactions entre différentes espèces, telles que les liens de prédation entre proies et prédateurs, ou plus généralement la structuration des réseaux trophiques (qui décrivent les relations alimentaires et le transfert d'énergie entre les organismes d'un écosystème) ainsi que les modèles de coopération ou de compétition.

Exemple :

Prenons l'exemple de la dynamique d'une population de prédateurs-proies pour illustrer la définition de la dynamique des populations. Imaginons une population de loups (prédateurs) et de lapins (proies) vivant dans un écosystème donné. La dynamique de cette population étudie comment la répartition et le développement quantitatif des loups et des lapins évoluent au fil du temps. Dans ce cas, la dynamique de la population des lapins dépendra de facteurs tels que la disponibilité des ressources alimentaires, les taux de reproduction et de mortalité des lapins, les maladies, etc. Ces facteurs influenceront le taux de croissance de la population des lapins. La dynamique de la population des loups sera également influencée par ces facteurs, mais elle dépendra également de la disponibilité de proies (les lapins). Si la population de lapins diminue en raison de la prédation, cela aura un impact sur la population des loups, qui pourrait diminuer si leurs principales sources de nourriture se raréfient.

La dynamique de cette population permettra donc d'étudier les mécanismes d'auto-régulation des populations, tels que les interactions proie-prédateur, les cycles de population, et la recherche d'un équilibre entre les populations de prédateurs et de proies. On pourra également s'intéresser à des questions telles que l'extinction éventuelle d'une population de lapins ou le maintien d'un état stationnaire où les populations de loups et de lapins se

stabilisent à long terme.

En résumé, la dynamique de population dans cet exemple consiste à étudier comment les populations de loups et de lapins se développent et interagissent au fil du temps, en prenant en compte les mécanismes d'auto-régulation, les interactions entre espèces et les processus de prédation et de reproduction.

1.2.2 Système lent-rapide

Pour $(x, y) \in \mathbb{R}^n \times \mathbb{R}^q$, considérons le système dynamique donné par les équations différentielles suivantes :[10]

$$\begin{cases} \epsilon \dot{x} &= f(x, y, \lambda) \\ \dot{y} &= g(x, y, \lambda) \end{cases}$$

x : sont des composantes appelées variables rapides.

y : sont des composantes appelées variables lentes.

t : dans ce système est appelé temps lent.

ϵ : est un petit paramètre positif mesure la différence entre l'échelle de temps rapide et l'échelle de temps lente.

λ : est un autre petit paramètre dans \mathbb{R}^p .

Ce système est appelé perturbation singulière car :

$$\begin{cases} \epsilon \neq 0 & \text{la dimension du système} = n + q \\ \epsilon = 0 & \text{la dimension du système} = q \end{cases}$$

[6] Ce système peut être interprété comme une perturbation du système associé $x' = f(x, y, \lambda)$, dans laquelle le paramètre λ serait lentement variable.

Les variétés lentes définies par $\{(x, y), f(x, y) = 0\}$ correspondent à des points d'équilibre du système associé.

1.2.3 la solution canard

L'idée fondamentale du concept de "canard" est d'expliquer comment les solutions d'une équation différentielle restent stables autour d'une valeur spécifique, même en présence de perturbations potentielles. Cette stabilité est observable malgré des conditions initiales qui pourraient sembler instables à première vue.

visuellement, les trajectoires correspondant à ces solutions peuvent évoquer l'image d'un canard flottant sur l'eau. La "tête" du canard représente la partie stable de la trajectoire, tandis que la "queue" oscille légèrement. Cette oscillation périodique de la "queue" contraste avec la stabilité de la "tête" du canard, créant un comportement étrange illustre les interactions complexes dans les systèmes dynamiques non linéaires.

Dans notre travail, le "canard" se réfère aux solutions du modèle qui restent élevées près de 1 malgré des conditions suggérant une diminution attendue. Cela démontre un comportement contre-intuitif où les solutions semblent résister aux influences extérieures, d'où la comparaison avec le canard flottant à contre-courant.

Quelques définitions importantes

p-convexe

On utilise La notion p-convexité dans le contexte de la géométrie convexe. soit X un espace vectoriel réel et C un sous-ensemble convexe de X . On dit que C est p-convexe si, pour tout couple de points x, y appartenant à C et pour tout réel t dans l'intervalle $[0, 1]$, la combinaison convexe de x et y , définie par la formule suivante, appartient également à C :

$$(1 - t)^p x + t^p y \in C$$

1.2.4 Le champ de vecteur coopératif

Un champ de vecteur coopératif est une notion utilisée pour décrire un système dynamique composé de plusieurs vecteurs associés à chaque point d'un espace. Formellement, soit E un espace Euclidien ou un sous-ensemble ouvert de \mathbb{R}^n . Un champ de vecteurs coopératif sur E est une fonction $F : E \rightarrow \mathbb{R}^n$ telle que pour tout point $x \in E$, $F(x)$ est un vecteur attaché à ce point.

1.2.5 Le multiplicateur de Floquet

Le multiplicateur de Floquet est un concept important en théorie des systèmes dynamiques périodiques. Il permet d'analyser la stabilité et le comportement des solutions périodiques d'un système. La matrice de Floquet, généralement notée A , est une matrice carrée qui décrit la relation entre l'état initial d'un système dynamique périodique et son état à un instant ultérieur sur une période complète. Elle est obtenue en linéarisant les équations du système autour de la solution périodique. Une solution périodique d'un système dynamique périodique peut être représentée par un vecteur d'état $x(t)$ qui évolue dans le temps t . La matrice de Floquet A est définie de telle manière que :

$$x(t + T) = Ax(t) .$$

où :

$x(t)$: le vecteur d'état du système à l'instant t .

T : la période du système.

A : la matrice de transition qui dépend périodiquement du temps avec une période T .

Les valeurs propres de la matrice de Floquet, notées λ , représentent les multiplicateurs de Floquet. Elles décrivent comment les amplitudes des différentes composantes du vecteur d'état évoluent sur une période complète du système.

Multiplicateur de Floquet principal (λ_p) : Le multiplicateur de Floquet principal (ou

le multiplicateur principale unitaire) est la valeur propre de la matrice de Floquet ayant le plus grand module.

Mathématiquement, cela peut être exprimé comme suit :

$$\lambda_p = \max(|\lambda|), \text{ satisfaisant l'équation } \det(A - \lambda_p I) = 0.$$

où I : est la matrice identité.

Cela signifie que le multiplicateur de Floquet principal donne l'amplitude maximale atteinte par l'une des composantes du vecteur d'état sur une période complète du système. Il est utilisé pour évaluer la stabilité et la croissance de l'amplitude des solutions périodiques. Les techniques analytiques et numériques avancées sont souvent utilisées pour les études de stabilité et d'analyse des systèmes dynamiques.

CHAPITRE

2

GÉNÉRALITÉS SUR LES PROCESSUS DE NAISSANCES ET DE MORTS

Dans ce chapitre, on donne quelques notions de base sur les processus de naissances et de morts qui sont nécessaires dans les modèles étudiés au chapitre 3.

2.1 Définitions de base

Soient $(\Omega, \mathcal{A}, \mathbb{P})$ un espace de probabilité. (E, \mathcal{E}) un espace mesurable et \mathcal{T} un sous ensemble de \mathbb{R} .

Définition 2.1 (Processus stochastique). *Un processus $X = (X_t)_{t \in \mathcal{T}}$ est une famille de variables aléatoires définies sur Ω à valeurs dans E . c'est donc fonction de deux variables :*

$$\begin{aligned} X : \mathcal{T} \times \Omega &\rightarrow E \\ (t, \omega) &\rightarrow X_t(\omega). \end{aligned}$$

1. L'indice t indique souvent le temps, tandis que $X_t := X(t)$ représente l'état du processus à l'instant t .
2. l'ensemble E est dit l'espace des états du processus
3. Lorsque \mathcal{T} est dénombrable, on dit que le processus est à temps discret.
4. Lorsque \mathcal{T} est un intervalle, on dit que le processus est à temps continu.

2.1.1 Chaînes de Markov à temps continu

Un processus stochastique à temps continu $\{X_t, t > 0\}$ est une chaîne de Markov à temps continu si : [7]

1. L'espace E des états du processus est dénombrable.
2. $\forall n \in \mathbb{N}$, et $t_1 < t_2 < \dots < t_n$

$$\mathbb{P}(X_{t_n} | X_{t_1}, \dots, X_{t_{n-2}}, X_{t_{n-1}}) = \mathbb{P}(X_{t_n} | X_{t_{n-1}})$$

La fonction de transition d'une chaîne de Markov à temps continu est donnée par

$$p_{i,j}(s, t) = \mathbb{P}(X_t = j | X_s = i); \quad 0 \leq s < t$$

Cette fonction de transition mesure la probabilité que le processus passe de l'état i à l'état j en un intervalle de temps $[s, t]$. Elle joue un rôle essentiel dans la modélisation et l'analyse des comportements des chaînes de Markov à temps continu.

Remarque 2.1. 1. Si la probabilité de transition ne dépend que de la différence $t - s$ on dit que la chaîne est homogène. Dans ce cas elle s'écrit

$$p_{i,j}(h) = \mathbb{P}(X_{t+h} = j | X_t = i) \quad h \geq 0$$

et par suite, on peut définir le taux de transition instantané à partir de l'état i par

$$q_i = \lim_{h \rightarrow 0} \frac{1 - p_{i,i}(h)}{h}$$

et le taux de transition instantané de l'état i vers l'état j par

$$q_{i,j} = \lim_{h \rightarrow 0} \frac{p_{i,j}(h)}{h}$$

2. Si la chaîne de Markov est non homogène, le taux de transition instantané à partir de l'état i au temps t est donné par

$$q_i(t) = \lim_{h \rightarrow 0} \frac{1 - p_{i,i}(t, t+h)}{h}$$

et le taux de transition instantané de l'état i vers l'état j par

$$q_{i,j}(t) = \lim_{h \rightarrow 0} \frac{p_{i,j}(t, t+h)}{h}$$

3. La matrice $Q(t) = (q_{i,j})_{i,j}$ est appelée générateur infinitésimal (ou matrice de taux de transition).

On remarque que

$$\forall i \in E, \sum_j q_{i,j} = 0.$$

Donc pour une chaîne de Markov donnée par son état initial et son générateur infinitésimal, il est possible de trouver la probabilité pour qu'elle soit dans un état j à un instant donné t .

Si la chaîne de Markov est homogène, la matrice $Q(t)$ est constante et ne dépend pas de t .

Définition 2.2. *c'est une chaîne de Markov définie sur $\{0, 1, \dots, d\}$ ou $\{0, 1, 2, \dots\}$ avec la probabilité de transition satisfaisant*

$$p_{ij} = 0 \text{ si } |i - j| \geq 2;$$

$$p_{ij} = \begin{cases} \mu_i & \text{si } j = i - 1 \\ \lambda_i & \text{si } j = i + 1; \end{cases}$$

$$\lambda_i + \mu_i = 1, \quad \lambda_i, \mu_i \geq 0.$$

X_n le nombre d'individus à la n ème génération. $\lambda_0 = \mu_0 = 0$.

Taux de Natalité (λ_i) : Le taux de natalité en l'état i ou bien l'intensité mesure la fréquence moyenne par unité de temps à laquelle de nouveaux événements de naissance se produisent, étant donné que le processus est actuellement dans l'état i .

Taux de mortalité (μ_i) : Le taux de mortalité en l'état i mesure la fréquence moyenne par unité de temps à laquelle des événements de mort se produisent, étant donné que le processus est actuellement dans l'état i .

$$\mu_i = \lim_{h \rightarrow 0} \frac{P(N_{t+h} = i - 1 | N_t = i)}{h}$$

2.1.2 Processus de naissance et de mort homogène

Soit $(X_t, t \geq 0)$ une chaîne de Markov homogène à temps continu dont l'espace des états est l'ensemble des entiers naturels. Elle est dit processus de naissance et de mort homogène si pour tous les couples d'états (i, j) tels que $|i - j| > 1$, on a $q_{i,j} = 0$.

Dans ce cas, on peut introduire les notations suivantes :

$$\lambda_i = q_{i,i+1} = \lim_{h \rightarrow 0} \frac{p_{i,i+1}(h)}{h}, \quad i = 0, 1, 2, \dots;$$

$$\mu_i = q_{i,i-1} = \lim_{h \rightarrow 0} \frac{p_{i,i-1}(h)}{h}, \quad i = 1, 2, \dots,$$

avec $\mu_0 = 0$.

λ_i et μ_i sont appelées respectivement le taux de naissance à l'état i et le taux de mortalité à l'état i et elles ont pour somme q_i i.e.

$$\lambda_i + \mu_i = q_i$$

Remarque 2.2. 1. Si pour tout $i \in \mathbb{N}$, $\mu_i = 0$, alors on dit que $(X_t, t \geq 0)$ est un

processus de naissance pur homogène.

2. Si pour tout $i \in \mathbb{N}$, $\lambda_i = 0$, alors on dit que $(X_t, t \geq 0)$ est un processus de mort pur homogène.

2.1.3 Processus de naissance et de mort non homogène

Une chaîne de Markov $(X_t, t \geq 0)$ est dit processus de naissance et de mort non homogène si, pour tous les couples d'états (i, j) tels que $|i - j| > 1$, on a $q_{i,j}(t) = 0$ pour tout $t \geq 0$. Dans ce cas, on peut introduire les notations suivantes :

$$\lambda_i(t) = q_{i,i+1}(t) = \lim_{h \rightarrow 0} \frac{p_{i,i+1}(t, t+h)}{h}, \quad i = 0, 1, 2, \dots;$$

$$\mu_i(t) = q_{i,i-1}(t) = \lim_{h \rightarrow 0} \frac{p_{i,i-1}(t, t+h)}{h}, \quad i = 1, 2, \dots,$$

avec $\mu_0(t) = 0, \quad t \geq 0$.

$\lambda_i(t)$ et $\mu_i(t)$ sont appelées respectivement le taux de naissance à l'état i au temps t et le taux de mort à l'état i au temps t et elles ont pour somme

$$\lambda_i(t) + \mu_i(t) = q_i(t)$$

Remarque 2.3. 1. Si pour tout $i \in \mathbb{N}$, $\mu_i(t) = 0$ et pour tout $t \geq 0$, alors on dit que $(X_t, t \geq 0)$ est un processus de naissance pur non homogène.

2. Si pour tout $i \in \mathbb{N}$, $\lambda_i(t) = 0$ et pour tout $t \geq 0$, alors on dit que $(X_t, t \geq 0)$ est un processus de mort pur non homogène.

2.1.4 Processus de naissance et de mort linéaire

[12] Dans le processus linéaire de naissance et de mort, les taux de naissance et de décès sont linéaires en n , c'est-à-dire :

$$B_n = \lambda n \quad \text{et} \quad D_n = \mu n.$$

où :

B_n : Taux de naissance au niveau de la classe d'âge n .

D_n : Taux de décès au niveau de la classe d'âge n .

$\lambda > 0$: Taux de naissance par individu.

$\mu > 0$: Taux de décès par individu.

Soit μ_i le moment de la distribution de la taille de la population à l'instant i , c'est-à-dire :

$$\mu_i(t) = \sum_{n=0}^{\infty} n^i \mathbb{P}_n(t) = \sum_{n=0}^{\infty} n^i \mathbb{P}(X(t) = n).$$

Remarque 2.4. lorsque le taux de mort et le taux de naissance sont des fonctions périodiques, on dit qu'on a un processus de naissance et de mort dans un environnement périodique

2.1.5 Processus de comptage

Définition 2.3. [7] Un processus de comptage $(N_t, t \in \mathcal{T})$ est un processus stochastique à temps continu où N_t représente le nombre d'événements s'étant réalisés jusqu'à l'instant t .

Un processus de comptage vérifie les propriétés suivantes :

1. $N_t \geq 0$;
2. $N_t \in \mathbb{N}$;
3. pour tout $0 \leq s < t$, $N_s \leq N_t$;
4. pour tout $0 \leq s < t$, l'accroissement $N_t - N_s$ correspond au nombre d'événements se réalisants dans l'intervalle $(s, t]$.

Définition 2.4 (Accroissements indépendants). Un processus de comptage est dit d'accroissements indépendants si pour tout s, t, s', t' tels que $[s, t] \cap [s', t'] = \emptyset$ on a $N_t - N_s$ et $N_{t'} - N_{s'}$ sont indépendantes .

Les variables aléatoires qui comptent le nombre d'événements se produisant dans des intervalles de temps disjoints sont indépendantes.

Définition 2.5 (Accroissements stationnaire). Un processus de comptage est dit d'accroissements stationnaires si pour tout $t > 0$ et $h > 0$, $N_{t+h} - N_t$ ne dépendant que de h .

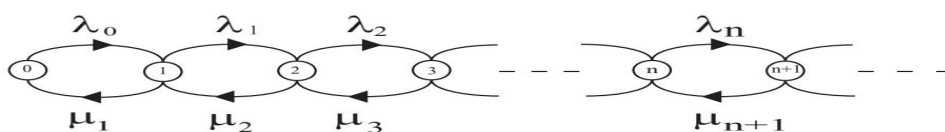
Remarque 2.5. 1. Un processus de naissance et de mort et un processus de comptage.

En effet, N_t représente la taille de la population (nombre d'individus) au temps t .

2. Pour un processus de naissance et de mort N et dans un intervalle de temps très petit, la valeur de N_t peut soit augmenter de 1, soit diminuer de 1, soit rester la même.
3. générateur infinitésimal d'un processus de naissance et de mort est donc une matrice tridiagonale donnée par

$$Q = \begin{pmatrix} -\lambda_0 & \lambda_0 & & & & & 0 \\ \mu_1 & -(\lambda_1 + \mu_1) & \lambda_1 & & & & \\ & \mu_2 & -(\lambda_2 + \mu_2) & \lambda_2 & & & \\ & & \mu_3 & \ddots & \ddots & & \\ 0 & & \ddots & \ddots & \ddots & \ddots & \end{pmatrix}$$

de graphe des taux :



Le graphe des taux de transition est constitué de “boudins”, les arcs vers la droite représentant les taux de naissance et ceux vers la gauche les taux de mortalité.

2.1.6 Processus de branchement

Un peu d'histoire Dans cette étude, nous allons analyser les processus de branchement ainsi que les cycles de naissance et de décès en temps continu. Les fondements de ces processus trouvent leur source dans les travaux de Bienaymé en 1845. Dans une brève annotation intitulée "De la loi de la multiplication et de la durée des familles", Bienaymé explore un modèle discret où tous les individus hommes possèdent la même probabilité d'avoir un nombre spécifique de fils qui parviennent à l'âge adulte. Son objectif est d'évaluer la probabilité qu'un homme ait encore des descendants portant son nom après n générations. Il identifie les situations sous-critique, critique ou surcritique, en fonction de la moyenne de la loi de reproduction, et étudie comment la lignée évolue lorsque le nombre de générations tend vers l'infini. Malheureusement, ses efforts ne parviennent pas à susciter l'intérêt à cette époque et finit par être oubliés.

Galton et Watson font paraître leur article intitulé "*On the probability of extinction of families.*" en 1874. Ils visent à estimer la probabilité de l'extinction d'un patronyme. Le modèle sous-jacent est similaire à celui développé par Bienaymé. Galton et Watson ont l'ingénieuse idée d'intégrer la fonction génératrice de la loi de reproduction à la génération n , tout en exploitant des équations récurrentes entre les générations n et $n + 1$, en tenant compte de l'indépendance des lignées.

La figure 3.1 représente la lignée issue d'un individu et illustre le processus de Galton et Watson. Dans ces contextes historiques, le temps adopte une approche discrète, servant à représenter les générations successives ou à modéliser la reproduction périodique des espèces, telle que les cycles de reproduction saisonnière. Dans ce passage, nous allons particulièrement nous focaliser sur des espèces dont la reproduction se déroule à des intervalles aléatoires, pouvant adopter n'importe quelle valeur réelle. Par conséquent, les durées de vie et les moments de reproduction de chaque individu varient de manière aléatoire. Ces concepts ont été présentés ultérieurement, d'abord par McKendrick en 1914, puis plus en profondeur par Yule en 1924. Yule a élaboré un modèle mathématique exhaustif de l'évolution des espèces en temps continu afin de rendre compte des observations relatives à ces répartitions d'espèces. Soit $(X_n)_{i \in \mathbb{N}, n \in \mathbb{N}}$ un processus défini par :

$$\begin{cases} X_0 = 1 \\ X_{n+1} = \sum_{i=1}^{X_n} Z_{n,i}. \end{cases}$$

X_n désigne le nombre d'individus à la n -ième génération.

$Z_{n,i}$ désigne le nombre de descendants du i -ième individu à la n -ième génération de loi de reproduction Z .

$(X_n)_{n \in \mathbb{N}}$ est appelé *processus de branchement*.

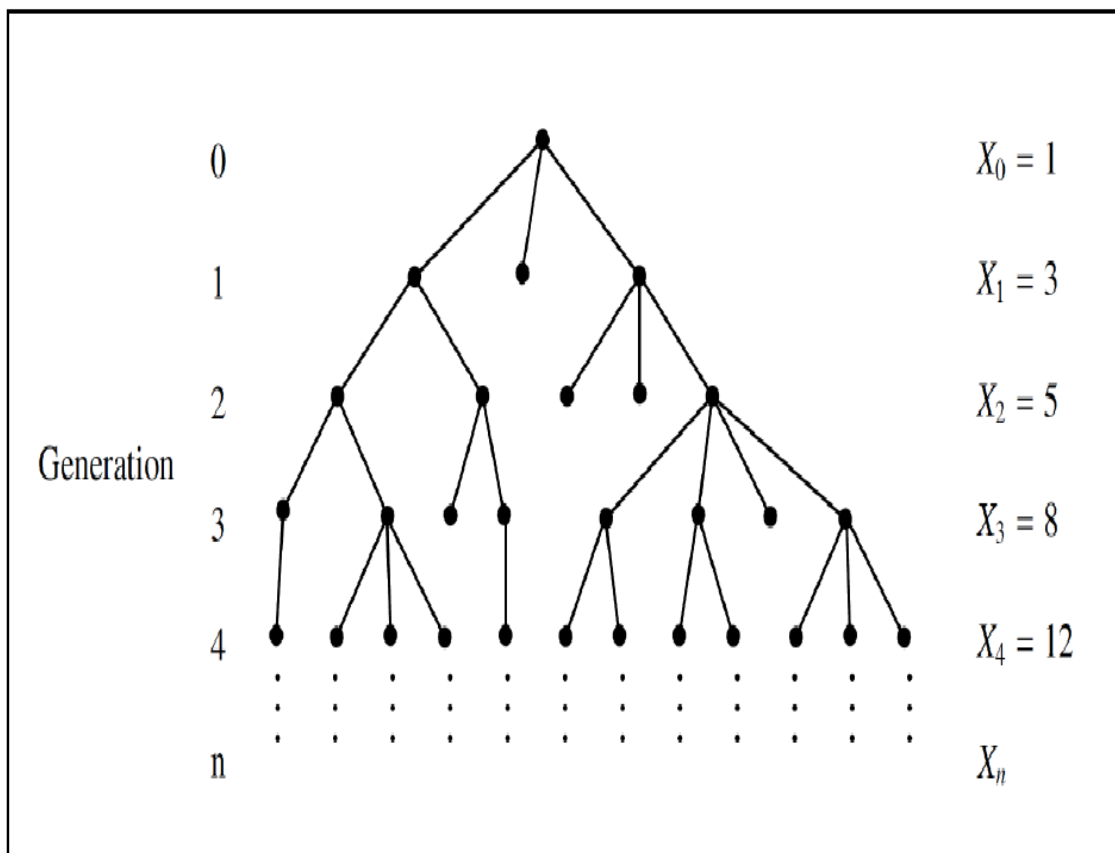


FIGURE 2.1 – Arbre généalogique d'un processus de Galton-Watson

CHAPITRE

3

PROBABILITÉ D'EXTINCTION ET APPLICATIONS

3.1 Quelques définitions

3.1.1 Le rayon spectral

Soit T un opérateur sur un espace de Banach \mathbb{E} . $GL(\mathbb{E})$ l'ensemble des opérateurs inversibles sur \mathbb{E} .

$\sigma(T) = \{\lambda \in \mathbb{C} : T - \lambda \text{Id} \notin GL(\mathbb{E})\}$: appelé le spectre de T , et $\sigma(T)$: est un compact de \mathbb{C} .
On appelle le rayon spectral de T :

$$\rho(T) = \max\{|\lambda| : \lambda \in \sigma(T)\}$$

or :

$$\rho(T) = \lim_{n \rightarrow +\infty} \frac{\|T^n\|}{n}.$$

Si E est de dimension finie, alors : $\rho(T)$ est le maximum des modules des valeurs propres de T . [3]

3.1.2 Valeur propre principale

Soit A une matrice irréductible, dont tous les coefficients hors de la diagonale sont positifs. Alors il existe un unique $\lambda \in \mathbb{R}$. λ est dite : **la valeur propre principale** de A si :

1. λ soit valeur propre géométriquement simple de A

2. il existe un vecteur propre associé à λ strictement positif.
3. toute autre valeur propre de A soit de partie réelle strictement inférieure à λ .

on appelle **vecteur propre de Perron** : Le vecteur propre associé dont la somme des coordonnées vaut 1.[3]

3.1.3 Théorème de Perron-Frobenius

[3] Soit $A \in M_n(\mathbb{R})$ une matrice strictement positive. Alors :

1. $\rho(A)$ est valeur propre géométriquement simple et non nul.
2. $\rho(A)$ est une valeur propre de A , et il existe un vecteur propre strictement positif qui lui est associé.
3. Toute autre valeur propre de A est de module strictement inférieur à $\rho(A)$.

Définition 3.1. Soit $A \in M_n(\mathbb{R})$, $a_{i,j} \geq 0$.

(i) A est dite **primitive** s'il existe $k \in \mathbb{N}$ tel que $a_{i,j}^k > 0$.

(ii) A est dite **irréductible** si pour tout couple (i, j) , il existe $k \in \mathbb{N}$ tel que $(a^k)_{ij} > 0$.

Théorème 3.1. [2] Soit $A = (a_{i,j})_{1 \leq i,j \leq n} \in Mn(\mathbb{R})$ une matrice positive et $\rho = \rho(A)$ son rayon spectral

(i) **Perron** : Supposons que A est primitive. Alors ($\rho(A) > 0$), ρ est la valeur propre dominante simple de A et il existe un unique vecteur x^+ strictement positif tel que

$$Ax^+ = \rho x^+ \text{ et } \|x^+\|_1 = 1$$

(ii) **Frobenius** : Supposons que A est irréductible. Alors ($\rho > 0$), ρ est une valeur propre simple de A et il existe un unique vecteur x^+ strictement positif tel que

$$Ax^+ = \rho x^+ \text{ et } \|x^+\|_1 = 1$$

avec :

$$\|x\|_1 = \sum_1^n |x_i|$$

3.2 La Probabilité d'extinction

Une des questions les plus intrigantes à explorer dans les processus de branchement concerne leur durée de vie potentielle. l'espérance du nombre d'individus dépend de l'espérance de la variable aléatoire Z_1 , si on considère $(X_n)_n$ un processus de branchement, cette dépendance prend tout son sens lorsque l'on considère :

$m < 1$: chaque individu, en moyenne, engendre moins de descendants qu'il n'en faudrait pour compenser sa disparition. Cette situation conduit à un déclin potentiel de la population, avec le temps.

$m > 1$: signifie que chaque départ d'un individu résulte en un accroissement de la population. Chaque génération supplémentaire est, en moyenne, plus nombreuse que la précédente.

$m = 1$: nous sommes dans une situation critique. L'espérance des variables Z_n est alors égale à 1 pour toutes les générations.

Une observation clé est que l'extinction de la population est certaine si et seulement si $m \leq 1$.

Définition 3.2. Soit $\tau = \inf\{n \geq 0; X_n = 0\} \in \mathbb{N} \cup \{+\infty\}$.

La probabilité d'extinction de la population à partir d'un nombre i d'individus, notée p , est définie par :

$$p = \mathbb{P}(\tau < \infty).$$

Définition 3.3. On note G la fonction génératrice de Z , définie par : $\forall t \in [0; 1]$

$$G(t) = \mathbb{E}[t^Z] = \sum_{i=0}^{\infty} t^i \cdot \mathbb{P}(Z = i)$$

On a la propriété suivante ;

Propriété 3.1. La fonction G est bien définie sur $]0; 1[$ et est de classe C^1 sur $]0; 1[$.

1. La fonction G est strictement croissante sur $]0; 1[$.
2. G est convexe sur $]0; 1[$.
3. G est strictement convexe sur $]0; 1[$ ssi $\mathbb{P}(Z = 0) + \mathbb{P}(Z = 1) < 1$.

Définition 3.4. Pour $n \in \mathbb{N}$ on note que G_n est la loi génératrice de X_n définie par :

$$\forall t \in [0, 1] \quad G_n(t) = \mathbb{E}[t^{X_n}] = \sum_{i=0}^{\infty} t^i \cdot \mathbb{P}(X_n = i)$$

Théorème 3.2. [11] Soit G_n est la fonction génératrice de X_n alors :

$$\forall n \in \mathbb{N}, \quad \forall t \in [0, 1], \quad G_{n+1}(t) = G_n(G(t))$$

Démonstration :

On a $\forall n \in \mathbb{N}, \forall t \in [0, 1]$:

$$G_{n+1}(t) = \mathbb{E}[t^{X_{n+1}}] = \mathbb{E}\left[t^{\sum_{i=1}^{X_n} Z_{n,i}}\right] = \sum_{j=0}^{\infty} \mathbb{E}\left[\mathbb{1}_{\{X_n=j\}} t^{\sum_{i=1}^j Z_{n,i}}\right]$$

Or les variables aléatoires $\sum_{i=0}^j Z_{n,i}$ et $\mathbb{1}_{\{Z_n=j\}}$ sont indépendantes.

Il s'en suit alors :

$$G_{n+1}(t) = \sum_{j=0}^{\infty} \mathbb{E}\left[\mathbb{1}_{\{X_n=j\}} \prod_{i=1}^j t^{Z_{n,i}}\right]$$

$$G_{n+1}(t) = \sum_{j=0}^{\infty} \mathbb{E} [\mathbb{1}_{\{X_n=j\}}] \prod_{i=1}^j \mathbb{E} [t^{Z_{n,i}}]$$

$$G_{n+1}(t) = \sum_{j=0}^{\infty} \mathbb{P}(X_n = j) \mathbb{E} [t^Z]^j$$

$$G_{n+1}(t) = \sum_{j=0}^{\infty} \left(\mathbb{P}(X_n = j) \prod_{i=0}^j G(t) \right) = G_n(G(t))$$

Corollaire 3.1. $\forall n \in \mathbb{N}, G_n = G^n = \underbrace{(G \circ \dots \circ G)}_{(n \text{ fois})}$

Propriété 3.2. *supposons que $X_0 = 1$, p la probabilité d'extinction alors on a :*

$$p = \lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{P}(X_n = 0)$$

démonstration :

$(X_n = 0) \Rightarrow (X_{n+1} = 0)$, $(\{X_n = 0\})_n$ est croissante.

Donc $\{\lim_{n \rightarrow \infty} X_n\} = 0 = \bigcup_{n \geq 0} \{X_n = 0\}$.

et comme \mathbb{P} est de mesure pleine, on a le résultat.

Propriété 3.3. *Si G est la fonction génératrice de Z , La probabilité d'extinction p est le plus petit point fixe de G .*

Démonstration :

Remarquons d'abord que :

$$\mathbb{P}(X_n = 0) = G_n(0)$$

Donc :

$$p = \lim_{n \rightarrow \infty} G_n(0)$$

par continuité de G et d'après le corollaire (3.1) on a :

$$p = G(\lim_{n \rightarrow \infty} G_{n-1}(0)) = G(p).$$

Il reste à montrer que c'est le plus petit point fixe :

si q est un autre point fixe, comme les fonctions G_n sont convexes et croissantes, on a :

$$G_n(0) \leq G_n(q) = q$$

On fait tendre n vers l'infini et on obtient : $p \leq q$.

Donc p est le plus petit point fixe.

Théorème 3.3. *On suppose que $0 < \mathbb{P}_Z(1) < 1$ (la masse de Z en 1), alors : la probabilité d'extinction p est la plus petite valeur positive racine de $G(t) = t$.*

1. $m = E(Z) \leq 1$ alors $p=1$ (extinction).

2. $m = E(Z) > 1$ alors $0 \leq p < 1$ et G a un point fixe c'est p .

Démonstration :

[11] il suffit donc de savoir si G possède un point fixe dans $[0, 1[$.
montrons que G est croissante et convexe :

on a :

$$G(t) = \sum_{i=0}^{\infty} t^i \cdot \mathbb{P}(Z = i).$$

alors :

$$\dot{G}(t) = \sum_{i=1}^{\infty} it^{i-1} \mathbb{P}(Z = i).$$

$\Rightarrow \dot{G}(t) \geq 0 \Rightarrow G$ est strictement croissante .

$$\dot{\dot{G}}(t) = \sum_{i=2}^{\infty} i(i-1)t^{i-2} \mathbb{P}(Z = i).$$

$\Rightarrow \dot{\dot{G}}(t) \geq 0$ si $t \in [0, 1]$ (car les $\mathbb{P}(Z = i)$ sont positifs).

donc G est convexe sur $[0, 1]$.

Rappelons que $G(1) = 1$, de plus $0 < \mathbb{P}(Z = 0) < 1$ alors deux cas se présentent :

- Si $m \geq 1$, alors G n'admet pas de point fixe dans $[0, 1[$.
- Si $m < 1$, alors G admet un point fixe dans $]0, 1[$.

cas sur-critique si $m > 1$

on a : $G(1) = 1$, De plus :

$$\dot{G}(1) = \sum_{i=1}^{+\infty} it^{i-1} \mathbb{P}(Z = i)$$

donc

$$\dot{G}(1) = \sum_{i=1}^{\infty} i \mathbb{P}(Z = i) = m$$

La courbe se confondant localement avec une tangente (d'équation $y := mx - m + 1$), Ainsi par convexité la courbe représentative de G est au-dessous de la droite passant par $(1, G(1) = 1)$ et de coefficient directeur $\dot{G}(1) = m > 1$.

on en déduit que $G - x < 0$ au voisinage de 1 donc comme $G - x$ vaut $\mathbb{P}(Z = 0) \geq 0$ en 0, par le théorème des valeurs intermédiaires on en déduit que $G - x$ s'annule sur $[0, 1[$, ainsi on a : $p < 1$.

cas sous-critique $m < 1$

la courbe représentative de G étant au-dessus de la droite $y = x$, on en déduit que le seul point fixe de G sur $[0, 1]$ est en $x = 1$.

donc finalement $p = 1$.

cas critique $m = 1$

on va utiliser le fait que si $\mathbb{P}(Z = 0) + \mathbb{P}(Z = 1) < 1$, alors $G'' > 0$ sur $[0, 1]$, donc que G est strictement convexe.

Remarque : Si $\mathbb{P}(Z = 0) + \mathbb{P}(Z = 1) = 1$ alors comme $m = 1$ on a

$$\mathbb{P}(Z = 1) = 1$$

donc

$$G = id \text{ et } Z = 1 \text{ p.s.}$$

Autrement dit, $Z_n = 1$ p.s. donc on a bien $p = 0$.

On supposera donc dans la suite $\mathbb{P}(Z = 0) + \mathbb{P}(Z = 1) < 1$.

La fonction G étant strictement convexe, la courbe représentative de G est strictement au dessus de la droite représentative de $y = x$ privée du point $(1, 1)$. Ainsi G possède un unique point fixe sur $[0, 1]$, atteint pour $x = 1$ et donc finalement $p = 1$.

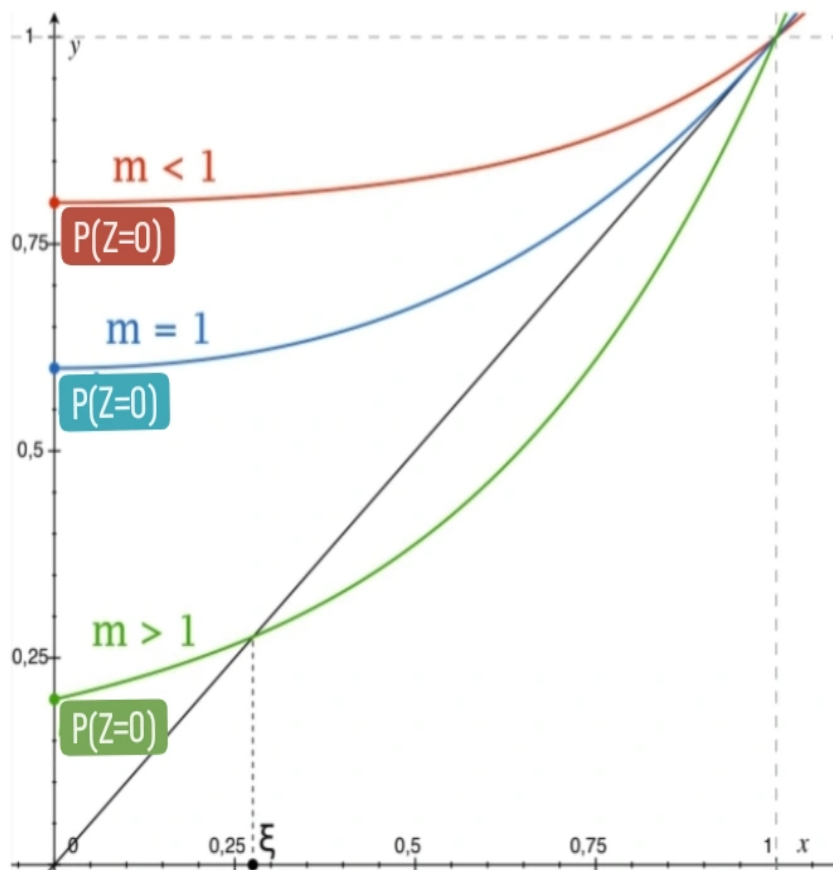


FIGURE 3.1 – Graphe de G pour 3 valeurs de m : $m > 1$, $m < 1$, $m = 1$..

Exemple 1 :

Soit un processus de naissance et de mort de loi de reproduction Z qui suit $B(3, \frac{2}{3})$.
pour déterminer sa probabilité d'extinction, on calcule d'abord l'espérance :

$$E(Z) = 3 \times \frac{2}{3} = 2$$

$E(Z) > 1 \Rightarrow$ il n'y a pas d'extinction .

On écrit alors la fonction génératrice de Z :

$$G_Z(t) = E(t^Z) = \sum_{j=0}^3 t^j \mathbb{P}(Z = j)$$

or :

$$\mathbb{P}(Z = j) = C_n^j p^j (1-p)^{n-j}$$

alors :

$$G(t) = \sum_{j=0}^3 t^j \left(\frac{3!}{j!(3-j)!} \frac{2}{3} \right)^j \left(\frac{1}{3} \right)^{(3-j)}$$

finalemtent :

$$G(t) = \frac{1}{27} + \frac{2}{9}t + \frac{4}{9}t^2 + \frac{8}{27}t^3$$

on résoudre l'équation $G(t) = t$ on obtient :

$$\frac{1 + 6t + 12t^2 + 8t^3 - 27t}{27} = 0$$

d'où :

$$8t^3 + 12t^2 - 21t + 1 = 0$$

On a 1 est un racine de l'équation cubique, alors on a à résoudre :

$$(t - 1)(8t^2 + 20t - 1) = 0$$

D'où les solutions sont :

$$t_1 = -5 + 3 \times 3^{0.5}/4 \approx 0.049$$

$$t_2 = -5 - 3 \times 3^{0.5}/4 \approx -2.55$$

$$t_3 = 1$$

D'après le théorem (3.3) la probabilité d'extinction est :

$$p \approx 0.049$$

3.3 la probabilité d'extinction dans un environnement périodique lent

3.3.1 Présentation du modèle

On considère un processus linéaire de naissance et de mort avec k types ($k \geq 1$) dans un environnement périodique. Soit $T > 0$ la période de l'environnement. On se donne deux fonctions matricielles $A(t) = (A_{i,j}(t))$ et $B(t) = (B_{i,j}(t))$ de taille k et de période T avec les hypothèses suivantes :

- pour tout i et tout j , $A_{i,j}(t) \geq 0$ représente le taux auquel les individus de type j engendrent de nouveaux individus de type i ;
- pour tout $i \neq j$, $B_{i,j}(t) \leq 0$ et $-B_{i,j}(t)$ est le taux auquel les individus de type j se transforment en individus de type i ;
- pour tout j , $B_{j,j}(t) \geq 0$ représente le taux auquel les individus de type j changent de type ou meurent, avec $\sum_i B_{i,j}(t) \geq 0$;
- si $U(t)$ est la solution du système $\frac{dU}{dt} = -B(t)U(t)$ avec la condition initiale $U(0) = I$, où I est la matrice identité, alors le rayon spectral de la matrice $U(T)$, c'est-à-dire le multiplicateur de Floquet dominant, vérifie $\rho(U(T)) < 1$;
- la matrice $C(t) = A(t) - B(t) = (C_{i,j}(t))$ est irréductible pour tout t .

$\pi(t, N_1, \dots, N_k)$ est la probabilité d'avoir N_i individus de type i pour tout $1 \leq i \leq k$ au temps t (les N_i sont des entiers).

soit $G(t, Z_1, \dots, Z_k)$ est la fonction génératrice correspondante telle que :

$$G(t, Z_1, \dots, Z_k) = \sum_{N_1, \dots, N_k \geq 0} \pi(t, N_1, \dots, N_k) Z_1^{N_1} \dots Z_k^{N_k} \quad (3.1)$$

vérifie l'équation de Kolmogorov progressive ;

$$\frac{\partial \mathbf{G}}{\partial t} = \sum_{i,j} [1 - Z_i] [B_{i,j}(t) - A_{i,j}(t) Z_j] \frac{\partial \mathbf{G}}{\partial Z_j}$$

où $\mathbf{Z} = (Z_1, Z_2, \dots, Z_k)$ est un vecteur de variables auxiliaires associées aux différents types d'individus.

On suppose que $t = t_0, n_i \in \mathbb{N} \geq 0$ pour tout $1 \leq i \leq k$, n_i vérifié que :

$$\sum_i n_i \geq 1 \quad \text{et} \quad 0 \leq t_0 < T$$

la probabilité $p(t_0, t_1)$ que la population soit éteinte au temps $t_1 > t_0$ est :

$$p(t_0, t_1) = [z_1(t_1 - t_0)]^{n_1} \dots [z_k(t_1 - t_0)]^{n_k} ,$$

voir [8].

sur l'intervalle $0 < t < t_1 - t_0$ et pour tout i , $z(t) = (z_i(t))_{1 \leq i \leq k}$ est la solution du système différentiel :

$$\begin{cases} \frac{dz_i}{dt}(t) = \sum_j [1 - z_j(t)][B_{j,i}(t_1 - t) - A_{j,i}(t_1 - t)z_i(t)] \\ z_i(0) = 0 \end{cases}$$

L'espérance $E_i(t)$ du nombre d'individus de type i au temps t vérifie [8] :

$$\frac{dE_i}{dt} = \sum_j C_{i,j}(t)E_j(t)$$

$\frac{dE_i}{dt}$:représente la variation du nombre moyen des individus de type i pendant une petite variation du temps t .

$C_{i,j}$: est le taux auquel les individus de type j engendrent les individus de type i où bien le taux auquel les individus de type j se transforment en individus de type i .

$E_j(t)$: est le nombre moyen des individus de type j .

Pour obtenir l'équation

$$\frac{dE_i}{dt} = \sum_j C_{i,j}(t)E_j(t)$$

à partir du modèle stochastique initial on utilise le théorème de Kolmogorov qui nous permet de passer de l'échelle stochastique à l'échelle déterministe en prenant l'espérance et en négligeant les termes stochastiques.

Cela signifie que nous considérons uniquement les valeurs moyennes ou les espérances des quantités, ce qui nous conduit à une équation déterministe qui décrit comment les moyennes évoluent au fil du temps.

nous avons un modèle stochastique avec seulement deux types d'individus ($k = 2$), de sorte que nous avons $i = 1$ et $i = 2$.

Le modèle stochastique initial pourrait ressembler à ceci :

1. Évolution de la population de type 1 : $\frac{dN_1}{dt}$ = Termes stochastiques
2. Évolution de la population de type 2 : $\frac{dN_2}{dt}$ = Termes stochastiques

L'espérance mathématique de ces équations est ce que nous cherchons :

1. Évolution de l'espérance de type 1 : $\frac{dE_1}{dt} = \mathbb{E}\left(\frac{dN_1}{dt}\right)$
2. Évolution de l'espérance de type 2 : $\frac{dE_2}{dt} = \mathbb{E}\left(\frac{dN_2}{dt}\right)$

Supposons que les termes stochastiques dans ces équations dépendent des taux de naissance, de mort et de transition entre les types d'individus, et que ces taux sont déterminés par les matrices $A(t)$ et $B(t)$.

nous pouvons écrire :

$$\begin{aligned} \frac{dE_1}{dt} &= \mathbb{E}\left[\frac{dN_1}{dt}\right] = \mathbb{E}[\text{Termes stochastiques pour le type 1}]. \\ \frac{dE_2}{dt} &= \mathbb{E}\left[\frac{dN_2}{dt}\right] = \mathbb{E}[\text{Termes stochastiques pour le type 2}]. \end{aligned}$$

alors :

$$\frac{dE_1}{dt} = \mathbb{E} [\text{Termes stochastiques pour le type 1}] = \sum_j [A_{1,j}(t) - B_{1,j}(t)] E_j(t)$$

$$\frac{dE_2}{dt} = \mathbb{E} [\text{Termes stochastiques pour le type 2}] = \sum_j [A_{2,j}(t) - B_{2,j}(t)] E_j(t)$$

on peut étendre ce processus à k types d'individus pour obtenir notre équation.

$V(t)$: est la solution du système :

$$\begin{cases} dV/dt = C(t)V(t) \\ V(0) = I \end{cases}$$

La solution $V(t)$ de cette EDS prendra la forme d'une série d'Itô :

$$V(t) = I + \int_0^t C(s)V(s)ds$$

Soit $F = \rho(V(T))$ le multiplicateur de Floquet dominant, ce multiplicateur mesure comment une petite perturbation autour d'une solution périodique évolue au fil du temps.

Si le multiplicateur de Floquet est strictement inférieur à 1 indique que la solution périodique est stable, c'est-à-dire que les perturbations s'atténuent au fil du temps.

Si le multiplicateur de Floquet est strictement supérieur à 1 indique une instabilité, où les perturbations augmentent au fil du temps alors :

$$\begin{cases} \lim_{t_1 \rightarrow +\infty} p(t_0, t_1) = 1 & \text{si } F \leq 1 \\ \lim_{t_1 \rightarrow +\infty} p(t_0, t_1) < 1 & \text{si } F > 1 \end{cases}$$

mais lorsque $F > 1$, la probabilité dépend de t_0 de manière périodique [8].

Posons $s = t/T$, supposons qu'il existe deux fonctions matricielles $a(s)$ et $b(s)$ périodiques de période 1, indépendantes de T , telles que

$$A(t) = a(s) \text{ et } B(t) = b(s)$$

.

Soient $s_0 = t_0/T$ et $t_1 = t_0 + mT$, où $m \geq 1$ fixés

notre objectif est d'étudier, pour $1 \leq i \leq k$;

$$q_i(s_0) = \lim_{T \rightarrow +\infty} z_i(t_1 - t_0)$$

en fonction de s_0 , avec $0 \leq s_0 < 1$.

Notons que $q_i(s_0)$ est aussi la limite quand $T \rightarrow +\infty$ de $p(t_0, t_1)$, la probabilité d'extinction après m périodes lors qu'on part d'un seul individu de type i à la saison $s_0 = t_0/T$.

Alors on Pose :

$$\epsilon = 1/T$$

$$c(s) = a(s) - b(s)$$

$$x(s) = z(t)$$

et d'après la formule

$$\frac{dz_i}{dt}(t) = \sum_j [1 - z_j(t)][B_{j,i}(t_1 - t) - A_{j,i}(t_1 - t)z_i(t)]$$

on a :

$$\begin{cases} \epsilon \frac{dx_i}{ds}(s) = \sum_j [1 - x_j(s)][b_{j,i}(s_0 + m - s) - a_{j,i}(s_0 + m - s)x_i(s)] \\ x_i(0) = 0 \end{cases} \quad (3.2)$$

sur l'intervalle $0 < s < m$ pour tout i .

De plus pour relier les solutions du système au différents moments posons :

$$z(t_1 - t_0) = x(m)$$

où :

$$z(t_1 - t_0) = z(t_0 + mT - t_0) = z(mT)$$

or :

$$z(t) = x(s) \quad \text{avec} \quad s = \frac{t}{T}$$

alors :

$$z(t) = x\left(\frac{t}{T}\right)$$

d'où :

$$z(mT) = x\left(\frac{mT}{T}\right) = x(m)$$

Rappelons au passage que $0 \leq x_i(s) \leq 1$ pour tout i et tout $0 \leq s \leq m$ [8] indiquent que toutes les variables x_i restent entre 0 et 1 pendant toute la durée de l'analyse.

Lorsque $T \rightarrow +\infty$, autrement dit lors que $\epsilon \rightarrow 0$, le système 3.2 s'écrit comme un système autonome lent-rapide.

lent-rapide :

$$\begin{cases} \epsilon \frac{dx_i}{ds}(s) = \sum_j [1 - x_j(s)][b_{j,i}(s_0 + m - s) - a_{j,i}(s_0 + m - s)x_i(s)] \\ dx_{k+1}/ds = 1 \\ x_{k+1}(s) = s \\ x_i(0) = 0 \end{cases} \quad (3.3)$$

Le système est décomposé en deux parties :

une partie avec k variables qui change rapidement (variables $x_i(s)$) telle que ($1 \leq i \leq k$) .

une partie avec une variable qui change lentement (variable $x_{k+1}(s) = s$).

telle que $dx_{k+1}/ds = 1$.

La matrice jacobienne du membre de droite du système (3.2) en la solution stationnaire triviale $x_i = 1$ pour tout i est $\tilde{c}(s_0 + m - s)$, où $\tilde{c}(\cdot)$ désigne la matrice transposée de la matrice $c(\cdot)$ ($\tilde{c}_{ij} = c_{ji}$).

D'après un corollaire du théorème de Perron et Frobenius 3.1 pour les matrices irréductibles dont les coefficients en dehors de la diagonale sont tous positifs ou nuls [[4], remarque 6.2.13], les matrices $c(s)$ et $\tilde{c}(s)$ ont une valeur propre réelle dominante commune $\Lambda(s)$, strictement supérieure à la partie réelle de toutes les autres valeurs propres.

3.3.2 Exemple

Prenons un modèle stochastique qui s'inspire du modèle déterministe linéarisé pour une maladie à vecteurs de {[9], Section 4.1} définie par :

$$a(s) = \begin{pmatrix} 0 & \alpha(s) \\ \gamma & 0 \end{pmatrix}, b(s) = \begin{pmatrix} \beta & 0 \\ 0 & \delta \end{pmatrix}$$

avec $\alpha(s) > 0, \beta > 0, \gamma > 0$ et $\delta > 0$, la fonction $\alpha(s)$ est périodique de période 1 et continue. on a alors :

$$\frac{dW}{dt} = \begin{pmatrix} -\beta & \alpha(t/T) \\ \gamma & -\delta \end{pmatrix} W = c(t/T)W \quad (3.4)$$

Prenons en considération : Les vecteurs infectés sont de type 1 et les personnes infectées sont le type 2.

$\alpha(s)$: est le taux auquel les personnes infectées transmettent leur infection à des vecteurs lors qu'elles sont piquées.

"la population de vecteurs susceptibles est périodique alors le taux $\alpha(s)$ aussi périodique".

β : est le taux auquel les vecteurs meurent.

γ : est le taux auquel les vecteurs piquent.

δ : est le taux auquel les personnes infectées guérissent.

$$c(t/T) = a(t/T) - b(t/T).$$

Donc Le système (3.2) s'écrit :

$$\epsilon \frac{dx_1}{ds}(s) = \beta[1 - x_1(s)] - \gamma x_1(s)[1 - x_2(s)] \quad (3.5)$$

$$\epsilon \frac{dx_2}{ds}(s) = \delta[1 - x_2(s)] - \alpha(s_0 + m - s)[1 - x_1(s)]x_2(s) \quad (3.6)$$

Pour obtenir la formule de l'équation (3.5) et (3.6) nous allons partir de l'équation générale (3.2) et l'appliquer aux indices spécifiques du modèle donné.

L'équation générale (3.2) s'écrit comme suit :

$$\epsilon \frac{dx_i}{ds}(s) = \sum_j [1 - x_j(s)] [b_{j,i}(s_0 + m - s) - a_{j,i}(s_0 + m - s)x_i(s)]$$

Dans le cas de notre modèle, nous avons deux types (index $i = 1, 2$) :

$$\epsilon \frac{dx_1}{ds}(s) = [1 - x_1(s)] [b_{1,1}(s_0 + m - s) - a_{1,1}(s_0 + m - s)x_1(s)] + [1 - x_2(s)] [b_{2,1}(s_0 + m - s) - a_{2,1}(s_0 + m - s)x_1(s)]$$

$$\epsilon \frac{dx_2}{ds}(s) = [1 - x_1(s)] [b_{1,2}(s_0 + m - s) - a_{1,2}(s_0 + m - s)x_2(s)] + [1 - x_2(s)] [b_{2,2}(s_0 + m - s) - a_{2,2}(s_0 + m - s)x_2(s)]$$

En utilisant les valeurs des matrices $a(s)$ et $b(s)$ du modèle, nous obtenons :

$$\epsilon \frac{dx_1}{ds}(s) = [1 - x_1(s)] [\beta(s_0 + m - s)] + [1 - x_2(s)] [-\gamma(s_0 + m - s)x_1(s)]$$

$$\epsilon \frac{dx_2}{ds}(s) = [1 - x_1(s)] [-\alpha(s_0 + m - s)x_2(s)] + [1 - x_2(s)] [\delta(s_0 + m - s)]$$

après simplification, nous obtenons :

$$\epsilon \frac{dx_1}{ds}(s) = \beta[1 - x_1(s)] - \gamma x_1(s)[1 - x_2(s)]$$

$$\epsilon \frac{dx_2}{ds}(s) = \delta[1 - x_2(s)] - \alpha(s_0 + m - s)[1 - x_1(s)]x_2(s)$$

Si $\epsilon \frac{dx_1}{ds}(s) = \epsilon \frac{dx_2}{ds}(s) = 0$ alors : $x_1(s) = x_2(s) = 1$ Aussi :

lorsque les variables ne changent pas dans le temps, et lorsque les taux de variation deviennent négligeables ($\frac{dx_1}{ds}(s) = \frac{dx_2}{ds}(s) = 0$).

les solutions stationnaires représentent les valeurs d'équilibre ou les solutions lentes du système.

Ces solutions stationnaires correspondent aux valeurs stables que les variables $x_1(s)$ et $x_2(s)$ atteignent après une période suffisamment longue de temps. Alors on obtient les points d'équilibre :

$$x_1(s) = x_1^*(s) = \frac{1 + \frac{\delta}{\alpha(s_0 + m - s)}}{1 + \frac{\gamma}{\beta}} \text{ et } x_2(s) = x_2^*(s) = \frac{1 + \frac{\beta}{\gamma}}{1 + \frac{\alpha(s_0 + m - s)}{\delta}} \quad (3.7)$$

et pour obtenir ces solutions, nous utilisons les équations (3.5) et (3.6), en égalisant les termes de droite à zéro, on a :

$$\beta[1 - x_1(s)] - \gamma x_1(s)[1 - x_2(s)] = 0$$

$$\delta[1 - x_2(s)] - \alpha(s_0 + m - s)[1 - x_1(s)]x_2(s) = 0$$

Nous pouvons réarranger ces équations :

$$\beta - \beta x_1(s) - \gamma x_1(s) + \gamma x_1(s)x_2(s) = 0$$

$$\delta - \delta x_2(s) - \alpha(s_0 + m - s)x_2(s) + \alpha(s_0 + m - s)x_1(s)x_2(s) = 0$$

En regroupant les termes contenant $x_1(s)$ et les termes contenant $x_2(s)$, nous avons :

$$(\beta - \gamma)x_1(s) + \gamma x_1(s)x_2(s) = \beta$$

$$(\delta + \alpha(s_0 + m - s))x_2(s) - \alpha(s_0 + m - s)x_1(s)x_2(s) = \delta$$

Divisons la 1 ère équation par $\beta - \gamma$ et la 2ème par $\delta + \alpha(s_0 + m - s)$,on obtient :

$$x_1(s) + \frac{\gamma}{\beta - \gamma}x_1(s)x_2(s) = \frac{\beta}{\beta - \gamma}$$

$$x_2(s) - \frac{\alpha(s_0 + m - s)}{\delta + \alpha(s_0 + m - s)}x_1(s)x_2(s) = \frac{\delta}{\delta + \alpha(s_0 + m - s)}$$

ensuite :

$$x_1(s) = \frac{\beta}{\beta - \gamma} \div \left(1 + \frac{\gamma}{\beta - \gamma}x_2(s)\right)$$

$$x_2(s) = \frac{\delta}{\delta + \alpha(s_0 + m - s)} \div \left(1 - \frac{\alpha(s_0 + m - s)}{\delta + \alpha(s_0 + m - s)}x_1(s)\right)$$

Maintenant, on remplace la formule de $x_1(s)$ dans la 2ème équation et on obtient notre formules de $x_1(s)$ et $x_2(s)$

$$x_2(s) - \frac{\alpha(s_0 + m - s)}{\delta + \alpha(s_0 + m - s)} \left(\frac{\frac{\beta}{\beta - \gamma}}{1 + \frac{\gamma}{\beta - \gamma}x_2(s)} \right) x_2(s) = \frac{\delta}{\delta + \alpha(s_0 + m - s)}$$

après les calculs et on obtient notre formules de $x_1(s)$ et $x_2(s)$.

pour chercher les valeurs propres de la matrice $c(s)$:

Nous devons résoudre l'équation caractéristique suivante :

$$\det(c(s) - \lambda I) = 0$$

où :

$c(s)$: est la matrice donnée dans l'équation (3.4).

I : est la matrice identité.

Réécrivons la matrice $c(s)$:

$$c(s) = \begin{pmatrix} -\beta & \alpha(s) \\ \gamma & -\delta \end{pmatrix}$$

Alors :

$$\det \left(\begin{pmatrix} -\beta & \alpha(s) \\ \gamma & -\delta \end{pmatrix} - \lambda \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{pmatrix} \right) = 0$$

$$\det \begin{pmatrix} -\beta - \lambda & \alpha(s) \\ \gamma & -\delta - \lambda \end{pmatrix} = 0$$

En développant cette expression, nous obtenons :

$$(-\beta - \lambda)(-\delta - \lambda) - \alpha(s)\gamma = 0$$

Réorganisons cette équation :

$$\lambda^2 + (\beta + \delta)\lambda + \beta\delta - \alpha(s)\gamma = 0$$

on a : $\Delta = (\beta + \delta)^2 - 4(1)(\beta\delta - \alpha(s)\gamma) > 0$ car :

$$\Delta = \beta^2 + \delta^2 + 2\beta\delta - 4\beta\delta + 4\alpha(s)\gamma$$

$$\Delta = \beta^2 + \delta^2 - 2\beta\delta + 4\alpha(s)\gamma$$

$$\Delta = (\beta - \delta)^2 + 4\alpha(s)\gamma$$

on a :

$$(\beta - \delta)^2 > 0 \text{ et } 4\alpha(s)\gamma$$

alors : $\Delta > 0$

Nous pouvons maintenant appliquer la formule quadratique pour résoudre cette équation et obtenir les valeurs propres :

$$\lambda_{\pm}(s) = \frac{-(\beta + \delta) \pm \sqrt{(\beta + \delta)^2 + 4(\alpha(s/T)\gamma - \beta\delta)}}{2} \quad (3.8)$$

C'est ainsi que nous obtenons la formule pour les valeurs propres $\lambda_{\pm}(s)$ en fonction des coefficients du système.

Notons que $\lambda_{-}(s) < 0$ pour tout s , alors La valeur propre dominante est $\lambda_{+}(s)$, notée $\Lambda(s)$.

Pour explorer les conditions dans lesquelles la maladie à vecteurs se propage de manière moins efficace. En d'autres termes, il examine les périodes de l'année où les conditions environnementales ou les caractéristiques de la population de vecteurs entraînent une réduction de la transmission de la maladie.

On suppose qu'il existe une saison défavorable à la transmission de l'épidémie ,c'est-à-dire qu'il existe s_1 et s_2 avec $0 < s_1 < s_2 < 1$ tels que :

$$\frac{\alpha(s)\gamma}{\beta\delta} < 1 \quad \text{autrement dit} \quad \Lambda(s) < 0 \text{ si } s \in]s_1, s_2[\quad (3.9)$$

Cela signifie que la transmission de la maladie est défavorable et que l'infection tend à diminuer.

$$\frac{\alpha(s)\gamma}{\beta\delta} > 1 \quad \text{autrement dit} \quad \Lambda(s) > 0 \quad \text{si } s \in]0, s_1[\cup]s_2, 1[, \quad (3.10)$$

Dans ce cas la transmission de la maladie est favorable et l'infection tend à se propager. et pour que le système ne converge pas vers l'extinction (c'est-à-dire que les populations ne diminuent pas jusqu'à zéro) sur une période de temps donnée.

on suppose aussi que :

$$\int_0^1 \Lambda(s) ds > 0. \quad (3.11)$$

Cela implique que la maladie a la capacité de persister à long terme malgré les variations saisonnières et d'autres facteurs.

On prend un exemple pour illustrer comment le modèle réagit lorsque les taux de transmission varient périodiquement en fonction du temps, simulant ainsi les variations saisonnières dans la transmission de la maladie. En choisissant des valeurs spécifiques pour les paramètres, on explore comment ces variations saisonnières influent sur le comportement du système et ses dynamiques.

exemple

Prenons

$$\alpha(s) = \bar{\alpha}(1 + k \cos(2\pi s))$$

avec $\bar{\alpha} > 0, |k| < 1$ et

$$\frac{\bar{\alpha}(1 - k)\gamma}{\beta\delta} < 1 < \frac{\bar{\alpha}(1 + k)\gamma}{\beta\delta}$$

.

Cette dernière condition assure qu'il y a bien une saison défavorable. Plus spécifiquement, choisissons :

$$\bar{\alpha} = 3 \quad , \quad k = 0,75 \quad , \quad \beta = 2 \quad , \quad \gamma = 1 \quad , \quad \delta = 1.$$

Ces valeurs ne sont pas très réalistes mais elles mettent bien en évidence le phénomène. On a alors $s_1 \simeq 0,323$ et $s_2 \simeq 0,677$, Prenons $T = 1000$, $m = 3$ et $s_0 = 0,25$.

Alors :

$$\int_0^1 \Lambda(s) ds = \int_0^1 \frac{-(\beta + \delta) + \sqrt{(\beta + \delta)^2 + 4(\alpha(s)\gamma - \beta\delta)}}{2} ds$$

$$\begin{aligned}
&= \int_0^1 \frac{-(2+1) + \sqrt{(2+1)^2 + 4(3(1+0,75 \times \cos(2\pi s)) - 2)}}{2} ds \\
&= \frac{-3}{2} + \frac{1}{2} \int_0^1 \sqrt{13 + 9 \cos(2\pi s)} ds \\
&\approx 1.1245 > 0
\end{aligned}$$

Alors la condition (3.11) est vérifiée.

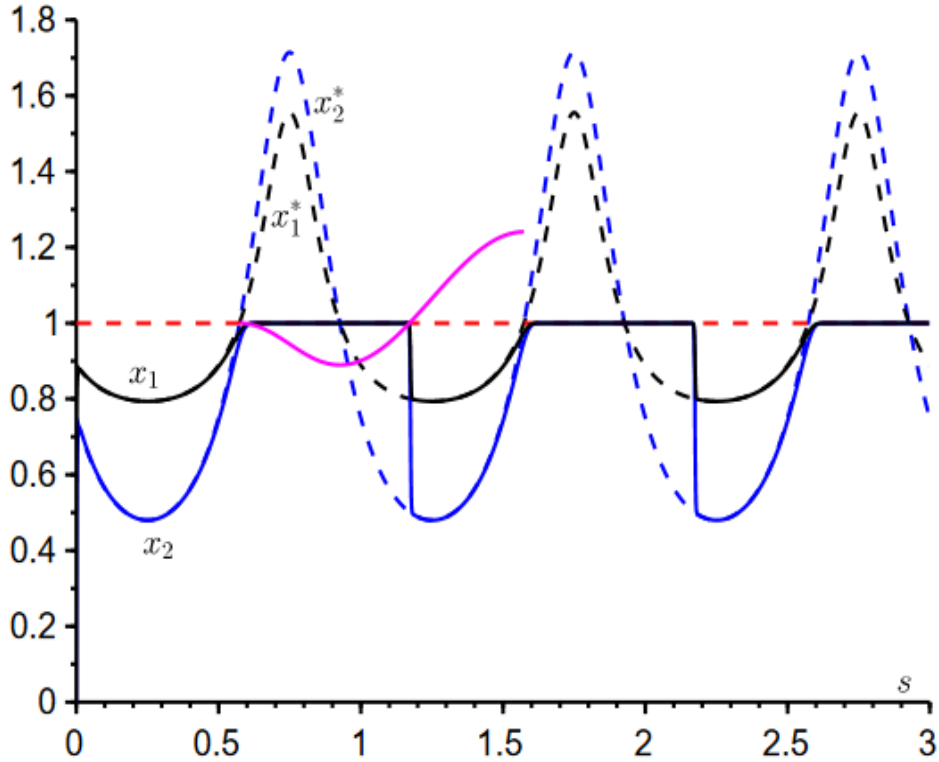


FIGURE 3.2 – En fonction de s , les courbes $x_1(s)$ (en noir) et $x_2(s)$ (en bleu) ainsi que les courbes lentes $x_1^*(s)$ (noir en pointillé), $x_2^*(s)$ (bleu en pointillé) et 1 (rouge en pointillé) En rose, un morceau de la fonction $s \mapsto 1 + \int_{s_0+1-s_2}^s \Lambda(s_0 + m - u) du$.

Cette figure représente la solution du système (3.5)-(3.6) avec la condition initiale

$$x_1(0) = x_2(0) = 0.$$

Des simulations numériques ainsi qu'un changement de variables ont été élaboré pour résoudre le système.

De plus la fonction constante égale à 1 ainsi que les courbes définies par les équations (3.7) ont été tracées sur le graphique.

Quelques observations importantes sont les suivantes :

– **Près de $s = 0$ les courbes sont presque verticales (ce qui peut ne pas être clairement visible sur les figures).**

Cette observation suggère que lorsque s approche de zéro, les valeurs de $x_1(s)$ et $x_2(s)$ changent rapidement. Cela pourrait être dû aux termes dominants dans les équations différentielles qui entraînent des variations rapides des solutions lorsque s est proche de zéro. Cette région pourrait être d'une importance particulière dans l'analyse, car elle montre comment le système réagit initialement lorsque l'épidémie commence.

– **les solutions $x_1(s)$ et $x_2(s)$ tendent à devenir périodique .**

Cette observation indique que les solutions du système présentent des oscillations régulières au fil du temps. Cela pourrait refléter des variations cycliques dans la transmission de la maladie en fonction de la période saisonnière. Les facteurs saisonniers, tels que les changements climatiques ou les comportements des vecteurs, pourraient entraîner des variations périodiques dans les taux de transmission.

– **les valeurs $x_1(s)$ et $x_2(s)$ sont alors très proches de 1**

pour $s \in]s_0 + 1 - s_2, s_0 + 1 - s_1[$, les valeurs de s telles que $\Lambda(s_0 + m - s) < 0$ ce qui pourrait normalement indiquer des conditions défavorables à la propagation de l'infection. Cependant, malgré cela les solutions $x_1(s)$ et $x_2(s)$ restent très proches de 1. C'est le "canard" mentionné, où les solutions semblent contre-intuitivement élevées malgré les conditions.

pour $s \in]s_0 + 1 - s_1, s_0 + 1 - s^*[$ avec $s_2 - 1 < s^* < s_1$, où $(s_0 + m - s) > 0$, les valeurs de s telles que $\Lambda(s_0 + m - s) < 0$, indiquant des conditions favorables à la propagation de l'infection. Malgré cela les solutions $x_1(s)$ et $x_2(s)$ restent proches de 1 (C'est ce qu'on appelle un « canard »).

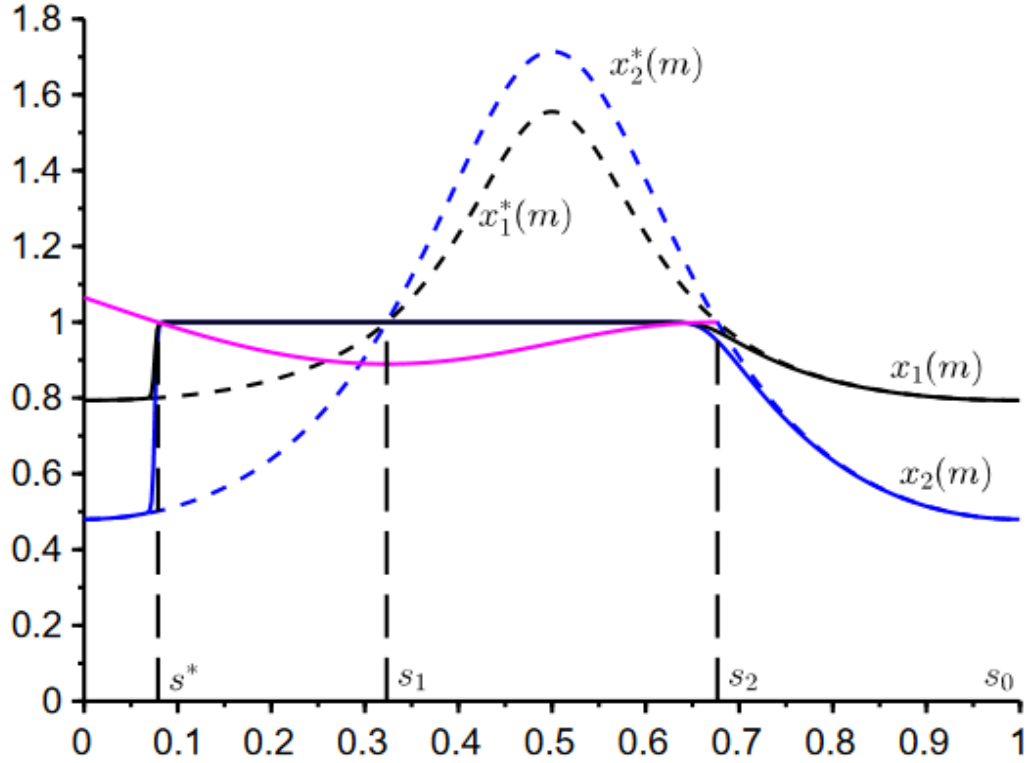


FIGURE 3.3 – Les probabilités d’extinction après m périodes $x_1(m)$ (en noir) et $x_2(m)$ (en bleu foncé) en fonction de s_0 . Les formules pour $x_1^*(m)$ et $x_2^*(m)$ sont en pointillé. En rose, un morceau de la fonction $s_0 \mapsto 1 + \int_{s_0}^{s_2} \Lambda(s) ds$.

Cette figure montre comment les probabilités d’extinction après m périodes $x_1(m)$ et $x_2(m)$ varient en fonction de s_0 . On a aussi tracé les courbes déduites de (3.7)

$$x_1^*(m) = \frac{1 + \frac{\delta}{\alpha(s_0)}}{1 + \frac{\gamma}{\beta}} \quad , \quad x_2^*(m) = \frac{1 + \frac{\beta}{\gamma}}{1 + \frac{\alpha(s_0)}{\delta}}$$

Si $s_0 \in]s^*, s_2[$, alors $\lim_{T \rightarrow +\infty} x_1(m) = 1$ et $\lim_{T \rightarrow +\infty} x_2(m) = 1$.

Si $s_0 = s^*$, les limites sont discontinues au point $s_0 = s^*$.

Ces simulations suggèrent que la probabilité d’extinction tend vers une limite discontinue s^* qui est déterminé en fonction de l’intégrale du multiplicateur de Floquet nécessitant des outils de l’analyse non standard et ceci ne fait pas l’objet de notre étude.

CONCLUSION

Dans notre étude nous avons présenté des notions générales sur les processus en particulier, les chaînes de Markov, les processus de naissance et de mort ainsi que les processus de branchement. On a mis l'accent sur la mise en oeuvre de la modélisation mathématique stochastique et déterministe explorées dans différents domaines de la science y compris l'épidémiologie.

On a consacré le dernier chapitre à la notion de probabilité d'extinction et applications. On s'est intéressé à cette probabilité dans le cas d'un processus linéaire de naissance et de mort avec plusieurs types d'individus dans un environnement périodique. Nous avons traité un exemple avec deux types d'individus provenant d'un modèle de transmission d'une maladie à vecteur, on a pu constater que la probabilité d'extinction dans ce cas dépend de la saison et peut présenter à la limite une discontinuité en lien avec un système dynamique lent rapide.

BIBLIOGRAPHIE

- [1] **Agnès Lagnoux**,«**Processus stochastiques modelisation** »,cours de master2,université de Toulouse.
- [2] **Bachir Bekka**,«**Le théorème de Perron-Frobenius, les chaines de Markov et un célèbre moteur de recherche**»,univesité de Rennes,Février 2007.
- [3] **Damien THOMINE**,«**Dynamique des populations structurées**»,école normale superieur à paris,France,4 décembre 2008.
- [4] **G. ALLAIRE, X. BLANC, B. DESPRÉS, F. GOLSE**, « **Transport et diffusion** », École polytechnique,Palaiseau-France, juillet 2018.
- [5] **Gherrar Nassima et Ourrad Adélia**,«**Processus de Branchement de Galton-Watson et Applications**»,mémoire de master ,univercité MOULOUD MAMMERY, TIZI-OUZOU,2013.
- [6] **Hennoune Halima**,«**Equations différentielles stochastiques à plusieurs échelles du temps Processus stochastiques modelisation**,master académique,Université Dr Tahar Moulay - Saïda,2015.
- [7] **HUGUES LEDUC**,«**ESTIMATION DE PARAMÈTRES DANS DES MODÈLES D'ÉPIDÉMIES** » , UNIVERSITÉ DU QUÉBEC À MONTRÉAL.

- [8] **N. BACAËR, E.H. AIT DADS**, « **Sur la probabilité d'extinction dans un environnement périodique** », J. Math. Biol,2014.
- [9] **N.BACAËR**, « **Approximation de la reproductivité nette R_0 pour les maladies à vecteurs avec une population périodique de vecteurs** », B. Math. Biol,2007.
- [10] **Robert ROUSSARIE**, «**ETUDE GEOMETRIQUE DES SYSTEMES LENTS-RAPIDES**»,Institut de Mathématique de Bourgogne, U.M.R,Université de Bourgogne, France.
- [11] **Salim Rostam** , «**Processus de Galton–Watson**»,Lecons,école normale supérieure de Rennes-France,23 décembre 2014.
- [12] **STEFAN GERITZ**,«**STOCHASTIC POPULATION MODELS (SPRING 2011)**»,departemenet de mathématiques et statistiques,université de HELSINKI,2011
- [13] **Sylvie Méléard** «**Modèles aléatoires en Ecologie et Evolution**»,école polytechnique de université de Toulouse-France,2009.
- [14] **VASTLE VANCIU**,«**L'ITERACTION PREDATEUR-PROIE**»,Université du Québec à Montréal-Canada,2011.
- [15] **W.G.DOUBLEDAY** in linear birth-death process with multiple births,National Research Institute for Mathematical Sciences, CSIR-south africa,1973
D. L. JAQUETTEA Stochastic Model for the Optimal Control of Epidemics and Pest Populations,site de science directe par elsevie,mars1997
S. NISSLN-MEYERANALYSIS OF EFFECTS OF ANTIBIOTICS ON BACTERIA BY MEANS OF STOCHASTIC MODELS,université de California,Berkeley4-U.S.A,1966.
NIELS G. BECKER «**CONTROL OF A PEST POPULATION**»,université de Sheffield-ENGLAND,1970.