

Ministère de l'enseignement supérieur et de la recherche scientifique

Université Abou Bekr Belkaid Tlemcen



Faculté des sciences

Département de mathématiques

## THÈSE DE DOCTORAT

Spécialité doctorale "Systèmes Dynamiques et Applications"

*présentée et soutenue publiquement par*

**Mme Rahou née Fekih Sihem.**

le 17 mars 2016

### Contribution à l'étude des modèles épidémiologiques et systèmes proie-prédateur.

Directeur de thèse : **M. Sidi Mohammed Bouguima, Professeur, UABB de Tlemcen.**

Co-encadrant de thèse : **M. Bedr Eddine Ainseba, Professeur, Université de Bordeaux Victoire.**

#### Jury

<b>Mme. Djamila Benmerzouk,</b>	Professeur, <i>UABB de Tlemcen</i>	Présidente
<b>M. Abdelkader Lakmeche,</b>	Professeur, <i>Université de Sidi Bel Abbes</i>	Examineur
<b>M. Moufak Benchohra,</b>	Professeur, <i>Université de Sidi Bel Abbes</i>	Examineur
<b>M. Boumedien Abdellaoui,</b>	Professeur, <i>UABB de Tlemcen</i>	Examineur
<b>M. Ali Moussaoui,</b>	Professeur, <i>UABB de Tlemcen</i>	Examineur

Laboratoire des systèmes dynamiques et applications

# Remerciements.

Mes remerciements vont tout d'abord à Dieu Tout-puissant pour m'avoir donné la volonté, la patience et le courage de réaliser ce modeste travail.

Je tiens à remercier aussi mes directeurs de thèse, les professeurs **Sidi Mohammed Bouguima**, Professeur à l'université Abou Bekr Belkaid- Tlemcen, et **Bedr Eddine Aïnseba**, Professeur à l'université de Bordeaux Victoire-France, pour leur soutien constant et leurs encouragements. J'ai pu bénéficier de leurs compétences, de leurs qualités humaines et de leurs conseils précieux tout le long de ces années de travail de thèse. Merci M. Aïnseba pour m'avoir accueilli plusieurs fois au sein de votre laboratoire de recherche.

Je suis très honoré à remercier la présence de mon jury de thèse et je tiens à remercier :

**Madame. Djamila Benmerzouk.** Vous me faites l'honneur de présider ce jury. Acceptez pour cela mes plus sincères remerciements. Toute ma reconnaissance également pour votre lecture de ma thèse et vos suggestions m'ayant permis de l'améliorer.

**Messieurs. Abdelkader Lakmeche** et **Moufak Benchohra** Professeurs à l'université de Sidi Bel Abbes. Je vous exprime toute ma gratitude d'avoir accepté d'être dans le jury et surtout d'en être examinateurs. Je vous remercie pour le temps consacré à la lecture de ce travail.

**Monsieur. Ali Moussaoui**, Professeur à l'université Abou Bekr Belkaid- Tlemcen. Je vous remercie pour votre intérêt permanent à mon égard, pour vos encouragements et pour votre soutien sur le plan humain.

**Monsieur. Boumedién Abdellaoui**, Professeur à l'université Abou Bekr Belkaid- Tlemcen. Merci d'avoir bien voulu juger ce modeste travail. Vous me faites l'honneur de siéger dans ce jury.

Naturellement, je tiens à remercier ma famille et ma belle-famille pour leur patience et leur indéfectible soutien.

Une affection particulière à mes chers parents, pour leur soutien quotidien inestimable qui m'a toujours permis d'avancer, surtout dans les moments délicats. Merci pour avoir fait de moi ce que je suis aujourd'hui.

Il faut mentionner que tous mes efforts auraient été complètement inutiles sans le soutien de mon mari Sidi Mohammed et de mes deux enfants Douâa Afaf et Mohammed Abderrahmane. Je leur remercie chaleureusement pour leur aide, leurs encouragements et leur grande patience durant toutes ces longues années de travail de thèse.

---

Et bien évidemment je n'oublie pas de remercier ma belle-mère et mes sœurs Houda Amel, Nadéra, Fatéma Zohra et Amina qui m'ont soutenu et m'ont encouragé à continuer ce travail.

A la fin, j'adresse toute ma gratitude à tous mes amies et mes collègues et à toutes les personnes formidables qui m'ont aidé dans la réalisation de ce travail.

# Notations.

$\Omega$ :	Ensemble ouvert de $\mathbb{R}^N$ .
$\partial\Omega$ :	La frontière de $\Omega$ .
$\mathcal{L}(X)$ :	Espace des opérateurs linéaires dans $X$ .
$C(\Omega)$ :	Espace des fonctions continues définies sur $\Omega$ .
$C^k(\Omega)$ :	Espace des fonctions dont la $k^{\text{ème}}$ dérivée est continue sur $\Omega$ .
$L^p(\Omega)$ :	Espace des fonctions mesurables muni de la norme $\ u\ _{L^p(\Omega)} = \left[ \int  u(x)^p  \right]^{\frac{1}{p}} < \infty$ .
$C([0, T]; L^1)$ :	Espace des fonctions continues de $[0, T]$ dans $L^1$ .
$L^\infty(\Omega)$ :	Espace des fonctions bornées presque partout.
$D(A)$ :	Domaine d'un opérateur $A$ .
$\frac{\partial}{\partial \eta}$ :	Dérivée normale.

# Table des matières

<b>1</b>	<b>Préliminaires.</b>	<b>8</b>
1.1	Équations différentielles ordinaires. . . . .	9
1.2	Semi-groupe fortement continu. . . . .	12
1.3	Équation d'évolution semi-linéaire. . . . .	13
1.4	Espaces fonctionnels. . . . .	15
<b>I</b>	<b>Modèles épidémiologiques</b>	<b>16</b>
<b>2</b>	<b>Introduction aux modèles épidémiologiques.</b>	<b>17</b>
2.1	Modèles mathématique en épidémiologie. . . . .	18
2.2	Modèles épidémiologiques structurés. . . . .	21
<b>3</b>	<b>Compatibilité d'un modèle d'épidémie avec transmissions verticale et horizon-</b>	
	<b>tales.</b>	<b>28</b>
3.1	Présentation du modèle . . . . .	29
3.2	Position du problème. . . . .	32
3.3	Existence et unicité de la solution. . . . .	37
3.4	Solution globale dans $L^1$ . . . . .	45
3.5	Dépendance continue de la solution par rapport aux conditions initiales. . . . .	48
3.6	Positivité de la solution. . . . .	49
3.7	Conclusion et perspectives. . . . .	51
<b>II</b>	<b>Systèmes proie-prédateur</b>	<b>53</b>
<b>4</b>	<b>Introduction générale sur les systèmes proie-prédateur.</b>	<b>54</b>
4.1	Modèles de croissance. . . . .	55
4.2	Modèles proie-prédateurs. . . . .	55
<b>5</b>	<b>Effet des fluctuations environnementales sur une interaction proie-prédateur.</b>	<b>59</b>
5.1	Présentation du modèle. . . . .	60
5.2	Compatibilité du système biologique. . . . .	61
5.3	Analyse mathématique et résultat principal. . . . .	62
5.4	Simulation numérique . . . . .	65
5.5	Conclusion et perspectives. . . . .	65
	<b>Bibliographie</b>	<b>67</b>

# Plan de la thèse.

Nous nous intéressons dans cette thèse à deux modèles issus de la dynamique de population. Nous présentons notre travail en deux parties principales.

**La première partie**, (chapitres 2 et 3), est consacrée à l'étude mathématique d'un modèle épidémiologique. La plupart des systèmes modélisant les maladies transmissibles supposent que tous les paramètres démographiques et épidémiologiques, de différents individus, sont semblables au cours de la période d'infectiosité. Cette hypothèse n'est raisonnable que dans certaines maladies comme la grippe ou la tuberculose. Le but de ce travail est d'étudier un modèle plus général et plus réaliste, où ces paramètres sont différents. Nous considérons pour cela un système de réaction diffusion de type SIS où l'âge chronologique est en combinaison avec la variable d'espace. Nous supposons que les coefficients de diffusion des infectés et des susceptibles,  $d_1$  et  $d_2$  respectivement, sont différents. Nous supposons aussi que les populations sont isolées et que la force de l'infection  $\gamma$  et les taux de fertilité  $\beta_i$ ,  $i = 1, 2$ , dépendent des populations totales des infectées et des susceptibles,  $P_1$  et  $P_2$ . Plus précisément, si  $u(a, t, x)$  et  $v(a, t, x)$  désignent les distributions des infectés et des susceptibles respectivement, d'âge chronologique  $a > 0$ , au temps  $t > 0$  et à la position  $x \in \Omega$ , où  $\Omega$  est un ensemble borné régulier dans  $\mathbb{R}^n$  pour  $n \geq 1$ , alors le système est régi par l'ensemble des équations suivantes :

$$\left\{ \begin{array}{l} \partial_t u + \partial_a u + \mu_u(a) u = d_1 \Delta_x u + \gamma(a, t, x, P_1, P_2) v - \delta(a, t, x) u, \\ \partial_t v + \partial_a v + \mu_v(a) v = d_2 \Delta_x v - \gamma(a, t, x, P_1, P_2) v + \delta(a, t, x) u, \\ u(0, t, x) = \lambda \int_0^{a^+} \beta_u(a, t, x, P_1, P_2) u(a, t, x) da, \\ v(0, t, x) = \int_0^{a^+} \beta_v(a, t, x, P_1, P_2) v(a, t, x) + (1 - \lambda) \beta_u(a, t, x, P_1, P_2) u(a, t, x) da, \\ u(a, 0, x) = u_0(a, x), \\ v(a, 0, x) = v_0(a, x), \\ \frac{\partial u}{\partial \eta} = 0, \\ \frac{\partial v}{\partial \eta} = 0. \end{array} \right.$$

Sous des conditions appropriées sur les données, nous montrons que le système est bien posé dans l'espace  $L^1$ . En effet nous prouvons en utilisant la théorie du point fixe et les semi-groupes qu'il admet une solution unique, globale et positive. Cependant, l'approche est applicable à une grande variété de modèles de dynamiques des populations. Il est encore un problème ouvert intéressant si le système stationnaire possède un état d'équilibre.

**La deuxième partie**, (chapitres 4 et 5) concerne l'étude de la dynamique d'un système différentiel modélisant un problème de proie-prédateur, lorsque la variation des niveaux des eaux se produit. Les populations proies-prédateurs sont respectivement les gardons  $G(t)$ , et les brochets  $B(t)$  à l'instant  $t$ . Quand le prédateur attaque les proies, il a accès à une quantité de nourriture qui dépend du niveau des eaux. Plus le niveau des eaux baisse, plus la proie est accessible au prédateur. Notons par  $r$  le taux d'accessibilité pour

les proies. Supposons que l'interaction suit une réponse fonctionnelle d'Arditi & Ginzburg (1989). Ceci nous ramène au système suivant :

$$\begin{cases} \frac{dG}{dt} = - \min \left( \frac{rG(t)}{B(t)+hG(t)}, \gamma_B \right) B(t) + \gamma_G G(t) - m_G G(t), \\ \frac{dB}{dt} = \tau_B \min \left( \frac{rG(t)}{B(t)+hG(t)}, \gamma_B \right) B(t) - m_B B(t). \end{cases} \quad (1)$$

L'analyse mathématique de ce modèle va permettre de prouver l'existence et l'unicité de la solution du système (1). Nous discutons aussi l'existence d'équilibres et leur stabilité. Les simulations numériques sont présentes pour illustrer le résultat obtenu.

Notre thèse est organisée comme suit : Nous commençons tout d'abord par un chapitre qui rappelle quelques arguments et résultats utilisés dans la thèse. Nous introduisons chaque partie par un petit historique lié au thème étudié. Nous présentons ensuite nos modèles suivis des principaux résultats obtenus, cités ci-dessus.

# Chapitre 1

## Préliminaires.

### Sommaire

---

<b>1.1 Équations différentielles ordinaires.</b> . . . . .	<b>9</b>
1.1.1 Stabilité au sens de Lyapunov. . . . .	10
1.1.2 Isoclines. . . . .	12
<b>1.2 Semi-groupe fortement continu.</b> . . . . .	<b>12</b>
<b>1.3 Équation d'évolution semi-linéaire.</b> . . . . .	<b>13</b>
1.3.1 Le théorème de l'application contractante. . . . .	14
<b>1.4 Espaces fonctionnels.</b> . . . . .	<b>15</b>

---



Dans ce premier chapitre, nous présentons les notions de base qui nous serviront par la suite.

## 1.1 Équations différentielles ordinaires.

Nous renvoyons le lecteur à [69] pour plus de détails.

On note  $U$  un ouvert de  $\mathbb{R} \times \mathbb{R}^n$ ,  $n \geq 1$ ,  $I \subset \mathbb{R}$  un intervalle ouvert.

**Définition 1.1.1** — *Une équation différentielle du premier ordre (EDO) est une équation de la forme :*

$$\dot{x}(t) = f(t, x(t)), \quad t \geq t_0$$

où  $f$  est une fonction continue de  $U$  dans  $\mathbb{R}^n$ .

— Si la fonction  $f$  ne dépend pas explicitement de  $t$ , on parle d'EDO **autonome**, dans le cas contraire on parle d'EDO non autonome.

**Définition 1.1.2** (*Problème de Cauchy*)

Étant donnée une équation différentielle du premier ordre sous la forme :

$$\dot{x}(t) = f(t, x(t)), \quad t > t_0 \tag{1.1}$$

pour  $(t, x(t)) \in U$ , et un point  $(t_0, x_0) \in U$ .

— Le problème de Cauchy correspondant est la recherche des solutions  $x$  de (1.1) telles que

$$x(t_0) = x_0.$$

Le point  $(t_0, x_0)$  s'appelle la condition initiale.

— **Une solution** de (1.1) est une fonction dérivable  $\varphi : I \rightarrow \mathbb{R}^n$ , telle que pour tout  $t$  de  $I$ ,  $(t, \varphi(t))$  appartient à  $U$  et vérifie :

$$\begin{cases} \dot{\varphi}(t) = f(t, \varphi(t)), & t > t_0 \\ \varphi(t_0) = x_0. \end{cases} \tag{1.2}$$

Rappelons que, puisque  $f$  est continue,  $x$  est solution de (1.1) sur  $I$  si et seulement si pour tout  $t \in I$

$$x(t) = x_0 + \int_{t_0}^t f(\tau, x(\tau)) d\tau.$$

Maintenant fixons une norme  $\|\cdot\|$  sur  $\mathbb{R}^n$ .

**Définition 1.1.3** — *Une fonction  $f$  définie sur un ouvert  $U$  de  $\mathbb{R} \times \mathbb{R}^n$  est dite  **$k$ -Lipschitzienne** par rapport à sa deuxième variable, s'il existe  $k > 0$  tel que pour tout  $(t, x)$  et tout  $(t, y)$  de  $U$ , on a*

$$\|f(t, x) - f(t, y)\| \leq k \|x - y\|.$$

— La fonction  $f$  est dite  **$k$ -contractante** ou **une contraction** par rapport à sa deuxième variable, si elle est  $k$ -Lipschitzienne avec  $0 < k < 1$ .

- Une fonction  $f$  définie sur un ouvert  $U$  est dite **localement Lipschitzienne** par rapport à sa deuxième variable, si pour tout  $(t_0, x_0)$  de  $U$ , il existe un voisinage  $V$  de  $(t_0, x_0)$  tel que la restriction de  $f$  à  $V$  soit Lipschitzienne (pour une certaine constante  $C$  qui peut dépendre de  $V$ ).

### Existence locale de la solution de (1.1).

**Théorème 1.1.1 (Cauchy-Lipschitz)** Si  $f$  est localement Lipschitzienne par rapport à  $x$ , continue par rapport à  $t$ , alors pour tout  $(t_0, x_0) \in U$ , le problème de Cauchy (1.1) admet une unique solution  $x(t) \in U$ , définie sur un intervalle maximal  $[t_0, T_{\max}[$ .

### Existence globale de la solution de (1.1).

On se place dans le cadre d'application du théorème de Cauchy-Lipchitz. Le résultat suivant donne une condition suffisante pour que  $T = +\infty$

**Théorème 1.1.2** Soit  $x$  la solution de (1.1) définie pour  $t < T$ . Si  $x$  est bornée sur  $[0, T)$ , alors  $T = +\infty$ .

### Théorème 1.1.3 (Théorème de comparaison)

Soient  $f, g : U \rightarrow \mathbb{R}^n$  deux fonctions Lipschitziennes. On considère les solutions  $x(\cdot)$  et  $y(\cdot)$  des problèmes de Cauchy :

$$\begin{cases} \dot{x}(t) = f(t, x(t)), \\ x(t_0) = x_0. \end{cases} \quad \begin{cases} \dot{y}(t) = g(t, y(t)), \\ y(t_0) = y_0. \end{cases}$$

Supposons que  $f(t, x) \leq g(t, y)$  pour tout  $(t, x), (t, y) \in U$  et que  $x_0 \leq y_0$ .  
Alors  $x(t) \leq y(t)$  pour tout  $t > t_0$ .

### 1.1.1 Stabilité au sens de Lyapunov.

Nous renvoyons le lecteur à [49] pour plus de détails sur cette sous-section.

Considérons le système d'équations différentielles autonomes :

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = F(x) \\ x(0) = x_0. \end{cases} \quad (1.3)$$

où  $x \in \mathbb{R}^n$ ,  $F : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$ . Supposons que la  $F$  est localement lipschitzienne pour assurer l'existence et l'unicité de solutions du problème de Cauchy (1.3).

Nous allons introduire maintenant la définition de la stabilité selon Lyapunov [49].

**Définition 1.1.4 (Point d'équilibre)** Un point  $x^*$  est dit point critique, point stationnaire, ou point d'équilibre pour (1.3) si  $F(x^*) = 0$ .

Un système non linéaire quelconque peut avoir plusieurs points d'équilibre qui peuvent être stables ou instables, dans le sens où, si on perturbe légèrement un équilibre, la solution perturbée revient vers l'équilibre (stable) ou s'en éloigne (instable).

**Définition 1.1.5** [49]

— Un point d'équilibre  $x^*$  est dit **stable** si pour tout  $\epsilon > 0$ , il existe  $\delta_\epsilon > 0$  tel que

$$\|x_0 - x^*\|_{\mathbb{R}^n} < \delta_\epsilon \Rightarrow \|x(t) - x^*\|_{\mathbb{R}^n} < \epsilon, \quad \forall t > 0.$$

— Le point d'équilibre  $x^*$  est dit **instable** s'il n'est pas stable.

— Un point d'équilibre  $x^*$  est dit **asymptotiquement stable** s'il est stable et si pour tout  $\epsilon > 0$ , il existe  $\delta_\epsilon > 0$  tel que

$$\|x_0 - x^*\|_{\mathbb{R}^n} < \delta_\epsilon \Rightarrow \lim_{t \rightarrow +\infty} x(t) = x^*.$$

**Définition 1.1.6** Soient le système (1.3) avec  $F \in C^1(\mathbb{R}^n, \mathbb{R}^n)$ , et  $x^* \in \mathbb{R}^n$ . Le **système linéarisé** en  $x^*$  est le système d'équations différentielles

$$\frac{dx}{dt} = DF(x^*)(x - x^*) + F(x^*).$$

C'est le système d'équations différentielles linéaires obtenu en remplaçant  $F(x)$  par son développement de Taylor du premier ordre en  $x^*$ . Où  $DF(x^*)$  est la matrice Jacobienne de  $F$  au point  $x^*$  donnée par :

$$DF(x^*) = \left( \begin{array}{cccc} \frac{\partial F_1}{\partial x_1} & \cdot & \cdot & \cdot & \frac{\partial F_1}{\partial x_n} \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ \frac{\partial F_n}{\partial x_1} & \cdot & \cdot & \cdot & \frac{\partial F_n}{\partial x_n} \end{array} \right)_{|x=x^*}$$

**Théorème 1.1.4 (Grobman - Hartman, 1967)** [69]. Soit  $\frac{dx}{dt} = F(x)$ ,  $F \in C^1(\mathbb{R}^n, \mathbb{R}^n)$ , un système d'équations différentielles sur  $\mathbb{R}^n$ . Supposons que  $F(0) = 0$  et  $A := DF(0)$  n'a pas de valeurs propres à parties réelles nulles. Alors il existe  $U, V$  deux voisinages de 0 dans  $\mathbb{R}^n$  et un homéomorphisme (une application bijective continue, d'un espace topologique dans un autre, dont la bijection réciproque est continue)  $h : U \rightarrow V$  qui envoie les trajectoires de  $\frac{dx}{dt} = F(x)$  sur celles de  $\frac{dx}{dt} = Ax$  en préservant le sens du temps, c'est à dire : si  $x(t; a) \in U$ , alors  $e^{tA}h(a) \in V$  et

$$x(t; a) = (h^{-1} \circ e^{tA} \circ h)(a).$$

Le théorème affirme (sous certaines conditions) qu'au voisinage d'un point  $x^*$  tel que  $F(x^*) = 0$ , le système  $\frac{dx}{dt} = F(x)$  est équivalent au système linéarisé  $\frac{dx}{dt} = DF(x^*)(x - x^*)$ , (dans l'énoncé  $x^* = 0$  mais on peut toujours se ramener à ce cas, il suffit de considérer la fonction  $x \mapsto F(x + x^*) - F(x^*)$ ).

Ainsi nous avons le théorème suivant :

**Théorème 1.1.5 (Théorème de linéarisation classique)**

Le point d'équilibre  $x^*$  est **localement asymptotiquement stable** si les valeurs propres de la matrice Jacobienne  $DF(x^*)$  sont toutes à partie réelle strictement négative.

Le point d'équilibre  $x^*$  est **instable** si au moins l'une des valeurs propres de la matrice Jacobienne  $DF(x^*)$  est à partie réelle strictement positive.

**Remarque 1.1.1** lorsqu'au moins une des parties réelles des valeurs propres est nulle, les termes non-linéaires peuvent conduire à des résultats de stabilité différents de ceux obtenus par linéarisation. Dans ce cas, on fait appel à d'autres procédés pour l'étude de la stabilité non linéaire comme la variété centre.

### 1.1.2 Isoclines.

**Définition 1.1.7** *Les isoclines sont des séries de courbes ayant la même pente.*

Considérons un système différentiel autonome de dimension 2 de la forme :

$$\begin{cases} \dot{x}(t) = f(x, y), \\ \dot{y}(t) = g(x, y). \end{cases} \quad (1)$$

**Définition 1.1.8 Isoclines horizontale**

*On appelle isocline horizontale l'ensemble I des points tels que  $g(x, y) = 0$ .*

Soit M un point de I, si M n'est pas un point stationnaire, en ce point on a  $f(x, y) \neq 0$ . La trajectoire passant par M a une tangente horizontale. Elle est parcourue de gauche à droite si  $f(x, y) > 0$ , de droite à gauche si  $f(x, y) < 0$ .

L'ensemble I est constitué en général d'une ou de plusieurs courbes, qui partagent le plan en régions dans lesquelles le signe de  $g(x, y)$  reste constant.

**Définition 1.1.9 Isocline verticale**

*On appelle isocline verticale l'ensemble J des points tels que  $f(x, y) = 0$ .*

Soit M un point de J, si M n'est pas un point stationnaire, en ce point on a  $g(x, y) \neq 0$ . La trajectoire passant par M a une tangente verticale. Elle est parcourue de bas en haut si  $g(x, y) > 0$ , de haut en bas si  $g(x, y) < 0$ .

L'ensemble J est constitué en général d'une ou de plusieurs courbes, qui partagent le plan en régions dans lesquelles le signe de  $f(x, y)$  reste constant.

**Remarque 1.1.2** *Les points stationnaires de (1) se trouvent à l'intersection de I et de J.*

## 1.2 Semi-groupe fortement continu.

Nous renvoyons le lecteur vers [24], [58], [67] pour plus de détails.

Soit X un espace de Banach muni de la norme  $\|\cdot\|_X$  et  $\mathcal{L}(X)$  désigne l'espace des opérateurs linéaires dans X.

**Définition 1.2.1** *Une famille  $\{T(t)\}_{t \geq 0}$ ,  $0 \leq t < \infty$ , d'opérateurs linéaires bornés dans X est un semi-groupe fortement continu si :*

- i)  $T(0) = I$ , (l'opérateur identité sur X).
- ii)  $T(t + s) = T(t)T(s)$ , pour tous  $t, s \geq 0$ .
- iii)  $\lim_{t \searrow 0} T(t)x = x$ , pour tout  $x \in X$ .

*On dit aussi que  $T(t)$  est un  $C_0$  semi groupe.*

**Remarque 1.2.1** Si on remplace iii) par

$$\lim_{t \searrow 0} \|T(t) - I\|_{\mathcal{L}(X)} = 0$$

on dit que  $T(t)$  est dit **uniformément continu**.

**Définition 1.2.2** Un  $C_0$  semi-groupe  $T(t)$  est dit **uniformément borné**, s'il existe une constante  $C \geq 0$  telle que :

$$\|T(t)x\|_X \leq C \|x\|_X \text{ pour tout } t \geq 0.$$

**Définition 1.2.3** Un opérateur linéaire  $A$  défini par

$$D(A) = \left\{ x \in X, \lim_{t \searrow 0} \frac{T(t)x - x}{t} \text{ existe} \right\},$$

et

$$Ax = \lim_{t \searrow 0} \frac{T(t)x - x}{t} = \left. \frac{d^+ T(t)x}{dt} \right|_{t=0} \text{ pour } x \in D(A),$$

est le générateur infinitésimal du semi-groupe  $T(t)$ ,  $D(A)$  est le domaine de  $A$ .

**Proposition 1.2.1** Soit  $T(t)$  un  $C_0$  semi-groupe, il existe deux constantes  $w \geq 0$  et  $M \geq 1$  telles que

$$\|T(t)\| \leq Me^{wt}, \text{ pour } t \in [0, \infty[.$$

Le théorème suivant sera utilisé dans la première partie de la thèse. Pour plus de détails voir le lemme 3, p. 25 dans [64].

**Théorème 1.2.1** Soit  $\Omega$  un ouvert borné régulier de  $\mathbb{R}^n$ . Soit l'opérateur  $A = -d\Delta$ , avec  $d > 0$  et les conditions de Neumann sur  $\partial\Omega$ .

Alors  $A$  engendre un  $C_0$  semi groupe  $S(t)$  défini sur  $L^1$  vérifiant : il existe  $C > 0$  tel que

$$\|S(t)u\|_{L^1} \leq C \|u\|_{L^1}.$$

**Théorème 1.2.2** Soient  $T(t)$  un  $C_0$  semi-groupe, et  $A$  son générateur infinitésimal alors :

1. Pour tout  $x \in X$  et  $t \geq 0$ ,  $t \rightarrow T(t)x$  est une fonction continue de  $\mathbb{R}^+$  vers  $X$ .
2. Pour tout  $x \in X$  et  $t \geq 0$

$$\int_0^t T(s)x ds \in D(A) \quad \text{et} \quad A \int_0^t T(s)x ds = T(t)x - x.$$

3. Pour tout  $x \in D(A)$ ,  $T(t)x \in D(A)$  et

$$\frac{d}{dt} T(t)x = T(t) Ax = AT(t)x.$$

### 1.3 Équation d'évolution semi-linéaire.

Le lecteur peut consulter [58] pour plus de détails.

Dans cette partie, on considère une equation d'évolution du type

$$\begin{cases} \frac{du}{dt} = Au(t) + f(t, u(t)) & t \in ]0, T[, \\ u(0) = u_0 \in X. \end{cases} \quad (1.4)$$

où  $(X, \|\cdot\|)$  un espace de Banach,  $A$  un opérateur linéaire sur domaine de  $A \subset X$  qui engendre un semi-groupe continu  $T(t)$  et  $f$  une fonction de  $\mathbb{R}_+ \times X$  dans  $X$ .

**Remarque 1.3.1** *Le semi-groupe  $T(t)$  sera noté  $T(t) = e^{At}$ , dans la suite.*

On cherche des solutions de (1.4).

- $u$  est une **solution classique** de (1.4) si  $u$  est continue sur  $[0, T[$ , continument différentiable sur  $]0, T[$ ,  $u(t) \in D(A)$ ,  $0 < t < T$  et (1.4) est satisfaite sur  $[0, T[$ .
- $u$  est une solution **faible** (mild solution) si  $u$  est continue de  $[0, T[$  dans  $X$ , et si

$$u(t) = e^{At} u_0 + \int_0^t e^{A(t-s)} f(s, u(s)) ds \quad \text{p.p, } t > 0.$$

**Théorème 1.3.1** *Supposons que  $f : \mathbb{R}_+ \times X \rightarrow X$  est continument différentiable, alors pour tout  $u_0 \in X$ , l'équation*

$$u(t) = e^{At} u_0 + \int_0^t e^{A(t-s)} f(s, u(s)) ds \quad (1.5)$$

*admet une solution maximale et unique  $u \in C([0, T_{\max}[, X)$ .*

- De plus, si  $T_{\max} < \infty$ , alors

$$\lim_{t \rightarrow T_{\max}} \|u(t)\|_X = \infty.$$

**Théorème 1.3.2 (Régularité)** *Supposons que  $f : \mathbb{R}_+ \times X \rightarrow X$  est continument différentiable, alors pour tout  $u_0 \in D(A)$ , la solution faible de (1.4) est une solution classique de (1.4).*

**Lemme 1.3.1 (Inégalité de Gronwall [57])** *Soient  $\varphi$ ,  $\psi$  et  $y$  trois fonctions sur un segment  $[a, b]$ , à valeurs positives et vérifiant l'inégalité :*

$$\forall t \in [a, b], \quad y(t) \leq \varphi(t) + \int_a^t \psi(s) y(s) ds.$$

*Alors  $\forall t \in [a, b]$ ,*

$$y(t) \leq \varphi(t) + \int_a^t \varphi(s) \psi(s) \exp\left(\int_s^t \psi(u) du\right) ds.$$

**Corollaire 1.3.1** *Soient  $\psi$  et  $y : [a, b] \rightarrow \mathbb{R}^+$  deux fonctions continues vérifiant*

$$\exists c \geq 0 \ / \forall t \in [a, b], \quad y(t) \leq c + \int_a^t \psi(s) y(s) ds.$$

*Alors  $\forall t \in [a, b]$ ,*

$$y(t) \leq c \exp \int_a^t \psi(s) ds.$$

### 1.3.1 Le théorème de l'application contractante.

Rappelons le théorème du point fixe pour une application contractante. Ce théorème est la base de la théorie du point fixe. Il garantit l'existence d'un unique point fixe pour toute application contractante.

**Théorème 1.3.3** [52] Soit  $X$  un espace de Banach sur un corps  $K$  ( $K = \mathbb{R}$  ou  $\mathbb{C}$ ). Soit  $D$  un sous ensemble fermé de  $X$ . Soit  $F$  une fonction  $k$ -contractante de  $D$  dans  $D$ . Alors il existe un point unique  $z \in D$ , tel que  $F(z) = z$ .

De plus, si  $x_0 \in D$  et  $x_{n+1} = F(x_n)$  pour  $n = 1, 2, \dots$ . Alors

$$\lim_{n \rightarrow \infty} x_n = z,$$

et on a l'estimation suivante :

$$\|x_n - z\|_X \leq \frac{k^n}{1 - k} \|x_1 - x_0\| \text{ pour } n = 1, 2, \dots$$

## 1.4 Espaces fonctionnels.

Pour plus de détails nous renvoyons le lecteur à la référence [11].

On considère  $\Omega$  un ouvert de  $\mathbb{R}^n$  muni de la mesure de Lebesgue.

On désigne par  $L^1(\Omega)$  l'espace des fonctions intégrables sur  $\Omega$  à valeurs dans  $\mathbb{R}$ .

$$\|f\|_{L^1} = \int_{\Omega} |f(x)| dx.$$

Quand il n'y a pas d'ambiguïté, on écrira souvent  $L^1$  au lieu de  $L^1(\Omega)$ .

**Définition 1.4.1** Soit  $p \in \mathbb{R}$  avec  $1 \leq p < \infty$ . On pose

$$L^p(\Omega) = \{f : \Omega \rightarrow \mathbb{R}; f \text{ mesurable et } |f|^p \in L^1(\Omega)\}.$$

On note

$$\|f\|_{L^p(\Omega)} = \left[ \int_{\Omega} |f(x)|^p dx \right]^{\frac{1}{p}}.$$

**Définition 1.4.2** On pose

$$L^\infty(\Omega) = \{f : \Omega \rightarrow \mathbb{R}; f \text{ mesurable et } \exists \text{ une constante } C : |f| \leq C \text{ p.p sur } \Omega\}.$$

On note

$$\|f\|_{L^\infty(\Omega)} = \inf \{C; |f(x)| \leq C \text{ p.p sur } \Omega\}.$$

**Lemme 1.4.1 (Inégalité de Minkowski).** Soient  $p \in [1, +\infty[$  et deux fonctions  $f, g \in L^p(\Omega)$ , alors :

$$\|f + g\|_{L^p(\Omega)} \leq \|f\|_{L^p(\Omega)} + \|g\|_{L^p(\Omega)}.$$

**Théorème 1.4.1 (Théorème de Fubini).** Soient  $\Omega_1, \Omega_2 \subset \mathbb{R}^n$ , des ouverts. On suppose que  $F \in L^1(\Omega_1 \times \Omega_2)$ , alors pour presque tout  $x \in \Omega_1$ ,

$$F(x, y) \in L^1_y(\Omega_2) \text{ et } \int_{\Omega_2} F(x, y) dy \in L^1_x(\Omega_1).$$

De même, pour presque tout  $y \in \Omega_2$ ,

$$F(x, y) \in L^1_x(\Omega_1) \text{ et } \int_{\Omega_1} F(x, y) dx \in L^1_y(\Omega_2).$$

De plus on a

$$\int_{\Omega_1 \times \Omega_2} F(x, y) dx dy = \int_{\Omega_2} \left[ \int_{\Omega_1} F(x, y) dx \right] dy = \int_{\Omega_1} \left[ \int_{\Omega_2} F(x, y) dy \right] dx.$$

**Première partie**  
**Modèles épidémiologiques**



# Chapitre 2

## Introduction aux modèles épidémiologiques.

### Sommaire

---

<b>2.1 Modèles mathématique en épidémiologie.</b>	<b>18</b>
<b>2.2 Modèles épidémiologiques structurés.</b>	<b>21</b>
2.2.1 Modèles structurés en âge.	22
2.2.2 Modèles spatialement structurés.	24

---

L'épidémiologie est la science qui étudie, au sein de populations (humaines, animales, voire végétales), la fréquence et la répartition des problèmes de santé dans le temps et dans l'espace, ainsi que le rôle des facteurs qui les déterminent. Autrement dit, c'est l'étude des épidémies et des facteurs qui pourraient les causer. Elle vise à la compréhension des causes des maladies et à l'amélioration de leur traitement et moyens de prévention. Mais quel rapport avec les Mathématiques ?

## 2.1 Modèles mathématique en épidémiologie.

L'apport des mathématiques pour l'épidémiologie se fait en premier lieu dans la modélisation de l'épidémie qui permet d'identifier les mécanismes qui produisent des modèles de la dynamique des populations, en donnant une description rationnelle et en fournissant des outils pour le contrôle de la maladie. L'analyse mathématique permet aussi de clarifier l'influence de multiples facteurs sur la dynamique de ces modèles, à l'aide de concepts rigoureusement définis, alors que les résultats obtenus permettent de générer des prédictions quantitatives potentiellement utiles pour la gestion des épidémies. Dans les mathématiques, on se base sur :

- **Les données** : épidémie, nombre de malades, temps de guérison, pourcentage de mortalité..., autrement dit des chiffres.
- **La modélisation** : ce qui revient à convertir un problème concret, issu du monde réel, en un problème mathématique.
- **L'analyse** : cela peut permettre de comprendre, de prédire, d'agir sur ces épidémies.

La modélisation mathématique est parfois la seule approche possible pour explorer différents scénarios. Cette étape constitue un véritable outil de santé publique. Elle permet de mettre à l'épreuve, sans perte de temps, ni de frais, les mesures de lutte qui sont envisagées : mesures préventives, isolement de malades, traitements, vaccinations,... Le modèle n'est néanmoins pas la réalité et n'est pas supposé de la reproduire en totalité. Il doit reproduire au mieux les caractéristiques du phénomène étudié en fonction des objectifs fixés pour le cadre de l'étude. La modélisation consiste alors à appliquer des outils mathématiques à un fragment de réalité. L'étape de modélisation s'avère être la plus délicate, la plus longue et souvent la plus périlleuse. En effet, il faut réussir à bien comprendre le problème réel pour tenter de proposer un modèle adapté. Si cette étape est négligée ou omise, si les contraintes ne sont pas bien posées, on aboutit alors à une formulation mathématique qui ne correspond pas au problème. La résolution du problème mathématique fourni alors une solution non adaptée au problème concret. Enfin, si le problème est bien posé, l'étape suivante consiste alors à le résoudre, c'est-à-dire à analyser le modèle dans le but de comprendre, de prédire et d'agir.

Les premiers modèles mathématiques décrivant une maladie infectieuse remontent à Bernoulli en 1766, il considère la mortalité induite par la petite vérole (variole) et les effets de l'inoculation, qui avaient été découverts à l'époque.

La littérature internationale identifie souvent comme « père fondateur de l'épidémiologie

» un Français, Pierre Charles Louis qui créa la « méthode numérique » en médecine. Un autre « père fondateur » est l'anglais William Farr (1807-1883), élève de Pierre C. Louis, qui précisa, dès 1838 (Farr, 1838), la notion de risque, et montra l'importance des analyses longitudinales (« cohortes ») pour évaluer les risques. Il reçut en 1839 la charge de collecter des données de morbidité de façon systématique et est considéré comme le fondateur de la surveillance épidémiologique. Les racines historiques de l'épidémiologie sociale sont également françaises, avec la mise en évidence par Louis René Villermé en 1826 que les plus grandes mortalités observées dans certains quartiers trouvaient plus leur explication dans la pauvreté de ses habitants que dans l'« insalubrité » de leurs logements qui était généralement la cause évoquée.

Les débuts de l'« épidémiologie analytique », dans laquelle on cherche les facteurs de risque des maladies à partir d'observations faites sur des populations, datent du milieu du XIX<sup>ème</sup> siècle, époque de la fondation de la société anglaise d'épidémiologie (1850). Trois travaux fondateurs sont habituellement cités : celui de Panum, qui étudia en 1846 la dynamique de la rougeole aux îles Féroé, identifia le mode de transmission direct de personne à personne, et fournit une estimation de la durée d'incubation ; celui de Snow, qui, en 1854, mena une étude épidémiologique lors de l'épidémie de choléra à Londres, à l'issue de laquelle, grâce à la comparaison des fréquences de la maladie dans des quartiers desservis par des réseaux d'eau différents, il conclut qu'il y avait un agent transmissible à l'origine du choléra et que celui-ci était véhiculé par l'eau.

À peu près en même temps, en 1847, Semme lweis à Vienne découvrit que la fièvre puerpérale était une maladie transportée, en l'absence d'hygiène appropriée, par les mains des soignants des femmes pendant leurs accouchements. Ces trois découvertes ont en commun d'avoir directement conduit à des applications pratiques en santé publique. De plus, elles ouvrent la série des découvertes épidémiologiques effectuées avant la découverte des mécanismes biologiques correspondants ; ce n'est en effet que seulement 20 ans plus tard que Pasteur mettait en évidence l'existence d'agents infectieux explicatifs des maladies transmissibles.

Au début du 20<sup>ème</sup> siècle, Sir Ronald Ross, découvreur du plasmodium falciparum, parasite à l'origine du paludisme, publie une série de travaux utilisant des modèles mathématiques pour étudier la propagation et le contrôle de la malaria. En 1911, il donna le premier modèle mathématique de la transmission du paludisme. Ce modèle s'écrit :

$$\begin{cases} \dot{x}_1 = mab_1 x_2 (1 - x_1) - \gamma x_1, \\ \dot{x}_2 = b_2 a (1 - x_2) x_2 - \mu x_2. \end{cases} \quad (2.1)$$

(Voir [63], pour une bonne compréhension des paramètres du modèle). Depuis, la modélisation mathématique est devenue un outil incontournable dans l'analyse de la dynamique des maladies infectieuses. En effet, Ross utilisera le modèle ci-dessus pour montrer que pour éradiquer le paludisme, il suffit de ramener la quantité de moustiques infectieux en dessous d'un certain seuil. C'est la naissance de ce qu'on appelle aujourd'hui épidé-

miologie mathématique, la théorie des happenings ou encore pathométrie.

### Une citation de Ross

*A vrai dire, l'épidémiologie, considérée, comme l'étude de la variation des maladies avec le temps et avec les lieux géographiques, doit être abordée mathématiquement, quel que soit le nombre de variables impliquées, si l'on veut l'approcher de façon scientifique.*

*Dire qu'une maladie dépend de certains facteurs ce n'est pas dire grand chose, sans que l'on puisse avoir une estimation de quelle façon chaque facteur influence quantitativement le résultat global.*

*Enfin la méthode mathématique n'est pas autre chose que l'application d'un raisonnement soigneux au problème considéré.*

Plus tard, Alfred Lotka (1925) et Vito Volterra (1926) proposaient indépendamment le modèle proie-prédateur, ou encore modèle de Lotka-Volterra (cité dans la deuxième partie) qui joue aujourd'hui un rôle déterminant en dynamique des populations et est considéré comme un modèle de base. Rappelons aussi que c'est Lotka qui en 1923, fait une étude mathématique exhaustive du modèle de Ross (2.1).

A.G. McKendrick était un médecin militaire de l'armée britannique. Il a servi sous les ordres de Ronald Ross en 1901 en Sierra Leone durant une campagne anti-paludique.

Ross a encouragé le jeune McKendrick à appliquer les techniques mathématiques aux problèmes médicaux.

### En 1911, Ross écrivait à McKendrick :

*Nous finirons par établir une nouvelle science. Mais tout d'abord vous et moi devons ouvrir la porte, ainsi n'importe qui pourra ensuite entrer s'il le désire.*

Depuis les tout premiers temps de la modélisation de l'épidémie, les éléments de base pour la description des maladies infectieuses, sont les trois classes épidémiologiques : susceptibles, infectés et les retirés, qui sont souvent notées par :

- S : les individus qui sont sains et peuvent être infectés.
- I : les individus qui sont infectés et sont capables de transmettre la maladie.
- R : les individus qui sont à l'abri, car soit ils ont été infectés et maintenant guéris, soit ils sont vaccinés.

Une distinction fondamentale peut être faite entre ces maladies, celles qui confèrent une immunité à vie, et celles qui n'en ont pas. Le premier cas conduit à des modèles de type SIR, et le deuxième à des modèles SIS.

En 1927, W. O. Kermack et A. G. McKendrick ont appliqué les idées de Ronald Ross pour étudier la dynamique de la transmission des maladies infectieuses humaines. Plus précisément, Kermack et McKendrick ont appliqué les idées de Ross pour les maladies dont la dynamique de transmission dépend de la fréquence et de l'intensité des interactions entre individus susceptibles (sains) et individus infectés et infectieux. Leur résultat fondamental [39] publié en 1927 continu à jouer, comme le modèle de Lotka-Volterra en dynamique des populations, un rôle central dans la théorie mathématique des maladies

infectieuses ([40], [41]). En notant S la population des susceptibles, I celle des infectées et par R la population des guéris ou "removed/recovered", le modèle de Kermack et McKendrick de base s'écrit :

$$\begin{cases} \dot{S} = -\beta S \frac{I}{N}, \\ \dot{I} = \beta S \frac{I}{N} - \gamma I, \\ \dot{R} = \gamma I. \end{cases} \quad (2.2)$$

où  $N = S + I + R$  est la population totale et  $S(0) = S_0, I(0) = I_0 > 0, R(0) = 0$ .

Bien que le concept du seuil, expression mathématique qui caractérise une condition nécessaire pour passer d'un état épidémiologique à un autre ( plus précisément d'un état endémique à un état sans maladie ou inversement), soit l'oeuvre de Ross, c'est Kermack et McKendrick qui sont souvent cités pour l'introduction explicite de la notion du seuil. En effet, puisque N est constante, pour N assez grand on a l'approximation  $S(0) \approx N$ , et donc au début de l'infection, on a  $\dot{I} \approx (\beta - \gamma) I$  ou encore  $I(t) \approx e^{(\beta - \gamma)t} I_0$ .

Ainsi, pour  $\frac{\beta}{\gamma} > 1$ , la maladie va persister et devenir endémique alors que si  $\frac{\beta}{\gamma} < 1$ , la maladie va disparaître. La quantité  $\frac{\beta}{\gamma}$  est appelée seuil ou encore nombre de reproduction de base et noté  $R_0$ . Cette quantité, est définie comme le nombre de nouveaux cas d'infection causés par un individu infecté dans une population susceptible. Le modèle (2.2) devient plus difficile à étudier si on ajoute une dynamique vitale où la population n'est plus constante. En effet, ces modèles sont souvent difficiles pour une analyse mathématique, parce que la taille de la population est une variable additionnelle qui est gouvernée par une équation différentielle.

On peut aussi considérer l'introduction d'une variable E pour les individus latents dans (2.2). D'où les sigles du type : SI, SIR, SIRS, SIS, SEI, SEIR, SEIRS, etc.

La modélisation mathématique des caractéristiques clés des épidémies, telle que la transmission de l'infection a eu une importance considérable pour la compréhension de la dynamique des épidémies. Pour cela l'estimation de certains paramètres est requise car la méconnaissance de paramètres rend très difficile la confrontation des modèles aux données réelles. De plus, puisque seules quelques variables peuvent être mesurées (par exemple le nombre des infectés), la question qui se pose est la suivante : est-il possible de les utiliser ces données avec la dynamique du système pour pouvoir estimer les autres variables ? Ou encore, une fois que l'épidémie est propagée, comment connaître l'origine de la maladie, i.e l'état initial  $I(0)$  par exemple ?

Par ailleurs, si les modèles épidémiologiques sont généralement assez semblables, chaque maladie infectieuse a ses caractéristiques, propres particularités et difficultés.

## 2.2 Modèles épidémiologiques structurés.

Il y a beaucoup de situations réalistes, où l'hypothèse que la population est homogène ne suffit plus. Les structures typiques, qui peuvent jouer un rôle sont :

— **Espace** : la population est distribuée de façon hétérogène dans l'espace.

— **Âge** : il est important de considérer les différentes classe d'âge des individus.

Dans ce qui suit, nous allons rappeler quelques problèmes de ce type. Dans de nombreuses situations, les approches de modélisation sont effectuées à l'aide d'équations aux dérivées partielles.

### 2.2.1 Modèles structurés en âge.

L'introduction de la structuration de l'âge est une étape importante dans la modélisation d'épidémies, d'une part elle permet de considérer un scénario plus réaliste liés à la progression de la maladie, d'autre part, elle produit une dynamique complexe du comportement des solutions. L'importance d'une telle démarche réside aussi dans le fait que pour de nombreuses maladies, le taux d'infection varie considérablement avec l'âge. En fait, si l'on considère les maladies infantiles comme la varicelle, la rougeole ou la rubéole, la transmission concerne principalement les enfants, c'est à dire les individus les plus jeunes, alors que pour les maladies sexuellement transmissibles, le principal mécanisme de l'infection implique les individus matures.

En outre, nous distinguons deux types de transmissions :

**Transmission verticale.** C'est le transfert direct d'une maladie infectieuse d'un parent à un nouveau-né, la plupart du temps, c'est la transmission de l'infection de la mère à l'enfant, soit pendant la grossesse, l'accouchement, ou par l'allaitement maternel. La transmission verticale joue un rôle important dans le maintien de certaines maladies, par exemple, voir Busenberg [14], et [13], où plusieurs exemples de maladies qui se transmettent verticalement sont donnés.

**Transmission horizontale.** C'est la transmission de l'infection par contact direct ou indirect.

Les modèles ont été utilisés pour décrire l'âge chronologique des individus, ou plus généralement l'histoire de la contamination des individus. C'est par exemple le cas des modèles structurés en âge d'infection, dans lesquels l'âge décrit le temps depuis l'infection. Les premiers travaux sur les modèles structurés en âge remontent au début du 20<sup>ème</sup> siècle avec Sharpe et Lotka [68] en 1911, et avec McKendrick [53] en 1926. Les modèles linéaires ont été rigoureusement étudiés par Feller [25], et Bellman et Cooke [10], en utilisant les équations intégrales de Volterra et la transformée de Laplace. Les modèles structurés en âge non linéaires ont été étudiés à partir des années 70 avec les travaux de Gurtin et MacCamy [28], [29]. Nous renvoyons aux livres de Hoppensteadt [33], Webb [74], Metz et Diekmann [54], Iannelli [35], Cushing [19], Anita [5], Thieme [70], Perthame [59], Magal et Ruan [50], [6], pour une bonne étude du sujet.

Un modèle linéaire de base pour une population structurée en âge (chronologique), dit équation de McKendrick-Von Forester [53], s'écrit sous la forme suivante :

$$\begin{cases} \frac{\partial p(a,t)}{\partial t} + \frac{\partial p(a,t)}{\partial a} = -\mu(a) p(a,t), \text{ pour } a > 0, t > 0 \\ p(0,t) = B(t) = \int_0^\infty \beta(a) p(a,t) da, t \geq 0 \\ p(a,0) = p_0(a), a \geq 0 \end{cases} \quad (2.3)$$

où  $\mu \in L^1(0, +\infty)$  est le taux de mortalité des individus, et  $\beta \in L_+^\infty(0, +\infty)$  est le taux de reproduction.

Notons que le problème (2.3) a une solution unique, globale et positive, voir Bellman, et al. (1963)[10], Feller (1941)[25] et Hoppensteadt (1975)[33]. L'unique solution est donnée par

$$p(a,t) = \begin{cases} p_0(a-t) \pi(a) / \pi(a-t), & a > t \\ B(t-a) \pi(a), & a < t \end{cases}$$

où  $\pi(a)$  est donné par

$$\pi(a) = e^{-\int_0^a \mu(\tau) d\tau},$$

et  $B(\cdot)$  a le comportement asymptotique suivant quand  $t \rightarrow \infty$  :

$$B(t) = [c + \theta(t)] e^{p^* t},$$

avec  $p^*$  est l'unique réel qui satisfait l'équation caractéristique suivante :

$$\int_0^\infty \beta(a) \pi(a) e^{p^* a} da = 1,$$

$\theta(\cdot)$  est une fonction telle que  $\theta(t) \rightarrow 0$  quand  $t \rightarrow \infty$ , et  $c$  est une constante.

Les modèles structurés en âge ont été utilisés dans bien d'autres contextes comme la dynamique de populations cellulaires (voir Arino [6]), l'épidémiologie (voir Hethcote [32]), la démographie (voir Inaba [37]), etc. Plus généralement, ces modèles sont utiles pour décrire des changements au niveau individuel en fonction de l'histoire des individus. Mentionnons aussi des extensions au cas des modèles de dynamiques populations structurées en âge et en espace (voir Langlais [48], Kubo et Langlais [44], Magal et Thieme [51], Walker [72], [71]). Nous renvoyons enfin à Gyllenberg et Webb [30] pour un exemple de modèle structuré en âge et en taille, etc.

L'analyse mathématique des modèles structurés en âge et les résultats classiques concernent l'existence et l'unicité des solutions, la positivité des solutions, et la stabilité des états d'équilibres. Ces problèmes ont été largement étudiés depuis les années 70. La première approche consiste à étendre la méthode utilisée pour le modèle linéaire, en utilisant une formulation des équations intégrales de Volterra non linéaires. Cette méthode a été abondamment étudiée par Webb [74], Chapitre 2 et par Iannelli [35]. Cela permet, en particulier, de montrer l'existence, l'unicité, et la positivité des solutions. En utilisant alors la théorie spectrale des semi-groupes linéaires, ils ont pu également obtenir des résultats de stabilité des états d'équilibre.

Nous citons comme références les travaux de M. Langlais [45], J. D. Murray [55], [56], L. Roques [65] et G. F. Webb [73].

### 2.2.2 Modèles spatialement structurés.

Dans cette section, nous rappelons des modèles avec une structure de l'espace. L'importance de considérer la structure spatiale peut être causée par un environnement hétérogène, mais aussi (dans le cas d'un environnement homogène) par une distribution initiale hétérogène de la population. Cela concerne par exemple les problèmes de l'invasion d'une espèce dans un nouveau territoire. En outre, dans le cas de l'interaction de plusieurs populations, les différentes espèces peuvent avoir différentes vitesses de propagation.

L'approche classique pour la modélisation des populations spatialement structurées sont des équations de réaction-diffusion.

— La distribution spatiale est effectuée par un flux  $J$ , qui "transporte" les individus, avec une conservation de la population totale.

— La croissance ou la mortalité des individus sont décrites par un terme  $f$  de réaction. L'équation de base peut être formulée par :

$$\frac{\partial u}{\partial t} = f - \nabla J,$$

où  $u$  décrit la densité de population,  $f$  est le taux de croissance nette de la population,  $J$  est le flux.

#### Des exemples typiques du taux de croissance $f$ .

— Aucune naissance / décès :  $f(u) = 0$

— Croissance exponentielle :  $f(u) = ru$

— Croissance logistique :  $f(u) = ru \left(1 - \frac{u}{K}\right)$

— La croissance logistique avec des paramètres non constants :  $f(u) = r(x) u(x, t) \left(1 - \frac{u(x, t)}{K(x)}\right)$

— Effet Allee :  $f(u) = ru \left(\frac{u}{K_0} - 1\right) \left(1 - \frac{u}{K}\right)$

**Remarque 2.2.1** *L'effet Allee décrit un scénario dans lequel des populations à faible effectif sont affectées par une relation positive entre le taux d'accroissement et la densité. Ainsi certaines populations de petite taille ou de faible densité peuvent subir un recrutement moindre, ou une mortalité supérieure, résultant en une nouvelle décroissance de la taille (ou baisse de la densité). Le point final de cette réaction en boucle est la plupart de temps l'extinction de la population. L'effet Allee est rencontré chez de très diverses espèces végétales et animales comme le lycaon (*Lycaon pictus*) et le suricate (*Suricata suricatta*), il se manifeste sous plusieurs formes. Pour une définition plus complète et des exemples variés de ce processus voir B. Dennis [21].*

*Le nom de cet effet est lié à l'écologiste W. C. Allee (1931) qui est l'un des premiers à l'étudier de façon détaillée.*

#### Des exemples typiques pour le flux $J$ :



- **Advection / convection** : les organismes se déplacent à la vitesse  $v = v(x, y, z)$ , le flux correspondant est

$$J_A = v(x, y, z)u,$$

et l'équation "de balance" générale est :

$$\frac{\partial u}{\partial t} + \nabla(uv) = f(u),$$

qui est une équation scalaire de réaction-advection.

- **Diffusion (mouvement aléatoire)** : les organismes se déplacent des régions de haute concentration à des régions de faible concentration. Selon la loi de Fick, le flux de diffusion est

$$J_D = -D\nabla u$$

l'équation générale est donnée par :

$$\begin{aligned} \frac{\partial u}{\partial t} &= f(u) - \nabla(-D\nabla u) \\ &= f(u) + D\Delta u \end{aligned}$$

qui est une équation scalaire de réaction-diffusion.

Il y a beaucoup d'exemples typiques pour les équations de réaction-diffusion :

- **KISS-modèle** (Kierstead, Slobodkin, Skellam) [42] :

$$\frac{\partial u}{\partial t} = ru + D\frac{\partial^2 u}{\partial x^2},$$

elle est souvent utilisée par exemple pour la description de la propagation des algues.

- **Équation de Fisher** :

$$\frac{\partial u}{\partial t} = ru\left(1 - \frac{u}{K}\right) + D\frac{\partial^2 u}{\partial x^2}.$$

(croissance logistique et la diffusion ; exemple typique avec une solution à ondes simples).

- **Équation de Nagumo** :

$$\frac{\partial u}{\partial t} = u(u - a)(1 - u) + D\frac{\partial^2 u}{\partial x^2}$$

contenant l'effet Allee, en combinaison avec diffusion.

- **La densité dépendante de la diffusion** : la diffusivité  $D$  peut dépendre de la densité de l'organisme, par exemple,  $D = D_0 u^m$ , dans ce cas, le flux de diffusion s'écrit comme :

$$J_{DD} = -D_0 u^m \nabla u$$

l'équation "de la balance" générale est :

$$\frac{\partial u}{\partial t} = f(u) + D_0 \nabla(-u^m \nabla u)$$

- **La chimiotaxie** : déplacement des organismes avec une vitesse qui est proportionnelle au gradient d'une substance  $a$  (ou des aliments) qui pourrait être un signal chimique dans l'environnement. Le flux se lit :

$$J_C = \chi(a) \nabla a u$$

l'équation "de la balance" générale est :

$$\frac{\partial u}{\partial t} = f(u) - \nabla (u \chi(a) \nabla a)$$

Pour les modèles épidémiologiques, une description plus réaliste se pose lors de l'examen de la structure démographique et l'évolution de l'épidémie dans l'espace, en effet un changement important dans l'étude de la population a été mis en place lorsqu'il s'agit de la propagation d'épidémies au sein de l'environnement, et cela en intégrant une diffusion spatiale dans les modèles structurés en âge, voir par exemple [22].

Lorsque les coefficients de diffusion spatiale sont égaux, nous citons [46], où M. Langlais et S. Besenberg ont étudié l'effet de l'âge chronologique et la variable d'espace, sur les variations saisonnières d'une population, en présence d'une maladie transmissible verticalement. Le modèle considéré est un modèle de type SIS qui consiste en deux équations de Lotka, MacKendrick, et Von Forerster de la forme :

$$\left\{ \begin{array}{l} \partial_t s + \partial_a s - k \Delta_x s + \mu(P(x, t), x, t, a) s = -\gamma(i; x, t, a) s + \delta(x, t, a) i + f_s(x, t, a) \\ \partial_t i + \partial_a i - k \Delta_x i + \mu(P(x, t), x, t, a) i = \gamma(i; x, t, a) s - \delta(x, t, a) i + f_i(x, t, a) \\ P(x, t) = \int_0^{A_+} u(x, t, a) da \\ i(x, t, 0) = \epsilon \int_0^{A_+} \beta(P(x, t), x, t, a) i(x, t, a) da \\ s(x, t, 0) = \int_0^{A_+} \beta(P(x, t), x, t, a) [s(x, t, a) + (1 - \epsilon) i(x, t, a)] da \\ \partial_\nu s(x, t, a) = \partial_\nu i(x, t, a) = 0 \quad x \in \partial\Omega, 0 < a < A_+, t > 0 \end{array} \right.$$

Nous renvoyons le lecteur à [46] pour les significations des paramètres.

Lorsque les coefficients de diffusion sont égaux, nous pouvons sommer les deux équations modélisant les susceptibles et les infectés. Ainsi l'étude du modèle revient à l'étude d'une seule équation scalaire (2.4) modélisant la population totale  $u$ .

$$\left\{ \begin{array}{l} \partial_t u + \partial_a u - k \Delta_x u + \mu(P(x, t), x, t, a) u = f_s(x, t, a) \\ i(x, t, 0) = \int_0^{A_+} \beta(P(x, t), x, t, a) u(x, t, a) da \\ \partial_\nu u(x, t, a) = 0 \end{array} \right. \quad (2.4)$$

L'équation de  $i$  peut être réécrite sous la forme :

$$\left\{ \begin{array}{l} \partial_t i + \partial_a i - k \Delta_x i + \mu(P(x, t), x, t, a) i = \gamma(i; x, t, a) (u - i) - \delta(x, t, a) i \\ \quad + f_i(x, t, a) \\ i(x, t, 0) = \epsilon \int_0^{A_+} \beta(P(x, t), x, t, a) i(x, t, a) da \\ \partial_\nu i(x, t, a) = 0 \end{array} \right. \quad (2.5)$$

M. Langlais et S. Besenberg ont montré l'existence des solutions T-périodiques pour les équations de type (2.5), sous des données T-périodiques (périodicité par rapport au temps). Sous des hypothèses assez générales, ils ont utilisé un principe de comparaison qui est l'argument clé pour l'existence d'une solution non-négative, maximale et T-périodique. Dans le cas de la transmission verticale, ils ont donné des conditions suffisantes assurant l'unicité et la stabilité de cette solution.

Dans [47], M. Langlais a étudié le couplage entre les variations périodiques par rapport au temps et la structuration par âge d'une population infectée, a travers un modèle mathématique de type SIRS, contenant également une structure spatiale avec des coefficients de diffusion égaux. Le système est sous la forme :

$$\begin{cases} D_s + \mu(P(x, t), x, t, a) s = -\gamma(t, a)\varphi(i) s + \delta(a) i + \rho(a) r + f_s \\ D_i + \mu(P(x, t), x, t, a) i = +\gamma(t, a)\varphi(i) s - \delta(a) i - \sigma(a) i + f_i \\ D_r + \mu(P(x, t), x, t, a) r = +\delta(a) i - \rho(a) i + f_r \end{cases} \quad (2.6)$$

où  $D = \partial_t + \partial_a - k\Delta_x$ , et distributions initiales sont données par :

$$\begin{cases} s(x, t, 0) = u(x, t, 0) - i(x, t, 0) - r(x, t, 0) \\ i(x, t, 0) = \epsilon_i \int_0^\infty \beta(P(x, t), x, t, a) i(x, t, a) da \\ r(x, t, 0) = \epsilon_r \int_0^\infty \beta(P(x, t), x, t, a) r(x, t, a) da \\ \partial_\nu s = \partial_\nu i = \partial_\nu r = 0 \quad \text{sur le bord de } \Omega \end{cases}$$

$\epsilon_i$  (resp  $\epsilon_r$ ) étant la probabilité que de la transmission verticale (resp la vaccination) de la maladie, et  $u$  est la population totale de tout les susceptibles, les infectés et les vaccinés, régie par le système (2.7), obtenue en regroupant les trois équations du système (2.6).

$$\begin{cases} \partial_t u + \partial_a u - k\Delta_x u + \mu(P(x, t), x, t, a) u = f(x, t, a) \\ u(x, t, 0) = \int_0^\infty \beta(P(x, t), x, t, a) u(x, t, a) da \\ \partial_\nu u(x, t, a) = 0 \quad \text{sur } \partial\Omega \end{cases} \quad (2.7)$$

A partir d'un état initial donné  $u(x, t, 0)$ , M. Langlais a examiné le comportement asymptotique de solutions du système (2.7) quand  $t \rightarrow \infty$ , pour le cas lineaire  $f(x, t, a) = 0$  et le cas non lineaire  $f(x, t, a) \neq 0$ , sous des hypothèses spécifiques conçues pour donner des résultats critiques explicites.

Dans [2], B. E Ainseba a étudié le contrôle et la stabilisation d'équation du type Kermack-McKendrick-Von Foerster et les systèmes de réaction-diffusion. Dans [3], nous trouvons un résultat de contrôlabilité exacte et locale qui garantit la positivité des solutions.

La plupart des modèles des maladies transmissibles supposent que tous les paramètres démographiques et épidémiologiques sont semblables au cours de la période d'infectiosité. Cette hypothèse n'est raisonnable que dans certaines maladies comme la grippe ou la tuberculose mais pas pour d'autres.

Le but de ce travail est d'étudier un modèle plus général et plus réaliste, où ces paramètres sont différents. Nous considérons un système de réaction diffusion de type SIS où l'âge chronologique est en combinaison avec la variable d'espace. Nous supposons que les coefficients de diffusion des susceptibles et des infectés ne sont pas les mêmes et que la transmission de la maladie est à la fois verticale et horizontale.

# Chapitre 3

## Compatibilité d'un modèle d'épidémie avec transmissions verticale et horizontale.

### Sommaire

---

<b>3.1 Présentation du modèle</b> . . . . .	<b>29</b>
<b>3.2 Position du problème.</b> . . . . .	<b>32</b>
3.2.1 Hypothèses. . . . .	33
<b>3.3 Existence et unicité de la solution.</b> . . . . .	<b>37</b>
<b>3.4 Solution globale dans <math>L^1</math>.</b> . . . . .	<b>45</b>
<b>3.5 Dépendance continue de la solution par rapport aux conditions initiales.</b>	<b>48</b>
<b>3.6 Positivité de la solution.</b> . . . . .	<b>49</b>
<b>3.7 Conclusion et perspectives.</b> . . . . .	<b>51</b>

---

Cette partie est une présentation d'un article publié.

B. E. Ainseba, S.M. Bouguima and S. Fekih, **Biological Consistency of an Epidemic Model With Both Vertical and Horizontal Transmissions**, Nonlinear Analysis : Real World Applications 28 (2016) 192–207.

Un processus qui caractérise de nombreuses maladies infectieuses est la transmission verticale. Il est défini comme l'infection des nouveau-nés par leur mère soit pendant la grossesse, l'accouchement ou par l'allaitement maternel. La transmission verticale joue un rôle important dans le maintien de certaines maladies. Par exemple, la transmission verticale est la principale cause de l'infection à VIH chez les enfants. L'étude de la transmission du VIH / SIDA est d'un grand intérêt pour les scientifiques. Les modèles mathématiques jouent un rôle important dans la compréhension de la dynamique des maladies infectieuses. Dans cette partie, nous considérons un modèle épidémique, de type réaction-diffusion, structuré en âge, décrivant un système SIS avec la transmission verticale et horizontale. Ils sont appelés modèles SIS parce qu'un individu qui est initialement sain (S), peut devenir infecté (I) puis être guéri, donc à nouveau (S).

### 3.1 Présentation du modèle

Notons par  $u(a, t, x)$  et  $v(a, t, x)$  les distributions des infectés et des susceptibles respectivement, d'âge chronologique  $a > 0$ , au temps  $t > 0$ , à la position  $x \in \Omega$ , où  $\Omega$  est un ensemble borné régulier dans  $\mathbb{R}^n$  pour  $n \geq 1$ .

Supposons que  $a \in (0, a^+)$  avec  $a^+$  est l'âge maximum des individus, et que le temps  $t \in (0, T)$ , pour un  $T > 0$ . On définit la population totale des infectés au temps  $t$  et la position  $x \in \Omega$  par :

$$P_1(t, x) = \int_0^{a^+} u(a, t, x) da.$$

De même, la population totale des susceptibles est définie par :

$$P_2(t, x) = \int_0^{a^+} v(a, t, x) da.$$

Supposons que la population totale  $P(x, t)$  se compose uniquement des infectés et des susceptibles

$$\begin{aligned} P(t, x) &= \int_0^{a^+} u(a, t, x) + v(a, t, x) da \\ &= P_1(t, x) + P_2(t, x). \end{aligned}$$

Les fonctions  $\mu_u(a)$  et  $\mu_v(a)$  représentent les taux de mortalité des individus infectés et susceptibles respectivement, et  $\beta_u(a, t, x, P_1, P_2)$ ,  $\beta_v(a, t, x, P_1, P_2)$ , sont les taux de natalité correspondants. La transmission verticale aux nouveau-nés est donnée par :

$$\begin{aligned} u(0, t, x) &= \lambda \int_0^{a^+} \beta_u(a, t, x, P_1, P_2) u(a, t, x) da, \\ v(0, t, x) &= \int_0^{a^+} \beta_v(a, t, x, P_1, P_2) v(a, t, x) + (1 - \lambda) \beta_u(a, t, x, P_1, P_2) u(a, t, x) da. \end{aligned}$$

Cette hypothèse signifie qu'une fraction  $(1 - \lambda)$  des descendants de parents infectés est susceptible et une fraction  $\lambda \in (0, 1]$  est infectée.

Le taux de variation de la densité de la population des infectés  $u$  est donné par :

$$\begin{aligned} Du(a, t, x) &= \lim_{\Delta t \rightarrow 0} \frac{u(a + \Delta t, t + \Delta t, x) - u(a, t, x)}{\Delta t} \\ &= \lim_{\Delta t \rightarrow 0} \frac{u(a + \Delta t, t + \Delta t, x) - u(a, t + \Delta t, x)}{\Delta t} - \frac{u(a, t + \Delta t, x) - u(a, t, x)}{\Delta t} \\ &= \lim_{\Delta t \rightarrow 0} [u_a(a, t + \Delta t, x) + u_t(a, t, x)] \\ &= u_a(a, t, x) + u_t(a, t, x). \end{aligned}$$

Une expression similaire définit le taux de variation de la population des susceptibles  $v(a, t, x)$  d'où

$$Dv(a, t, x) = v_a(a, t, x) + v_t(a, t, x).$$

Notons par  $\gamma(a, t, x, P_1, P_2)$  la force d'infection qui dépend des populations totales  $P_1(t, x)$  et  $P_2(t, x)$ , et  $\delta(a, t, x)$  le taux de recouvrement. Ainsi, nous avons :

—  $\gamma(a, t, x, P_1, P_2) v(a, t, x)$  sont les susceptibles qui ont été infectés.

—  $\delta(a, t, x, P_1, P_2) u(a, t, x)$  sont les infectés qui sont guéris.

Supposons que les susceptibles et les infectés se déplacent aléatoirement, ceci est décrit comme un mouvement Brownien. Donc, la relation entre  $u(a, t, x)$  et  $v(a, t, x)$  dans le domaine  $Q = [0, a^+) \times [0, T) \times \Omega$  est donnée par le modèle suivant :

$$\begin{cases} \partial_t u + \partial_a u + \mu_u(a) u = d_1 \Delta_x u + \gamma(a, t, x, P_1, P_2) v - \delta(a, t, x) u, \\ \partial_t v + \partial_a v + \mu_v(a) v = d_2 \Delta_x v - \gamma(a, t, x, P_1, P_2) v + \delta(a, t, x) u, \\ u(0, t, x) = \lambda \int_0^{a^+} \beta_u(a, t, x, P_1, P_2) u(a, t, x) da, \\ v(0, t, x) = \int_0^{a^+} \beta_v(a, t, x, P_1, P_2) v(a, t, x) + (1 - \lambda) \beta_u(a, t, x, P_1, P_2) u(a, t, x) da. \end{cases} \quad (3.1)$$

Les répartitions d'âge initiales non-nulles sont données par :

$$\begin{cases} u(a, 0, x) = u_0(a, x) & \text{dans } [0, a^+) \times \Omega, \\ v(a, 0, x) = v_0(a, x) & \text{dans } [0, a^+) \times \Omega. \end{cases}$$

Supposons aussi que le flux au bord est nul et correspond à une population isolée, alors on a :

$$\begin{cases} \frac{\partial u}{\partial \eta} = 0 & \text{dans } \partial Q = [0, a^+) \times [0, T) \times \partial \Omega, \\ \frac{\partial v}{\partial \eta} = 0 & \text{dans } \partial Q = [0, a^+) \times [0, T) \times \partial \Omega. \end{cases}$$

où  $\frac{\partial}{\partial \eta}$  est la dérivée normale.

L'opérateur Laplacien défini par :

$$\Delta_x u = \sum_{i=1}^{i=n} \frac{\partial^2 u}{\partial x_i^2},$$

est utilisé pour décrire le mouvement Brownien aléatoire. Cependant, le mouvement des deux individus (infectés et susceptibles) placés dans le même environnement n'est pas identique, donc nous sélectionnons deux coefficients de diffusion  $d_1$  et  $d_2$ , non négatifs, pour  $u$  et  $v$  respectivement. Un modèle similaire est étudié dans [46] avec des fournitures externes "external supplies" des individus, et dans [1] avec des différents coefficients de diffusion.

Nous donnons un cadre abstrait à notre problème permettant d'autres non-linéarités satisfaisant la condition H1) citée plus loin. Par conséquent, nous considérons un système plus général :

$$\left\{ \begin{array}{l} \partial_t u + \partial_a u + \mu_u(a) u = d_1 \Delta_x u + f^1(a, t, x, u, v, P_1, P_2), \\ \partial_t v + \partial_a v + \mu_v(a) v = d_2 \Delta_x v + f^2(a, t, x, u, v, P_1, P_2), \\ u(0, t, x) = \lambda \int_0^{a^+} \beta_u(a, t, x, P_1, P_2) u(a, t, x) da, \\ v(0, t, x) = \int_0^{a^+} \beta_v(a, t, x, P_1, P_2) v(a, t, x) + (1 - \lambda) \beta_u(a, t, x, P_1, P_2) u(a, t, x) da, \\ u(a, 0, x) = u_0(a, x), \\ v(a, 0, x) = v_0(a, x), \\ \frac{\partial u}{\partial \eta} = 0, \\ \frac{\partial v}{\partial \eta} = 0. \end{array} \right. \quad (3.2)$$

Le modèle présenté ici diffère de celui donné dans [46] et [1] par de nombreux aspects. Dans [1] l'auteur considère l'espace fonctionnel  $L^\infty$ , et suppose que le taux de recouvrement est constant. Dans notre travail nous supposons que la force d'infection et les taux de natalité, dépendent des populations totales des infectés et des susceptibles,  $P_1$  et  $P_2$  respectivement. Nous démontrons que sous des conditions initiales, dans l'espace des fonctions Lebesgue intégrables  $L^1$ , le système (3.2) est bien posé.

La question d'un problème bien posé, a été investie par plusieurs auteurs (voir G. Webb [74] et M. Iannelli [36], et les références citées). Dans l'étude des modèles de dynamiques de populations le choix de l'espace fonctionnel est crucial. Nous choisissons dans notre cas l'espace  $L^1$ , qui est le choix naturel pour plusieurs problèmes, et ceci est dû d'une part à l'interprétation des résultats obtenus, et d'autre part, la norme dans l'espace  $L^1$  nous donne des estimations sur la croissance de la solution.

Il est bien connu que dans les systèmes de réaction-diffusion, les coefficients de diffusion différents peuvent détruire l'existence globale de solutions (voir M. Pierre [60]). D'après les travaux de M. Pierre et D. Schmidt [60], il y a une possibilité d'explosion des solutions en un temps fini si  $d_1 \neq d_2$ . La méthode utilisée dans [1] et [60] est basée sur des arguments de dualité. Cette approche ne peut pas être utilisée directement dans  $L^1$ . Pour montrer l'existence de solutions, nous utilisons la théorie de point fixe.

Les modèles mathématiques traitant les transmissions horizontales des maladies sont

largement étudiés. À notre connaissance, le couplage entre la diffusion spatiale et la transmission verticale n'a pas été complètement traité en raison de la complexité qu'il introduit. Quelques résultats ont été consacrés à ces modèles, nous nous référons à ([4], [12], [16], [23], [32], [56], [66], [70]) pour un aperçu sur les modèles épidémiques. L'incorporation de la diffusion dans la modélisation est plus réaliste, nous renvoyons le lecteur à ([13], [18], [20], [22], [36], [43], [48], [45], [62], [71], [73]) et les références citées pour voir les résultats obtenus sur les modèles structurés en âge, avec une diffusion spatiale.

Les termes sur le côté droit de (3.2) dépendent localement sur les variables  $a, t, x$ , par exemple (pour  $i = 1, 2$ ), les termes  $f^i(a, t, x, u, v, P_1, P_2)$ , doivent être lus

$$f^i(a, t, x, u(a, t, x), v(a, t, x), P_1(t, x), P_2(t, x))$$

nous omettons les variables  $a, t, x$ , pour plus de simplicité.

### Organisation de ce chapitre

Nous présentons tout d'abord les hypothèses principales retenues pour les paramètres démographiques et épidémiques. Nous intégrons ensuite le système sur des lignes caractéristiques, afin d'obtenir un système équivalent de deux équations intégrales, moyennant la théorie des semi-groupes. Nous nous intéressons ensuite à l'existence et l'unicité de la solution sous les conditions de Lipschitz. La méthode est basée sur le principe de contraction du point fixe, pour cela nous définissons un opérateur  $\phi(u, v) = (\phi_1(u, v), \phi_2(u, v))$  et nous donnons les conditions pour lesquelles  $\phi$  est une contraction stricte sur un ensemble convexe fermé  $M$  à déterminer. Dans la section qui suit nous prouvons que toute solution  $(u, v)$  du système (3.2), dans l'espace  $L_T$  peut être prolongée continument par une solution dans  $L_{T+\hat{T}}$ . Nous donnons par la suite un lemme qui caractérise une solution locale et nous énonçons le théorème principal d'existence globale de la solution, avec une démonstration détaillée. Nous démontrons un résultat de dépendance continue de la solution par rapport aux conditions initiales et nous terminons par un résultat de la positivité de la solution suivi d'un exemple qui illustre les résultats obtenus.

## 3.2 Position du problème.

Nous allons examiner certaines hypothèses significatives dans le contexte de la dynamique des populations. Afin d'étudier l'existence, nous allons définir les espaces suivants :

Soit  $L^1 \stackrel{\text{déf}}{=} L^1([0, a^+] \times \Omega; \mathbb{R})$  l'espace de Banach des classes d'équivalence de fonctions Lebesgue intégrables, de  $[0, a^+] \times \Omega$  dans  $\mathbb{R}$  muni de la norme :

$$\|\varphi(\cdot, t, \cdot)\|_{L^1([0, a^+] \times \Omega)} = \int_{\Omega} \int_0^{a^+} |\varphi(a, t, x)| da dx.$$

Pour le couple  $(\varphi, \psi) \in L^1 \times L^1$ , définissons la norme :

$$\|(\varphi, \psi)(\cdot, t, \cdot)\|_{L^1} \stackrel{\text{déf}}{=} \|\varphi(\cdot, t, \cdot)\|_{L^1} + \|\psi(\cdot, t, \cdot)\|_{L^1}.$$

Soit  $T > 0$ , pour tous  $r \in \mathbb{R}$ , on définit l'espace  $L_r$  de toutes les fonctions  $\varphi \in L^1$ , muni de la norme.



$$\|\varphi\|_{L_r} = \sup_{0 \leq t \leq T} e^{-rt} \|\varphi(\cdot, t, \cdot)\|_{L^1}.$$

De même pour  $(\varphi, \psi) \in L^1 \times L^1$ , nous avons :

$$\|(\varphi, \psi)\|_{L_r} \stackrel{\text{déf}}{=} \|\varphi\|_{L_r} + \|\psi\|_{L_r}.$$

### 3.2.1 Hypothèses.

Maintenant, nous présentons les hypothèses techniques pour notre problème.

H1) Supposons que pour  $i = 1, 2$ ,  $f^i$  sont des fonctions mesurables sur

$$[0, a^+) \times [0, T) \times \Omega \times (0, +\infty)^4,$$

et, il existe  $K_i > 0$  tel que

$$\left| f^i(a, t, x, \xi_1, \xi_2, \xi_3, \xi_4) - f^i(a, t, x, \bar{\xi}_1, \bar{\xi}_2, \bar{\xi}_3, \bar{\xi}_4) \right| \leq K_i \left[ \left| \xi_1 - \bar{\xi}_1 \right| + \left| \xi_2 - \bar{\xi}_2 \right| + \left| \xi_3 - \bar{\xi}_3 \right| + \left| \xi_4 - \bar{\xi}_4 \right| \right].$$

On suppose de plus que :

$$f^i(a, t, x, 0, 0, 0, 0) = 0 \text{ p. p. } (a, t, x) \in [0, a^+) \times [0, T) \times \Omega.$$

H2) Les taux de natalité  $\beta_u$  et  $\beta_v$  sont des fonctions mesurables et non négatives. De plus

$$\beta_u, \beta_v \in L^\infty([0, a^+) \times [0, T) \times \Omega \times (0, +\infty)^2).$$

H3) Les taux de mortalité  $\mu_u(a)$  et  $\mu_v(a)$  sont des fonctions Lebesgue-intégrables telles que

$$\mu_u(a), \mu_v(a) \geq 0 \text{ p. p. dans } (0, a^+).$$

Pour  $z = u, v$ , la quantité

$$\Pi_z(a) = e^{-\int_0^a \mu_z(\tau) d\tau}.$$

est la probabilité de survie de chaque individu à l'âge  $a$ . Donc  $\Pi_z(a^+) = 0$  si

$$\int_0^{a^+} \mu_u(\tau) d\tau = \int_0^{a^+} \mu_v(\tau) d\tau = +\infty.$$

C'est-à-dire les individus  $u$  et  $v$  meurent par l'âge  $a^+$ . Notons que pour  $z = u, v$ ,  $\Pi_z(a) \in L^\infty(0, a^+)$ , (voir par exemple [27]).

H4) Les distributions initiales  $u_0$  et  $v_0$  sont Lebesgue-intégrables et satisfont  $u_0, v_0 \geq 0$  p. p. dans  $[0, a^+) \times \Omega$ .

H5) Nous supposons que la force de l'infection  $\gamma$  et le taux de recouvrement  $\delta$  sont mesurables et non négatifs sur leurs domaines respectifs. En outre, il existe des constantes positives  $\gamma_{\max}, \delta_{\max}$  telles que :

$$\begin{aligned} 0 &< \gamma(a, t, x, P_1, P_2) \leq \gamma_{\max} < +\infty \text{ p. p. } (a, t, x) \in [0, a^+) \times [0, T) \times \Omega, \\ 0 &< \delta(a, t, x) \leq \delta_{\max} < +\infty \text{ p. p. } (a, t, x) \in [0, a^+) \times [0, +\infty) \times \Omega. \end{aligned}$$

**Remarque 3.2.1** Pour  $i = 1, 2$ ,  $f^i$  est  $\alpha_i$ -Lipschitzienne et continue par rapport à  $(u, v)$ . Plus précisément, il existe  $\alpha_i \geq 0$  tel que :

$$\left\| f^i(., t, ., u, v, P_1, P_2) - f^i(., t, ., \bar{u}, \bar{v}, \bar{P}_1, \bar{P}_2) \right\|_{L^1} \leq \alpha_i \left[ \|(u - \bar{u})(., t, .)\| + \|(v - \bar{v})(., t, .)\|_{L^1} \right]$$

En effet, il résulte de H1) que :

$$\left\| f^i(., t, ., u, v, P_1, P_2) - f^i(., t, ., \bar{u}, \bar{v}, \bar{P}_1, \bar{P}_2) \right\|_{L^1} \leq K_i \left[ \|(u - \bar{u})(., t, .)\| + \|(v - \bar{v})(., t, .)\|_{L^1} + \left\| (P_1 - \bar{P}_1)(t, .) \right\|_{L^1} + \left\| (P_2 - \bar{P}_2)(t, .) \right\|_{L^1} \right].$$

Puisque  $P_1(t, x) = \int_0^{a^+} u(a, t, x) da$  et  $P_2(t, x) = \int_0^{a^+} v(a, t, x) da$ , alors

$$\begin{aligned} \left\| (P_1 - \bar{P}_1)(t, .) \right\|_{L^1} &\leq a^+ \|(u - \bar{u})(., t, .)\|_{L^1}, \\ \left\| (P_2 - \bar{P}_2)(t, .) \right\|_{L^1} &\leq a^+ \|(v - \bar{v})(., t, .)\|_{L^1}. \end{aligned}$$

Donc

$$\left\| f^i(., t, ., u, v, P_1, P_2) - f^i(., t, ., \bar{u}, \bar{v}, \bar{P}_1, \bar{P}_2) \right\|_{L^1} \leq \alpha_i \left[ \|(u - \bar{u})(., t, .)\| + \|(v - \bar{v})(., t, .)\|_{L^1} \right].$$

avec  $\alpha_i = K_i(a^+ + 1)$  et a fortiori

$$\left\| f^i(., t, ., u, v, P_1, P_2) \right\|_{L^1} \leq \alpha_i \|(u, v)(., t, .)\|_{L^1}.$$

Notons que pour  $i = 1, 2$ , l'opérateur de diffusion  $A^i = d_i \Delta_x$ , sous les conditions de Neumann, engendre un semi-groupe uniformément bornées  $e^{A^i t}$  et il existe une constante positive  $C_i$  telle que l'inégalité

$$\left\| e^{A^i t} z(., t, .) \right\|_{L^1} \leq C_i \|z(., t, .)\|_{L^1}. \quad (3.3)$$

est satisfaite pour tous  $t \geq 0$ , (voir par exemple le lemme 3, p. 25 dans [64]).

Nous pouvons démontrer maintenant le résultat suivant :

**Proposition 3.2.1** Soit  $T > 0$ . La solution du système (3.2) est la solution du système suivant donné par :

$$\begin{aligned} u(a, t, x) &= \begin{cases} \frac{\Pi_u(a)}{\Pi_u(a-t)} e^{tA^1} u_0(a-t, x) + \int_0^t \frac{\Pi_u(a)e^{(t-s)A^1}}{\Pi_u(a-t+s)} f^1(s+a-t, s, x, u, v, P_1, P_2) ds & \text{si } a > t \\ \Pi_u(a) e^{aA^1} u(0, t-a, x) + \int_{t-a}^t \frac{\Pi_u(a)e^{(t-s)A^1}}{\Pi_u(a-t+s)} f^1(s+a-t, s, x, u, v, P_1, P_2) ds & \text{si } a < t, \end{cases} \\ v(a, t, x) &= \begin{cases} \frac{\Pi_v(a)}{\Pi_v(a-t)} e^{tA^2} v_0(a-t, x) + \int_0^t \frac{\Pi_v(a)e^{(t-s)A^2}}{\Pi_v(a-t+s)} f^2(s+a-t, s, x, u, v, P_1, P_2) ds & \text{si } a > t \\ \Pi_v(a) e^{aA^2} v(0, t-a, x) + \int_{t-a}^t \frac{\Pi_v(a)e^{(t-s)A^2}}{\Pi_v(a-t+s)} f^2(s+a-t, s, x, u, v, P_1, P_2) ds & \text{si } a < t. \end{cases} \end{aligned} \quad (3.4)$$

**Preuve.**

Supposons que  $u$  et  $v$  sont dérivables et vérifient (3.2). Nous intégrons (3.2) le long des lignes caractéristiques  $c = a - t$ , où  $c$  est une constante.

- La technique des caractéristiques (ici on a des demi-droites de pente +1) réduit les deux équations du système (3.2) sur chacune de ces caractéristiques à des équations différentielles ordinaires dont la résolution est simple (voir [43], [61] et [74]). En effet fixons arbitrairement  $(a_0, t_0)$  avec  $a_0 \geq 0$  et  $t_0 \geq 0$ . Posons le changement de fonctions suivant :

$$\begin{aligned}\bar{u}(h, x) & : = u(a_0 + h, t_0 + h, x), \\ \bar{v}(h, x) & : = v(a_0 + h, t_0 + h, x).\end{aligned}$$

Alors les équations du système (3.2) sont approximées par :

$$\begin{aligned}\frac{d\bar{u}}{dh} + \mu_u(a_0 + h) \bar{u} &= A^1 \bar{u} + f^1(a_0 + h, t_0 + h, x, \bar{u}, \bar{v}, \bar{P}_1, \bar{P}_2), \\ \frac{d\bar{v}}{dh} + \mu_v(a_0 + h) \bar{v} &= A^2 \bar{v} + f^2(a_0 + h, t_0 + h, x, \bar{u}, \bar{v}, \bar{P}_1, \bar{P}_2).\end{aligned}\tag{3.5}$$

Multiplications les équations du système (3.5) par leur facteur intégrant correspondant  $e^{\int_0^h \mu_u(a_0+\tau)d\tau}$  et  $e^{\int_0^h \mu_v(a_0+\tau)d\tau}$ , et posons :

$$I(h, x) = e^{\int_0^h \mu_u(a_0+\tau)d\tau} \bar{u}(h, x),$$

$$S(h, x) = e^{\int_0^h \mu_v(a_0+\tau)d\tau} \bar{v}(h, x),$$

$$F_1(a_0 + h, t_0 + h, x, I, S, P_1^I, P_2^S) = e^{\int_0^h \mu_u(a_0+\tau)d\tau} f^1(a_0 + h, t_0 + h, x, \bar{u}, \bar{v}, \bar{P}_1, \bar{P}_2),$$

$$F_2(a_0 + h, t_0 + h, x, I, S, P_1^I, P_2^S) = e^{\int_0^h \mu_v(a_0+\tau)d\tau} f^2(a_0 + h, t_0 + h, x, \bar{u}, \bar{v}, \bar{P}_1, \bar{P}_2).$$

où  $P_1^I$  et  $P_2^S$  représentent les populations totales de I et S respectivement. On peut réécrire donc le système (3.5) comme un problème de Cauchy :

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dI}{dh} = A^1 I + F_1(a_0 + h, t_0 + h, x, I, S, P_1^I, P_2^S), \\ \frac{dS}{dh} = A^2 S + F_2(a_0 + h, t_0 + h, x, I, S, P_1^I, P_2^S), \\ I(0, x) = u(a_0, t_0, x), \\ S(0, x) = v(a_0, t_0, x). \end{array} \right.$$

qui admet comme solution

$$I(h, x) = I(0, x) e^{A^1 h} + \int_0^h e^{A^1(h-s)} F_1(a_0 + s, t_0 + s, x, I, S, P_1^I, P_2^S) ds,$$

$$S(h, x) = S(0, x) e^{A^2 h} + \int_0^h e^{A^2(h-s)} F_2(a_0 + s, t_0 + s, x, I, S, P_1^I, P_2^S) ds.$$

En revenant à  $\bar{u}$  et  $\bar{v}$ , nous obtenons

$$\begin{aligned}\bar{u}(h, x) &= e^{-\int_0^h \mu_u(a_0+\tau) d\tau} \bar{u}(0, x) e^{A^1 h} + \int_0^h e^{-\int_s^h \mu_u(a_0+\tau) d\tau} e^{A^1(h-s)} \\ &\quad \times F_1(a_0 + s, t_0 + s, x, \bar{u}, \bar{v}, \bar{P}_1, \bar{P}_2) ds, \\ \bar{v}(h, x) &= e^{-\int_0^h \mu_v(a_0+\tau) d\tau} \bar{v}(0, x) e^{A^2 h} + \int_0^h e^{-\int_s^h \mu_v(a_0+\tau) d\tau} e^{A^2(h-s)} \\ &\quad \times F_2(a_0 + s, t_0 + s, x, \bar{u}, \bar{v}, \bar{P}_1, \bar{P}_2) ds.\end{aligned}$$

Tout point  $(a, t)$  est atteint par une demi-droite parallèle à la première bissectrice qui part du point  $(a - t, 0)$  si  $a > t$ , du point  $(0, t - a)$  si  $a < t$  et de l'origine si  $t = a$ .

**Pour  $a > t$ , posons :**

$$(a_0, t_0) = (a - t, 0), \quad h = t,$$

donc

$$\begin{aligned}\bar{u}(t, x) &= e^{-\int_0^t \mu_u(a-t+\tau) d\tau} \bar{u}(0, x) e^{A^1 t} + \int_0^t e^{-\int_s^t \mu_u(a-t+\tau) d\tau} e^{A^1(t-s)} \\ &\quad \times F_1(a - t + s, s, x, \bar{u}, \bar{v}, \bar{P}_1, \bar{P}_2) ds, \\ \bar{v}(t, x) &= e^{-\int_0^t \mu_v(a-t+\tau) d\tau} \bar{v}(0, x) e^{A^2 t} + \int_0^t e^{-\int_s^t \mu_v(a-t+\tau) d\tau} e^{A^2(t-s)} \\ &\quad \times F_2(a - t + s, s, x, \bar{u}, \bar{v}, \bar{P}_1, \bar{P}_2) ds.\end{aligned}$$

Après le changement de variable :  $\xi = a - t + \tau$ , nous aurons :

$$\begin{aligned}e^{-\int_0^t \mu_u(a-t+\tau) d\tau} &= \frac{\Pi_u(a)}{\Pi_u(a-t)}, \\ e^{-\int_s^t \mu_u(a-t+\tau) d\tau} &= \frac{\Pi_u(a)}{\Pi_u(a-t+s)}.\end{aligned}$$

Ainsi :

$$\begin{aligned}u(a, t, x) &= \frac{\Pi_u(a)}{\Pi_u(a-t)} e^{tA^1} u_0(a-t, x) + \int_0^t \frac{\Pi_u(a) e^{(t-s)A^1}}{\Pi_u(a-t+s)} \\ &\quad \times f^1(s+a-t, s, x, u, v, P_1, P_2) ds, \\ v(a, t, x) &= \frac{\Pi_v(a)}{\Pi_v(a-t)} e^{tA^2} v_0(a-t, x) + \int_0^t \frac{\Pi_v(a) e^{(t-s)A^2}}{\Pi_v(a-t+s)} \\ &\quad \times f^2(s+a-t, s, x, u, v, P_1, P_2) ds.\end{aligned}$$

**Pour  $a < t$ , posons :**

$$(a_0, t_0) = (0, t - a), \quad h = a.$$

le même raisonnement nous ramène à écrire :

$$\begin{aligned}\bar{u}(a, x) &= e^{-\int_0^a \mu_u(\tau) d\tau} \bar{u}(0, x) e^{A^1 a} + \int_0^a e^{-\int_s^a \mu_u(\tau) d\tau} e^{A^1(a-s)} \\ &\quad \times F_1(s, t-a+s, x, \bar{u}, \bar{v}, \bar{P}_1, \bar{P}_2) ds, \\ \bar{v}(a, x) &= e^{-\int_0^a \mu_v(\tau) d\tau} \bar{v}(0, x) e^{A^2 a} + \int_0^a e^{-\int_s^a \mu_v(\tau) d\tau} e^{A^2(a-s)} \\ &\quad \times F_2(s, t-a+s, x, \bar{u}, \bar{v}, \bar{P}_1, \bar{P}_2) ds.\end{aligned}$$

le changement de variable :  $\xi = t - a + s$ , nous donne :

$$\begin{aligned}u(a, t, x) &= \Pi_u(a) e^{aA^1} u(0, t-a, x) + \int_{t-a}^t \frac{\Pi_u(a) e^{(t-s)A^1}}{\Pi_u(a-t+s)} \\ &\quad \times f^1(s+a-t, s, x, u, v, P_1, P_2) ds, \\ v(a, t, x) &= \Pi_v(a) e^{aA^2} v(0, t-a, x) + \int_{t-a}^t \frac{\Pi_v(a) e^{(t-s)A^2}}{\Pi_v(a-t+s)} \\ &\quad \times f^2(s+a-t, s, x, u, v, P_1, P_2) ds.\end{aligned}$$

En combinant les deux résultats, nous obtenons la solution intégrale du système (3.2) sur les caractéristiques.

Nous allons montrer maintenant l'existence d'une solution au problème (3.2).

**Définition 3.2.1**  $(u, v)$  est dite solution du problème (3.2) pour  $t \in [0, T]$ ,  $T > 0$ ; si

$$u(\cdot, t, \cdot), v(\cdot, t, \cdot) \in L^1([0, a^+] \times \Omega)$$

avec une norme finie dans  $L_r$ , et  $(u, v)$  satisfait le système (3.4).

### 3.3 Existence et unicité de la solution.

Dans cette partie, nous nous intéressons à l'existence et l'unicité des solutions du système (3.2) sous les conditions de Lipschitz. La méthode est basée sur le principe de la contraction du point fixe.

Nous définissons un opérateur  $\phi(u, v) = (\phi_1(u, v), \phi_2(u, v))$ . Nous donnons des conditions dans lesquelles  $\phi$  est une contraction dans un ensemble fermé, convexe  $M$ , à déterminer. La démonstration est fondée sur deux lemmes fondamentaux, le premier, est le lemme de Gronwall qui permet l'estimation d'une fonction possédant une certaine inégalité. Le deuxième lemme, nous donne un résultat d'estimation a priori de la solution  $(u, v)$ .

En utilisant (3.4) et quelques calculs, on arrive à une estimation de la forme :

$$\|(u, v)(\cdot, t, \cdot)\|_{L^1} \leq \mu_1 \|(u_0, v_0)\|_{L^1} + \mu_2 \int_0^t \|(u, v)(\cdot, s, \cdot)\|_{L^1} ds.$$

où  $\mu_1$  et  $\mu_2$  sont des constantes en fonction des données présentées.

**Lemme 3.3.1** Soit  $T > 0$  et  $t \in [0, T)$ . Sous les hypothèses H1) – H5) il existe des constantes positives  $\mu_1, \mu_2$  telles que toute solution  $(u, v)$  du système (3.2) satisfait.

$$\|(u, v)(\cdot, t, \cdot)\|_{L^1} \leq \mu_1 \|(u_0, v_0)\|_{L^1} e^{t\mu_2}.$$

**Preuve.**

La norme de  $u(a, t, x)$  est donnée par :

$$\|u(\cdot, t, \cdot)\|_{L^1} \stackrel{\text{déf}}{=} \int_0^{a^+} \int_{\Omega} |u(a, t, x)| dx da \leq \int_0^t \int_{\Omega} |u(a, t, x)| dx da + \int_t^{a^+} \int_{\Omega} |u(a, t, x)| dx da.$$

L'expression de  $u(a, t, x)$  dans (3.4) nous donne :

$$\|u(\cdot, t, \cdot)\|_{L^1} \leq I_1 + I_2 + I_3 + I_4.$$

tel que

$$\begin{aligned} I_1 &= \int_0^t \int_{\Omega} \left| \lambda e^{aA^1} \int_0^{a^+} \beta_u(s, t-a, x, P_1, P_2) u(s, t-a, x) ds \right| dx da. \\ I_2 &= \int_0^t \int_{\Omega} \int_{t-a}^t \left| e^{(t-s)A^1} f^1(s+a-t, s, x, u, v, P_1, P_2) ds \right| dx da. \\ I_3 &= \int_t^{a^+} \int_{\Omega} \left| e^{tA^1} u_0(a-t, x) \right| dx da. \\ I_4 &= \int_t^{a^+} \int_{\Omega} \int_0^t \left| e^{(t-s)A^1} f^1(s+a-t, s, x, u, v, P_1, P_2) ds \right| dx da. \end{aligned}$$

Nous allons estimer chaque intégrale séparément.

La première intégrale  $I_1$  satisfait

$$\begin{aligned} I_1 &\leq \int_0^t \int_{\Omega} \int_0^{a^+} \left| \lambda e^{aA^1} \beta_u(s, t-a, x, P_1, P_2) u(s, t-a, x) \right| ds dx da \\ &\leq \int_0^t \left\| \lambda e^{aA^1} \beta_u(s, t-a, x, P_1, P_2) u(\cdot, t-a, \cdot) \right\|_{L^1} da, \end{aligned}$$

En utilisant l'estimation (3.3), nous obtenons :

$$I_1 \leq C_1 \|\beta_u\|_{L^\infty} \int_0^t \|u(\cdot, t-a, \cdot)\|_{L^1} da,$$

Faisons le changement de variables  $s = t - a$ ,

$$I_1 \leq C_1 \|\beta_u\|_{L^\infty} \int_0^t \|(u, v)(\cdot, s, \cdot)\|_{L^1} ds.$$

Pour  $I_3$ , nous avons :

$$I_3 = \int_t^{a^+} \int_{\Omega} \left| e^{tA^1} u_0(a-t, x) \right| dx da,$$

Soit  $s = a - t$ , alors :

$$\begin{aligned} I_3 &\leq \int_0^{a^+} \int_{\Omega} \left| e^{tA^1} u_0(s, x) \right| dx ds \\ &\leq \left\| e^{tA^1} u_0 \right\|_{L^1} \\ &\leq C_1 \|u_0\|_{L^1}. \end{aligned}$$

Puisque :

$$I_2 = \int_0^t \int_{\Omega} \int_{t-a}^t \left| e^{(t-s)A^1} f^1(s + a - t, s, x, u, v, P_1, P_2) \right| ds dx da,$$

Le théorème de Fubini implique :

$$I_2 = \int_0^t \int_{\Omega} \int_{t-s}^t \left| e^{(t-s)A^1} f^1(s + a - t, s, x, u, v, P_1, P_2) \right| da dx ds.$$

Pour  $I_4$ , on a :

$$I_4 = \int_t^{a^+} \int_{\Omega} \int_0^t \left| e^{(t-s)A^1} f^1(s + a - t, s, x, u, v, P_1, P_2) \right| ds dx da,$$

En changeant l'ordre d'intégration dans  $I_4$ , il en résulte que :

$$I_4 = \int_0^t \int_{\Omega} \int_t^{a^+} \left| e^{(t-s)A^1} f^1(s + a - t, s, x, u, v, P_1, P_2) \right| da dx ds,$$

Il s'ensuit :

$$I_2 + I_4 \leq \int_0^t \int_{\Omega} \int_{t-s}^{a^+} \left| e^{(t-s)A^1} f^1(s + a - t, s, x, u, v, P_1, P_2) \right| da dx ds.$$

Soit  $\tau = s + a - t$ , alors :

$$\begin{aligned} I_2 + I_4 &\leq \int_0^t \int_{\Omega} \int_0^{a^+} \left| e^{(t-s)A^1} f^1(\tau, s, x, u, v, P_1, P_2) \right| d\tau dx ds \\ &\leq \int_0^t \left\| e^{(t-s)A^1} f^1(\cdot, s, \cdot, u, v, P_1, P_2) \right\|_{L^1} ds \\ &\leq C_1 \int_0^t \left\| f^1(\cdot, s, \cdot, u, v, P_1, P_2) \right\|_{L^1} ds, \end{aligned}$$

L'estimation donnée dans la remarque 3.2.1 donne

$$I_2 + I_4 \leq C_1 \alpha_1 \int_0^t \|(u, v)(\cdot, s, \cdot)\|_{L^1} ds.$$

Enfin, on en déduit que

$$\begin{aligned} \|u(., t, .)\|_{L^1} &\leq C_1 \|u_0\|_{L^1} + C_1 \|\beta_u\|_{L^\infty} \int_0^t \|(u, v)(., s, .)\|_{L^1} ds \\ &\quad + C_1 \alpha_1 \int_0^t \|(u, v)(., s, .)\|_{L^1} ds \\ &= C_1 \|u_0\|_{L^1} + C_1 [\|\beta_u\|_{L^\infty} + \alpha_1] \int_0^t \|(u, v)(., s, .)\|_{L^1} ds. \end{aligned}$$

De même pour  $v(a, t, x)$  on obtient

$$\|v(., t, .)\|_{L^1} \leq C_2 \|v_0\|_{L^1} + C_2 [\|\beta_u\|_{L^\infty} + \|\beta_v\|_{L^\infty} + \alpha_2] \int_0^t \|(u, v)(., s, .)\|_{L^1} ds.$$

Par conséquent, il existe  $\mu_1 \geq 0$  et  $\mu_2 \geq 0$  tels que

$$\|(u, v)(., t, .)\|_{L^1} \leq \mu_1 \|(u_0, v_0)\|_{L^1} + \mu_2 \int_0^t \|(u, v)(., s, .)\|_{L^1} ds.$$

Le reste de la preuve est une conséquence de l'inégalité de Gronwall.

Sous les mêmes hypothèses du lemme 3.3.1, nous avons :

**Théorème 3.3.1** *Le problème (3.4) possède une solution locale unique.*

**Preuve.**

Le lemme précédent implique que pour certaines valeurs positives  $c$  et  $r$ , on a

$$\|(u, v)(., t, .)\|_{L^1} \leq ce^{rt}, \quad t \geq 0,$$

D'où  $(u, v) \in L_r$  pour un certain  $r > 0$ .

On définit l'opérateur  $\phi(u, v) = (\phi_1(u, v), \phi_2(u, v))$  comme suit :

**pour  $a > t$**

$$\phi_1(u, v) = \frac{\Pi_u(a)}{\Pi_u(a-t)} e^{tA^1} u_0(a-t, x) + \int_0^t \frac{\Pi_u(a) e^{(t-s)A^1}}{\Pi_u(a-t+s)} f^1(s+a-t, s, x, u, v, P_1, P_2) ds,$$

$$\phi_2(u, v) = \frac{\Pi_v(a)}{\Pi_v(a-t)} e^{tA^2} v_0(a-t, x) + \int_0^t \frac{\Pi_v(a) e^{(t-s)A^2}}{\Pi_v(a-t+s)} f^2(s+a-t, s, x, u, v, P_1, P_2) ds.$$

**pour  $a < t$ ,**

$$\phi_1(u, v) = \Pi_u(a) e^{aA^1} u(0, t-a, x) + \int_{t-a}^t \frac{\Pi_u(a) e^{(t-s)A^1}}{\Pi_u(a-t+s)} f^1(s+a-t, s, x, u, v, P_1, P_2) ds,$$

$$\phi_2(u, v) = \Pi_v(a) e^{aA^2} v(0, t-a, x) + \int_{t-a}^t \frac{\Pi_v(a) e^{(t-s)A^2}}{\Pi_v(a-t+s)} f^2(s+a-t, s, x, u, v, P_1, P_2) ds.$$



— **L'opérateur  $\phi$  est défini de  $L_r$  dans  $L_r$  pour  $r$  assez grand.**

En effet si  $(u, v) \in L_r$  alors  $\|(u, v)(\cdot, t, \cdot)\|_{L^1} e^{-rt} \leq c$  pour certain  $c > 0$ . Cela donne en particulier que

$$\|(u_0, v_0)\|_{L^1} \leq c.$$

Puisque

$$\|\phi(u, v)\|_{L^1} \leq \mu_1 \|(u_0, v_0)\|_{L^1} + \mu_2 \int_0^t \|(u, v)(\cdot, s, \cdot)\|_{L^1} ds.$$

donc

$$\begin{aligned} \|\phi(u, v)\|_{L^1} &\leq \mu_1 c + \frac{\mu_2 c}{r} \int_0^t r e^{rs} ds \\ &\leq \mu_1 c + \frac{\mu_2 c}{r} (e^{rt} - 1) \\ &\leq \mu_1 c e^{rt} + \frac{\mu_2 c}{r} e^{rt} \\ &= \left( \mu_1 + \frac{\mu_2}{r} \right) c e^{rt} \\ &\leq c e^{rt} \quad \text{pour } r \geq \frac{\mu_2}{1 - \mu_1}. \end{aligned}$$

Il en résulte que pour  $r$  assez grand

$$\sup_{0 \leq t \leq T} \|\phi(u, v)\|_{L^1} e^{-rt} < \infty.$$

Dans la suite, nous montrons qu'il existe un  $r$  strictement positif tel que  $\phi$  est une contraction dans  $L_r$ .

—  **$\phi$  est une contraction stricte de  $L_r$  dans  $L_r$  pour certain  $r > 0$ .**

En effet, soient  $(u, v)$  et  $(\bar{u}, \bar{v})$  dans  $L_r$ , alors  $\bar{P}_1(t, x) = \int_0^{a^+} \bar{u}(a, t, x) da$  et  $\bar{P}_2(t, x) = \int_0^{a^+} \bar{v}(a, t, x) da$ .

$$\begin{aligned} \|\phi_1(u, v) - \phi_1(\bar{u}, \bar{v})\|_{L^1} &\stackrel{\text{déf}}{=} \int_0^{a^+} \int_{\Omega} |\phi_1(u, v) - \phi_1(\bar{u}, \bar{v})| dx da \\ &\leq \int_0^t \int_{\Omega} |\phi_1(u, v) - \phi_1(\bar{u}, \bar{v})| dx da \\ &\quad + \int_t^{a^+} \int_{\Omega} |\phi_1(u, v) - \phi_1(\bar{u}, \bar{v})| dx da. \end{aligned}$$

En remplaçant  $\phi_1$  par son expression (dans chaque cas  $a < t$  et  $a > t$ ), nous obtenons :

$$\|\phi_1(u, v) - \phi_1(\bar{u}, \bar{v})\|_{L^1} \leq I_1 + I_2 + I_3.$$

Avec

$$\begin{aligned} I_1 &= \int_0^t \int_{\Omega} \left| e^{aA^1} \int_0^{a^+} \beta_u(s, t-a, x, P_1, P_2) [u(s, t-a, x) - \bar{u}(s, t-a, x)] ds \right| dx da. \\ I_2 &= \int_0^t \int_{\Omega} \left| \int_{t-a}^t e^{(t-s)A^1} [f^1(s+a-t, s, x, u, v, P_1, P_2) - f^1(s+a-t, s, x, \bar{u}, \bar{v}, \bar{P}_1, \bar{P}_2)] ds \right| dx da. \\ I_3 &= \int_t^{a^+} \int_{\Omega} \left| \int_0^t e^{(t-s)A^1} [f^1(s+a-t, u, v, P_1, P_2) - f^1(s+a-t, s, x, \bar{u}, \bar{v}, \bar{P}_1, \bar{P}_2)] ds \right| dx da. \end{aligned}$$

Considérons l'intégrale  $I_1$  :

$$\begin{aligned} I_1 &= \int_0^t \int_{\Omega} \left| e^{aA^1} \int_0^{a^+} \beta_u(s, t-a, x, P_1, P_2) [u(s, t-a, x) - \bar{u}(s, t-a, x)] ds \right| dx da \\ &\leq \int_0^t \int_{\Omega} \int_0^{a^+} \left| e^{aA^1} \beta_u(s, t, x, P_1, P_2) [u(s, t-a, x) - \bar{u}(s, t-a, x)] \right| ds dx da \\ &\leq \int_0^t \left\| e^{aA^1} \beta_u(s, t-a, x, P_1, P_2) [u(\cdot, t-a, \cdot) - \bar{u}(\cdot, t-a, \cdot)] \right\|_{L^1} da \\ &\leq C_1 \|\beta_u\|_{L^\infty} \int_0^t \|u(\cdot, t-a, \cdot) - \bar{u}(\cdot, t-a, \cdot)\|_{L^1} da. \end{aligned}$$

Soit  $\tau = t - a$ , donc

$$I_1 \leq C_1 \|\beta_u\|_{L^\infty} \int_0^t \|u(\cdot, \tau, \cdot) - \bar{u}(\cdot, \tau, \cdot)\|_{L^1} d\tau,$$

Ceci implique que :

$$\begin{aligned} I_1 &\leq C_1 \|\beta_u\|_{L^\infty} \int_0^t e^{-\tau r} e^{\tau r} \|u(\cdot, \tau, \cdot) - \bar{u}(\cdot, \tau, \cdot)\|_{L^1} d\tau \\ &\leq C_1 \|\beta_u\|_{L^\infty} \sup_{0 \leq \tau \leq T} e^{-\tau r} \|u(\cdot, \tau, \cdot) - \bar{u}(\cdot, \tau, \cdot)\|_{L^1} \int_0^t e^{\tau r} d\tau \\ &\leq C_1 \|\beta_u\|_{L^\infty} \sup_{0 \leq \tau \leq T} e^{-\tau r} \|u(\cdot, \tau, \cdot) - \bar{u}(\cdot, \tau, \cdot)\|_{L^1} \frac{1}{r} (e^{tr} - 1) \\ &\leq C_1 \|\beta_u\|_{L^\infty} \sup_{0 \leq \tau \leq T} e^{-\tau r} \|u(\cdot, \tau, \cdot) - \bar{u}(\cdot, \tau, \cdot)\|_{L^1} \frac{e^{tr}}{r}. \end{aligned}$$

Par conséquent, pour  $t$  positif, nous avons :

$$I_1 \leq C_1 \|\beta_u\|_{L^\infty} \|u(\cdot, \tau, \cdot) - \bar{u}(\cdot, \tau, \cdot)\|_{L^r} \frac{e^{tr}}{r},$$

et

$$I_1 \leq C_1 \|\beta_u\|_{L^\infty} \|(u, v) - (\bar{u}, \bar{v})\|_{L^r} \frac{e^{tr}}{r}.$$

Maintenant, considérons l'intégrale  $I_2$ .

$$I_2 = \int_0^t \int_{\Omega} \left| \int_{t-a}^t e^{(t-s)A^1} [f^1(s+a-t, s, x, u, v, P_1, P_2) - f^1(s+a-t, s, x, \bar{u}, \bar{v}, \bar{P}_1, \bar{P}_2)] ds \right| dx da.$$

Le théorème de Fubini implique que :

$$I_2 = \int_0^t \int_{\Omega} \int_{t-s}^t \left| e^{(t-s)A^1} [f^1(s+a-t, s, x, u, v, P_1, P_2) - f^1(s+a-t, s, x, \bar{u}, \bar{v}, \bar{P}_1, \bar{P}_2)] \right| da dx ds.$$

Pour l'intégrale  $I_3$ , nous avons :

$$\begin{aligned} I_3 &\stackrel{\text{déf}}{=} \int_t^{a^+} \int_{\Omega} \left| \int_0^t e^{(t-s)A^1} [f^1(s+a-t, s, x, u, v, P_1, P_2) - f^1(s+a-t, s, x, \bar{u}, \bar{v}, \bar{P}_1, \bar{P}_2)] ds \right| dx da \\ &= \int_0^t \int_{\Omega} \int_t^{a^+} \left| e^{(t-s)A^1} [f^1(s+a-t, s, x, u, v, P_1, P_2) - f^1(s+a-t, s, x, \bar{u}, \bar{v}, \bar{P}_1, \bar{P}_2)] \right| da dx ds. \end{aligned}$$

Faisons la somme des deux intégrales  $I_2$  et  $I_3$ , pour avoir :

$$I_2 + I_3 = \int_0^t \int_{\Omega} \int_{t-s}^{a^+} \left| e^{(t-s)A^1} [f^1(s+a-t, s, x, u, v, P_1, P_2) - f^1(s+a-t, s, x, \bar{u}, \bar{v}, \bar{P}_1, \bar{P}_2)] \right| da dx ds.$$

Posons  $\tau = s + a - t$ .

$$I_2 + I_3 = \int_0^t \int_{\Omega} \int_0^{a^+} \left| e^{(t-s)A^1} [f^1(\tau, x, u, v, P_1, P_2) - f^1(\tau, s, x, \bar{u}, \bar{v}, \bar{P}_1, \bar{P}_2)] \right| d\tau dx ds,$$

donc

$$I_2 + I_3 = \int_0^t \left\| e^{(t-s)A^1} [f^1(\cdot, s, \cdot, u, v, P_1, P_2) - f^1(\cdot, s, \cdot, \bar{u}, \bar{v}, \bar{P}_1, \bar{P}_2)] \right\|_{L^1} ds,$$

et

$$I_2 + I_3 \leq C_1 \alpha_1 \int_0^t \|(u, v)(\cdot, t, \cdot) - (\bar{u}, \bar{v})(\cdot, t, \cdot)\|_{L^1} ds,$$

Utilisons la norme  $L_r$ , pour obtenir :

$$\begin{aligned} I_2 + I_3 &\leq C_1 \alpha_1 \int_0^t e^{-sr} e^{sr} \|(u, v)(\cdot, t, \cdot) - (\bar{u}, \bar{v})(\cdot, t, \cdot)\|_{L^1} ds \\ &\leq C_1 \alpha_1 \sup_{0 \leq s \leq T} e^{-sr} \|(u, v)(\cdot, t, \cdot) - (\bar{u}, \bar{v})(\cdot, t, \cdot)\|_{L^1} \int_0^t e^{sr} ds \\ &\leq C_1 \alpha_1 \|(u, v) - (\bar{u}, \bar{v})\|_{L^r} \left( \frac{e^{rt}}{r} \right), \end{aligned}$$

Par conséquent :

$$I_2 + I_3 \leq C_1 \alpha_1 \left( \frac{e^{tr}}{r} \right) \|(u, v) - (\bar{u}, \bar{v})\|_{L_r}.$$

Nous avons enfin :

$$\|\phi_1(u, v) - \phi_1(\bar{u}, \bar{v})\|_{L^1} \leq C_1 \frac{e^{tr}}{r} (\|\beta_u\|_{L^\infty} + \alpha_1) \|(u, v) - (\bar{u}, \bar{v})\|_{L_r},$$

ce qui donne :

$$\|\phi_1(u, v) - \phi_1(\bar{u}, \bar{v})\|_{L^1} e^{-tr} \leq \frac{C_1}{r} (\|\beta_u\|_{L^\infty} + \alpha_1) \|(u, v) - (\bar{u}, \bar{v})\|_{L_r}.$$

D'une manière similaire pour  $\phi_2$ , on a :

$$\|\phi_2(u, v) - \phi_2(\bar{u}, \bar{v})\|_{L^1} e^{-tr} \leq \frac{C_2}{r} [\sup\{\|\beta_u\|_{L^\infty}, \|\beta_v\|_{L^\infty}\} + \alpha_2] \|(u, v) - (\bar{u}, \bar{v})\|_{L_r}.$$

d'où

$$\|\phi(u, v) - \phi(\bar{u}, \bar{v})\|_{L_r} \leq \frac{w}{r} \|(u, v) - (\bar{u}, \bar{v})\|_{L_r}.$$

pour une certaine constante  $w > 0$ , où

$$w = \sup\{C_1 (\|\beta_u\|_{L^\infty} + \alpha_1), C_2 [\sup\{\|\beta_u\|_{L^\infty}, \|\beta_v\|_{L^\infty}\} + \alpha_2]\}$$

Il est clair, que  $\phi$  est une contraction stricte pour  $r$  assez grand (en particulier pour  $r > w$ ).

Maintenant, Soit  $M$  un ensemble fermé défini par :

$$M = \{(u, v) : \|(u, v)(\cdot, t, \cdot)\|_{L^1} \leq \mu_1 c e^{rt}, t \geq 0\}.$$

Notons que  $M \subset L_r$  pour chaque  $r > 0$ .

— **L'opérateur  $\phi$  satisfait  $\phi(M) \subset M$ .**

En effet, puisque

$$\|\phi(u, v)\|_{L^1} \leq \mu_1 \|(u_0, v_0)\|_{L^1} + \mu_2 \int_0^t \|(u, v)(\cdot, s, \cdot)\|_{L^1} ds,$$

si  $(u, v) \in M$  alors :

$$\begin{aligned} \|\phi(u, v)\|_{L^1} &\leq \mu_1 c + \frac{\mu_2 \mu_1 c}{r} \int_0^t r e^{rs} ds \\ &\leq \mu_1 c + \frac{\mu_2 \mu_1 c}{r} (e^{rt} - 1) \\ &\leq \mu_1 c e^{rt}. \end{aligned}$$

pour  $r$  assez grand.

Cela permet de conclure que l'opérateur  $\phi$  admet un point fixe unique dans  $M$ .

Les hypothèses sur les conditions initiales impliquent que le point fixe n'est pas trivial.

### 3.4 Solution globale dans $L^1$ .

Nous nous intéressons dans cette section à l'existence globale de la solution  $(u, v)$  dans l'espace  $L^1$ . La démonstration fait appel à plusieurs arguments fondamentaux. Nous commençons tout d'abord par un résultat de continuité de la solution par rapport au temps, en effet nous montrons que toute solution  $(u, v)$  dans  $L^T$  admet une extension dans un intervalle plus large. Nous définissons ensuite l'intervalle maximal d'existence de la solution suivi d'un lemme caractérisant une solution locale. Nous démontrons en dernier lieu le théorème d'existence globale de la solution.

**Proposition 3.4.1** Soient  $(u_0, v_0) \in L^1$  et  $T, \hat{T} > 0$ . Soit  $(u, v) \in L^T = C([0, T]; L^1)$  une solution du système (3.4) dans l'intervalle  $[0, T]$ .

On définit  $(\hat{u}, \hat{v}) \in L^{\hat{T}}$  un prolongement continu de la solution  $(u, v)$  dans  $[T, T + \hat{T}]$  tel que

$$\begin{aligned} u(., t, x) &= \hat{u}(., t - T, x), \\ v(., t, x) &= \hat{v}(., t - T, x). \end{aligned}$$

et  $(\hat{u}, \hat{v})$  est donnée par :

Pour  $a > t$

$$\begin{aligned} \hat{u}(a, t, x) &= \frac{\Pi_u(a)}{\Pi_u(a-t)} e^{tA^1} u(a-t, T, x) + \int_0^t \frac{\Pi_u(a)}{\Pi_u(a-t+s)} e^{(t-s)A^1} \\ &\quad \times f^1(s+a-t, s+T, x, \hat{u}, \hat{v}, \hat{P}_1, \hat{P}_2) ds, \\ \hat{v}(a, t, x) &= \frac{\Pi_v(a)}{\Pi_v(a-t)} e^{tA^2} v(a-t, T, x) + \int_0^t \frac{\Pi_v(a)}{\Pi_v(a-t+s)} e^{(t-s)A^2} \\ &\quad \times f^2(s+a-t, s+T, x, \hat{u}, \hat{v}, \hat{P}_1, \hat{P}_2) ds. \end{aligned}$$

et pour  $a < t$

$$\begin{aligned} \hat{u}(a, t, x) &= \lambda \Pi_u(a) e^{aA^1} \int_0^{a^+} \beta_u(s) \hat{u}(s, t-a, x) ds + \int_{t-a}^t \frac{\Pi_u(a)}{\Pi_u(a-t+s)} e^{(t-s)A^1} \\ &\quad \times f^1(s+a-t, s+T, x, \hat{u}, \hat{v}, \hat{P}_1, \hat{P}_2) ds, \\ \hat{v}(a, t, x) &= \Pi_v(a) e^{aA^2} \int_0^{a^+} \beta_v(s) \hat{v}(s, t-a, x) + (1-\lambda) \beta_u(s) \hat{u}(s, t-a, x) ds \\ &\quad + \int_{t-a}^t \frac{\Pi_u(a)}{\Pi_u(a-t+s)} e^{(t-s)A^2} f^2(s+a-t, s+T, x, \hat{u}, \hat{v}, \hat{P}_1, \hat{P}_2) ds. \end{aligned}$$

Alors  $(u, v) \in L^{T+\hat{T}}$  est une solution de (3.2) dans  $[0, T + \hat{T}]$ .

**Preuve.**

Nous procédons comme dans [1].

Puisque  $(u, v)$  est solution du système (3.4) dans l'intervalle  $[0, T]$ , il suffit de vérifier qu'elle reste solution pour tout  $t \in [T, T + \hat{T}]$ . Pour cela nous allons distinguer trois cas selon la

position de  $a$  :  $a \in (0, t - T)$ ,  $a \in (t - T, t)$  et  $a \in (t, a^+)$ .

Soit  $T \leq t \leq T + \hat{T}$ .

— **Cas :  $0 \leq a < t - T$ .**

$$\begin{aligned} u(a, t, x) &= \hat{u}(a, t - T, x) \\ &= \lambda \Pi_u(a) e^{aA^1} \int_0^{a^+} \beta_u(s) \hat{u}(s, t - T - a, x) ds + \int_{(t-T-a)}^{t-T} \frac{\Pi_u(a)}{\Pi_u(a - t + T + s)} \\ &\quad \times e^{(t-T-s)A^1} f^1(s + a - t + T, s + T, x, \hat{u}, \hat{v}, \hat{P}_1, \hat{P}_2) ds. \end{aligned}$$

Utilisons le fait que  $u(\cdot, t, x) = \hat{u}(\cdot, t - T, x)$  et faisons un changement de variables  $\tau = s + T$  dans la deuxième intégrale, nous obtenons

$$\begin{aligned} u(a, t, x) &= \lambda \Pi_u(a) e^{aA^1} \int_0^{a^+} \beta_u(s) u(s, t - a, x) ds + \int_{t-a}^t \frac{\Pi_u(a)}{\Pi_u(a - t + s)} e^{(t-s)A^1} \\ &\quad \times f^1(s + a - t, s, x, u, v, P_1, P_2) ds. \end{aligned}$$

— **Cas :  $t - T \leq a < t$ .**

$$u(a, t, x) = \hat{u}(a, t - T, x)$$

Prenons l'expression de  $\hat{u}(\cdot, t, x)$ , en tenant compte du fait que  $a \geq t - T$ . Nous écrivons donc :

$$\begin{aligned} u(a, t, x) &= \frac{\Pi_u(a)}{\Pi_u(a - t + T)} e^{(t-T)A^1} u(a - t + T, T, x) + \int_0^{t-T} \frac{\Pi_u(a)}{\Pi_u(a - t + T + s)} e^{(t-T-s)A^1} \\ &\quad \times f^1(s + a - t - T, s + T, x, \hat{u}, \hat{v}, \hat{P}_1, \hat{P}_2) ds. \end{aligned}$$

Remplaçons l'expression de  $u(a - t + T, T, x)$  pour  $a < t$ .

$$\begin{aligned} u(a, t, x) &= \frac{\Pi_u(a)}{\Pi_u(a - t + T)} e^{(t-T)A^1} \left[ \lambda \Pi_u(a - t + T) e^{(a-t+T)A^1} \int_0^{a^+} \beta_u(s) u(s, t - a, x) ds \right. \\ &\quad \left. + \int_{t-a}^t \frac{\Pi_u(a - t + T)}{\Pi_u(a - t + s)} e^{(T-s)A^1} f^1(s + a - t, s + T, x, u, v, P_1, P_2) ds \right] \\ &\quad + \int_0^{t-T} \frac{\Pi_u(a)}{\Pi_u(a - t + T + s)} e^{(t-T-s)A^1} f^1(s + a - t - T, s + T, x, \hat{u}, \hat{v}, \hat{P}_1, \hat{P}_2) ds. \end{aligned}$$

Alors en posant  $\tau = s + T$ , nous aurons :

$$\begin{aligned} u(a, t, x) &= \lambda \Pi_u(a) e^{aA^1} \int_0^{a^+} \beta_u(s) u(s, t - a, x) ds + \int_{t-a}^T \frac{\Pi_u(a)}{\Pi_u(a - t + s)} e^{(t-s)A^1} \\ &\quad \times f^1(s + a - t, s, x, u, v, P_1, P_2) ds \\ &\quad + \int_T^t \frac{\Pi_u(a)}{\Pi_u(a - t + s)} e^{(t-s)A^1} f^1(s + a - t, s, x, u, v, P_1, P_2) ds. \end{aligned}$$

En regroupant les deux dernières intégrales, nous obtenons :

$$u(a, t, x) = \lambda \Pi_u(a) e^{aA^1} \int_0^{a^+} \beta_u(s) u(s, t-a, x) ds + \int_{t-a}^t \frac{\Pi_u(a)}{\Pi_u(a-t+s)} e^{(t-s)A^1} \\ \times f^1(s+a-t, s, x, u, v, P_1, P_2) ds.$$

— **Cas :  $a \geq t$ .**

$$u(a, t, x) = \hat{u}(a, t-T, x) \\ = \frac{\Pi_u(a)}{\Pi_u(a-t+T)} e^{(t-T)A^1} u(a-t+T, T, x) + \int_0^{t-T} \frac{\Pi_u(a)}{\Pi_u(a-t+T+s)} e^{(t-T-s)A^1} \\ \times f^1(s+a-t+T, s+T, x, \hat{u}, \hat{v}, \hat{P}_1, \hat{P}_2) ds.$$

Remplaçons l'expression de  $u(a-t+T, T, x)$  pour  $a \geq t$ .

$$u(a, t, x) = \frac{\Pi_u(a)}{\Pi_u(a-t+T)} e^{(t-T)A^1} \left[ \frac{\Pi_u(a-t+T)}{\Pi_u(a-t)} e^{TA^1} u_0(a-t, x) + \right. \\ \left. \int_0^T \frac{\Pi_u(a-t+T)}{\Pi_u(a-t+s)} e^{(T-s)A^1} f^1(s+a-t, s, x, u, v, P_1, P_2) ds \right] \\ + \int_0^{t-T} \frac{\Pi_u(a)}{\Pi_u(a-t+T+s)} e^{(t-T-s)A^1} f^1(s+a-t+T, s+T, x, \hat{u}, \hat{v}, \hat{P}_1, \hat{P}_2) ds.$$

On conclut après le changement de variables  $\tau = s+T$  que

$$u(a, t, x) = \frac{\Pi_u(a)}{\Pi_u(a-t)} e^{tA^1} u_0(a-t, x) + \int_0^t \frac{\Pi_u(a)}{\Pi_u(a-t+s)} e^{(t-s)A^1} \\ f^1(s+a-t, s, x, u, v, P_1, P_2) ds.$$

Notons que les mêmes techniques de calcul, sont valables pour  $v(a, t, x)$ .

Donc  $(u, v)$  est solution du système (3.4) pour tout  $t \in [0, T + \hat{T}]$ .

Donnons la définition d'un intervalle maximal d'existence d'une solution et un lemme qui caractérise une solution locale.

**Définition 3.4.1** Soit  $(u_0, v_0) \in L^1[0, a^+] \times \Omega$ . On appelle intervalle maximal d'existence de la solution  $[0, T_{max}]$ , l'intervalle ayant la propriété suivante : si  $0 < T < T_{max}$  alors il existe  $(u, v) \in L^T$  solution de (3.4) dans  $[0, T]$ .

**Proposition 3.4.2** Soit  $(u_0, v_0) \in L^1[0, a^+] \times \Omega$ , et soit  $(u, v)$  une solution du (3.4) dans l'intervalle  $[0, T_{max})$ . Alors sous les hypothèses H1)- H5), nous avons

si  $T_{max} < +\infty$  alors  $\lim_{t \rightarrow T_{max}} \|(u, v)(\cdot, t, \cdot)\|_{L^1} = +\infty$ .

**Preuve.**

Soit  $[0, T_{max}]$  l'intervalle maximal d'existence de la solution.

Raisonnons par l'absurde et supposons que  $T_{max} < +\infty$ , et qu'il existe  $r > 0$  tel que  $\|(u, v)\|_{L^1} \leq r$  pour tout  $t \in [0, T_{max})$ , alors il existe  $T \in [0, T_{max})$  tel que  $(u, v)$  est une solution de (3.4) dans l'intervalle  $[0, T]$ .

D'après la proposition précédente on peut définir  $(\hat{u}, \hat{v}) \in L^{\hat{T}}$  un prolongement continu de la solution  $(u, v)$  dans  $[T, T + \hat{T}]$  avec  $\hat{T} > 0$ .

Prenons par exemple  $\hat{T} = T_{max} - \frac{T}{2} > 0$ . La même proposition permet de conclure que  $(u, v)$  est une solution du (3.4) dans  $[0, T + \hat{T}] = [0, T_{max} + \frac{T}{2}]$ , cela contredit la maximalité de l'intervalle  $[0, T_{max}]$ .

Ainsi notre hypothèse est fautive, donc si  $T_{max} < +\infty$  alors  $\lim_{t \rightarrow T_{max}} \|(u, v)(\cdot, t, \cdot)\|_{L^1} = +\infty$ .

Donnons maintenant le théorème de l'existence globale de la solution de (3.4).

**Théorème 3.4.1** Supposons les hypothèses de la proposition 3.4.2. Alors  $(u, v)$  est une solution du problème (3.4) pour tout  $t \in [0, +\infty)$ .

**Preuve**

Montrons que  $T_{max} = \infty$ , supposons par absurde que  $T_{max} < \infty$ , alors :

$$\lim_{t \rightarrow T_{max}} \|(u, v)(\cdot, t, \cdot)\|_{L^1} = +\infty.$$

D'après le lemme 3.3.1, nous avons :

$$\lim_{t \rightarrow T_{max}} \|(u, v)(\cdot, t, \cdot)\|_{L^1} \leq \lim_{t \rightarrow T_{max}} \mu_1 \|(u_0, v_0)\|_{L^1} e^{t\mu_2},$$

Par conséquent :

$$+\infty \leq \mu_1 \|(u_0, v_0)\|_{L^1} e^{T_{max}\mu_2} < +\infty.$$

Nous obtenons une contradiction et nous concluons que  $T_{max} = \infty$ .

### 3.5 Dépendance continue de la solution par rapport aux conditions initiales.

Le résultat suivant démontre que la solution dépend continûment de la condition initiale  $(u_0, v_0)$ . Prenons deux solutions  $(u, v)$  et  $(\bar{u}, \bar{v})$  du problème (3.4) sur  $[0, T)$  avec des conditions initiales  $(u_0, v_0)$  et  $(\bar{u}_0, \bar{v}_0)$ , respectivement, alors :



**Proposition 3.5.1 (Dépendance continue).** *Pour certaines constantes positives  $\mu_1$  et  $\mu_2$ , nous avons :*

$$\|((u, v) - (\bar{u}, \bar{v}))(\cdot, t, \cdot)\|_{L^1} \leq \mu_1 \|((u_0, v_0) - (\bar{u}_0, \bar{v}_0))\|_{L^1} e^{t\mu_2}.$$

**Preuve.**

La preuve est similaire à celle donnée pour le lemme 3.3.1.

### 3.6 Positivité de la solution.

Soit  $L_+^1$  le cône positif de  $L^1$ . Supposons que H6) est vérifiée.

H6) : Il existe un réel  $\theta > 0$  tel que pour tout  $(u, v) \in L_+^1 \times L_+^1$  :

$$\begin{aligned} u + \theta f^1(a, t, x, u, v, P_1, P_2) &\geq 0, \\ v + \theta f^2(a, t, x, u, v, P_1, P_2) &\geq 0. \end{aligned}$$

**Théorème 3.6.1** *Si H1)-H6) sont satisfaites, alors la solution du problème (3.4) vérifie  $(u, v) \in L_+^1 \times L_+^1$ .*

**preuve.**

Selon Busenberg et al. [15], nous pouvons réécrire le problème (3.2) comme suit :

$$\begin{cases} Du + \mu_u(a)u = (A^1 - \frac{1}{\theta})u + \frac{1}{\theta}(u + \theta f^1(a, t, x, u, v, P_1, P_2)), \\ Dv + \mu_v(a)v = (A^2 - \frac{1}{\theta})v + \frac{1}{\theta}(v + \theta f^2(a, t, x, u, v, P_1, P_2)). \end{cases} \quad (3.6)$$

où  $\theta$  est choisi comme précédemment dans H6). Posons

$$\Psi_1(a, t, x, u, v, P_1, P_2, s) := \frac{\Pi_u(a)}{\theta \Pi_u(a-t+s)} e^{-\frac{(t-s)}{\theta}} e^{(t-s)A^1} [u + \theta f^1(s+a-t, s, x, u, v, P_1, P_2)],$$

$$\Psi_2(a, t, x, u, v, P_1, P_2, s) := \frac{\Pi_v(a)}{\theta \Pi_v(a-t+s)} e^{-\frac{(t-s)}{\theta}} e^{(t-s)A^2} [v + \theta f^2(s+a-t, s, x, u, v, P_1, P_2)].$$

Alors, la solution correspondante  $(u, v)$  vérifie le système suivant :

$$\begin{aligned} u(a, t, x) &= \begin{cases} \frac{\Pi_u(a)e^{-\frac{t}{\theta}}e^{tA^1}}{\Pi_u(a-t)}u_0(a-t, x) + \int_0^t \Psi_1(a, t, x, u, v, P_1, P_2, s)ds & \text{si } a > t \\ \Pi_u(a)e^{-\frac{a}{\theta}}e^{aA^1}u(0, t-a, x) + \int_{t-a}^t \Psi_1(a, t, x, u, v, P_1, P_2, s)ds & \text{si } a < t, \end{cases} \\ v(a, t, x) &= \begin{cases} \frac{\Pi_v(a)e^{-\frac{t}{\theta}}e^{tA^2}}{\Pi_v(a-t)}v_0(a-t, x) + \int_0^t \Psi_2(a, t, x, u, v, P_1, P_2, s)ds & \text{si } a > t \\ \Pi_v(a)e^{-\frac{a}{\theta}}e^{aA^2}v^n(0, t-a, x) + \int_{t-a}^t \Psi_2(a, t, x, u, v, P_1, P_2, s)ds & \text{si } a < t. \end{cases} \end{aligned} \quad (3.7)$$

Puisque la solution (3.4) du problème (3.2) est obtenue par le théorème de la contraction du point fixe, alors elle correspond à la limite d'une suite itérative  $(u^n, v^n)$  donnée par

$$u^{n+1}(a, t, x) = \begin{cases} \frac{\Pi_u(a)}{\Pi_u(a-t)} e^{-\frac{t}{\theta}} e^{tA^1} u_0(a-t, x) + \int_0^t \Psi_1(a, t, x, u^n, v^n, P_1^n, P_2^n, s) ds & \text{si } a > t \\ \Pi_u(a) e^{-\frac{a}{\theta}} e^{aA^1} u^n(0, t-a, x) + \int_{t-a}^t \Psi_1(a, t, x, u^n, v^n, P_1^n, P_2^n, s) ds & \text{si } a < t, \end{cases} \quad (3.8)$$

$$v^{n+1}(a, t, x) = \begin{cases} \frac{\Pi_v(a)}{\Pi_v(a-t)} e^{-\frac{t}{\theta}} e^{tA^2} v_0(a-t, x) + \int_0^t \Psi_2(a, t, x, u^n, v^n, P_1^n, P_2^n, s) ds & \text{si } a > t \\ \Pi_v(a) e^{-\frac{a}{\theta}} e^{aA^2} v^n(0, t-a, x) + \int_{t-a}^t \Psi_2(a, t, x, u^n, v^n, P_1^n, P_2^n, s) ds & \text{si } a < t. \end{cases}$$

Avec

$$P_1^n(t, x) = \int_0^{a^+} u^n(a, t, x) da,$$

et

$$P_2^n(t, x) = \int_0^{a^+} v^n(a, t, x) da.$$

Le semi groupe  $e^{tA^1}$  est positif, et  $u^n \in L_+^1$ , donc

$$\frac{\Pi_u(a)}{\Pi_u(a-t)} e^{-\frac{t}{\theta}} e^{tA^1} u_0(a-t, x), \Pi_u(a) e^{-\frac{a}{\theta}} e^{aA^1} u^n(0, t-a, x) \in L_+^1$$

et

$$\frac{\Pi_u(a)}{\theta \Pi_u(a-t+s)} e^{-\frac{(t-s)}{\theta}} e^{(t-s)A^1} [u^n + \theta f^1(s+a-t, s, x, u^n, v^n, P_1^n, P_2^n)] \in L_+^1.$$

(De même pour  $v^n \in L_+^1$ ).

Ainsi  $u^{n+1}(a, t, x)$  et  $v^{n+1}(a, t, x)$  sont des combinaisons linéaires convexes de deux éléments de  $L_+^1$ .

Il en résulte que  $(u^{n+1}, v^{n+1}) \in L_+^1 \times L_+^1$  et par conséquent  $u, v \geq 0$ .

**Exemple 3.6.1** *Considérons le modèle (3.2) avec*

$$\begin{aligned} f^1(a, t, x, u, v, P_1, P_2) &= \gamma(a, t, x, P_1, P_2) v - \delta(a, t, x) u, \\ f^2(a, t, x, u, v, P_1, P_2) &= -\gamma(a, t, x, P_1, P_2) v + \delta(a, t, x) u. \end{aligned}$$

Le système s'écrit donc sous la forme :

$$\left\{ \begin{array}{l} \partial_t u + \partial_a u + \mu_u(a) u = d_1 \Delta_x u + \gamma(a, t, x, P_1, P_2) v - \delta(a, t, x) u, \\ \partial_t v + \partial_a v + \mu_v(a) v = d_2 \Delta_x v - \gamma(a, t, x, P_1, P_2) v + \delta(a, t, x) u, \\ u(0, t, x) = \lambda \int_0^{a^+} \beta_u(a, t, x, P_1, P_2) u(a, t, x) da, \\ v(0, t, x) = \int_0^{a^+} \beta_v(a, t, x, P_1, P_2) v(a, t, x) + (1 - \lambda) \beta_u(a, t, x, P_1, P_2) u(a, t, x) da, \\ u(a, 0, x) = u_0(a, x), \\ v(a, 0, x) = v_0(a, x), \\ \frac{\partial u}{\partial \eta} = 0, \\ \frac{\partial v}{\partial \eta} = 0. \end{array} \right. \quad (3.9)$$

**Proposition 3.6.1** *Le modèle (3.9) admet une unique solution globale, et positive  $(u, v) \in L_+^1 \times L_+^1$ .*

**Preuve.**

D'après le théorème 3.4.1, les hypothèses H1)-H5), qui sont satisfaites pour le système (3.9), assurent l'existence globale et l'unicité de la solution. Il suffit donc, montrer la positivité de cette solution.

Il est évident qu'il existe un certain nombre  $\theta > 0$  tel que si

$$\theta = \min \left( \frac{1}{\delta_{\max}}, \frac{1}{\gamma_{\max}} \right)$$

alors pour tout  $(u, v) \in L_+^1 \times L_+^1$  nous avons H6) i.e :

$$\begin{aligned} u + \theta f^1(a, t, x, u, v, P_1, P_2) &\geq 0, \\ v + \theta f^2(a, t, x, u, v, P_1, P_2) &\geq 0. \end{aligned}$$

Il résulte du théorème 3.6.1, que la solutions correspondante est positive.

Ainsi le modèle (3.9) possède une solution unique globale et positive  $(u, v) \in L_+^1 \times L_+^1$ .

### 3.7 Conclusion et perspectives.

L'épidémiologie spatiale est devenue un sujet important visant à analyser la propagation des maladies infectieuses. Dans cette partie, nous avons étudié un modèle décrivant la propagation des maladies infectieuses. La transmission est à la fois horizontale et verticale. Nous avons supposé que la force de l'infection et les taux de natalité dépendent des populations totales des infectées et des susceptibles,  $P_1$  et  $P_2$  respectivement. Les équations sont du type intégro-différentiel. Grâce à des conditions appropriées sur les données telles que les fonctions démographiques et épidémiques, nous avons donné une preuve directe que le modèle est bien posé et nous avons étudié l'existence de solutions grâce au théorème de point fixe et la théorie des semi-groupes. Cependant, l'approche est applicable à une grande variété de modèles de dynamique des populations. Il est encore un problème ouvert intéressant si le système admet des états d'équilibre stables. En outre, le comportement asymptotique n'est pas encore connu.

Pour plus de simplicité, on a supposé que le taux de mortalité  $\mu = \mu(a)$  est une fonction de l'âge seulement, et le taux de recouvrement  $\delta = \delta(a, t, x)$  est une fonction de l'âge  $a$ , le temps  $t$  et l'espace  $x$ , les mêmes résultats restent vrais quand ils sont fonctions de  $P_1$  et  $P_2$ , c'est à dire  $\mu = \mu(a, P_1, P_2)$  et  $\delta = \delta(a, t, x, P_1, P_2)$ . Nous allons examiner ce cas dans un prochain travail.

**Deuxième partie**  
**Systemes proie-prédateur**

# Chapitre 4

## Introduction générale sur les systèmes proie-prédateur.

### Sommaire

---

4.1 Modèles de croissance. . . . .	55
4.2 Modèles proie-prédateurs. . . . .	55

---

## 4.1 Modèles de croissance.

Les premiers modèles de croissance de population datent de la fin du 18<sup>ème</sup> siècle. Citons en particulier le modèle de Malthus, qui était un économiste. Il disait que si elle n'est pas freinée, une population s'accroît géométriquement. Ceci se traduit par une équation discrète de la forme :  $P_{n+1} = \lambda P_n$ , avec  $P_{n+1}$  représentant la taille de la population au temps  $n + 1$  et  $\lambda$  désigne le paramètre malthusien, appelé aussi raison géométrique. Suivant les valeurs de  $\lambda$  par rapport à 1, la population diminue ( $\lambda < 1$ ), ou elle devient constante ( $\lambda = 1$ ), ou encore elle augmente de manière exponentielle ( $\lambda > 1$ ). Ce modèle peut s'écrire aussi en temps continu. Dans ce cas l'équation régissant la population est de la forme :  $\dot{P}(t) = rP(t)$ , où  $P(t)$  est la taille de la population et  $r$  son taux de croissance. La solution de cette équation est  $\dot{P}(t) = P_0 e^{rt}$ . Dans ce cas continu c'est la position de  $r$  par rapport à 0 qui donne le sens de variation de  $P(t)$ . Si  $r < 0$ , la taille de la population diminue, si  $r = 0$ , la population reste constante et si  $r > 0$ , la population augmente de manière exponentielle, qui est loin de la réalité, sachant que les ressources sont limitées.

Des phénomènes d'auto régularisation vont donc se mettre en place. Ces phénomènes sont pris en compte dans le modèle de Verhulst (1838), appelé aussi modèle à croissance logistique. Ce modèle, en temps continu, se présente sous la forme d'une équation différentielle :  $\dot{P}(t) = rP(1 - \frac{P}{K})$ , avec  $r$  le taux croissance de la population et  $K$  la capacité d'accueil du milieu, c'est-à-dire le nombre d'individus maximal que le milieu peut supporter en tenant compte de l'espace, des ressources ect... Une population à croissance logistique tend toujours vers  $K$ , quelque soit la densité de population initiale ( $P_0 > 0$ ).

L'inconvénient du modèle de Verhulst est qu'il ne prend pas en compte le fait que lorsque les individus d'une espèce sont en nombre assez petit, il arrive qu'il n'y a pas les partenaires sexuels et alors la population disparaît. Ce phénomène est dit effet Allee. Ces modèles sont de la forme :  $\dot{P}(t) = a_1 P + a_2 P^2 + a_3 P^3$ . Dans ce cas, la population tend vers  $K$  dès qu'elle dépasse un certain seuil sinon, elle disparaît.

## 4.2 Modèles proie-prédateurs.

Les populations ne vivent pas isolées et sont donc en interactions entre elles. La plupart des modèles d'interactions que l'on utilise actuellement sont basés sur les modèles de Lotka et Volterra.

Alfred Lotka (1880-1949), était un chimiste, démographe, écologiste et mathématicien. Vito Volterra (1860-1940) était un mathématicien.

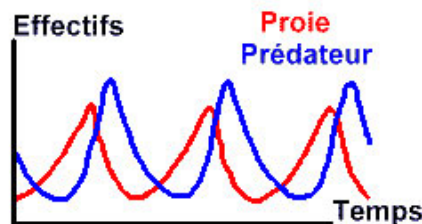
Le système proie-prédateur a été imaginé par Volterra en 1925 pour modéliser l'évolution des sardines (comme proie) et des requins (comme prédateur) dans la mer Adriatique. Un modèle similaire a été développé par Lotka, un scientifique américain à la même époque. Ce modèle se présente sous la forme de deux équations différentielles :

$$\begin{cases} \dot{x} = ax - bxy \\ \dot{y} = cxy - dy \end{cases} \quad (x(0), y(0)) = (x_0, y_0), \quad x_0, y_0 > 0$$

avec :

- $x$ : densité de proies.
- $y$ : densité des prédateurs.
- $a$ : taux de croissance des proies.
- $b$ : taux d'attaque pour un prédateur par unité de temps.
- $c$ : taux de conversion de biomasse.
- $d$ : taux de mortalité des prédateurs.

L'analyse mathématique de ce système permet d'obtenir les états d'équilibre du modèle et leur stabilité. Le modèle prévoit des trajectoires cycliques qui définissent des oscillations des densités des populations de proie et de prédateur décalées dans le temps. De telles oscillations ont été observées dans la nature dans le célèbre système lynx - lièvres des neiges de la baie d'Hudson où les populations de lynx présentent des oscillations de période 10 ans en retard de celles des populations de lièvre (Stenseth et al. 1998). Ces oscillations (visibles sur la figure 1) admettent l'interprétation biologique suivante : si au début on suppose que les deux populations des proies et des prédateurs sont en nombre très faible, alors les proies tendent à se multiplier assez vite car les rencontres proies-prédateurs sont très rares. Quand le nombre de proies augmente, les prédateurs trouvent plus de nourriture. Leur nombre croît plus rapidement qu'avant. Par conséquent, les proies diminuent et les rencontres entre prédateurs et proies se raréfient. Le nombre de prédateurs commence alors à diminuer à cause du manque de nourriture et par conséquent le nombre de proies augmente, et ainsi de suite.



Ce modèle proie-prédateurs ou encore modèle de Lotka-Volterra, joue encore aujourd'hui un rôle déterminant en dynamique des populations et est considéré comme un modèle de base.

Les modèles proie-prédateur ont été étudiés mathématiquement depuis la publication des travaux de Lotka-Volterra. Les principes de ce modèle, la conservation de la masse et de la décomposition des taux de changement dans les processus de naissance et de décès sont restés valables jusqu'à aujourd'hui et de nombreux écologistes adhèrent à ces principes.

Des modifications se sont limitées à remplacer la fonction de croissance malthusienne, la consommation du prédateur ou la mortalité du prédateur par des fonctions plus complexes telles que la croissance logistique, les réponses fonctionnelles de Holling type I, II et III ou les taux de mortalité dépendante de la densité.

Les réponses fonctionnelles mentionnées dépendent tous de l'abondance de proie  $N$  seulement, mais bientôt, il s'est avéré que l'abondance des prédateurs  $P$  peut influencer sur cette fonction (Curds et Cockburn, 1968 ; Hassell et Varley, 1969 ; Sel, 1974). Par la suite,



plusieurs modèles ont été développés incorporant cet effet (Hassell et Varley 1969 ; DeAngelis et al., 1975 ; Beddington, 1975). Cependant, ces modèles exigent généralement plusieurs paramètres et leur analyse est complexe. Par conséquent, ils sont, d'un côté, rarement utilisés en écologie appliquée et, de l'autre côté, ils ont reçu peu d'attention dans la littérature mathématique. Une façon simple d'intégrer la dépendance des prédateurs dans la réponse fonctionnelle a été proposé par Arditi et Ginzburg (1989) qui ont considéré cette réponse comme une fonction du rapport  $\frac{N}{P}$ , consommateurs/ressources. L'hypothèse principale est que la dynamique du système est régie par la quantité de nourriture disponible par consommateur. Le ratio proie-prédateur a été intégré dans la réponse fonctionnelle (Arditi & Ginzburg 1989) pour résoudre deux problèmes du modèle proie-dépendant : les paradoxes de l'enrichissement et du contrôle biologique.

Dans le domaine biologique, les modèles proies prédateurs de type ratio dépendant posent un déficit concernant leurs dynamiques proche de l'origine. Ceci est dû au fait que la réponse fonctionnelle n'est pas définie à l'origine donc elle ne peuvent être linéarisées autour de ce point.

La réponse fonctionnelle, définie comme la consommation moyenne des proies par un prédateur par unité de temps, joue un rôle crucial dans la modélisation mathématique des interactions proies-prédateurs. Depuis les travaux pionniers de Lotka -Volterra, de nombreuses contributions ont été faites pour l'améliorer. L'interférence mutuelle entre les prédateurs a été introduite par Hassel et Varley (1969), DeAngelis (1975), et Beddington (1975), nous renvoyons le lecteur à Auger 2010 [7], Bandyopadhyay et Chattopadhyay 2005 [8], Garay et al. 2015 [26], Haque 2011 [31] et les références incluses.

Le phénomène d'extinction représente une préoccupation majeure pour les écologistes. Si la réponse fonctionnelle n'est pas définie à l'origine, il est vital de chercher la meilleure méthode qui nous permettra d'observer les propriétés des modèles ratio dépendants et de surmonter les problèmes de continuité liés à la réponse fonctionnelle.

Le modèle proie-prédateur ratio-dépendant général d'Arditi & Ginzburg (1989) est le suivant :

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = f(x)x - g\left(\frac{x}{y}\right)y, \\ \frac{dy}{dt} = eg\left(\frac{x}{y}\right) - dy. \end{cases}$$

avec

- $x(\cdot)$  : densité des proies,
- $y(\cdot)$  : densité des prédateurs,
- $f(x)$  : la croissance de la proie en absence de prédateurs,
- $g\left(\frac{x}{y}\right)$  : la fonction trophique ou la réponse fonctionnelle,
- $e$  : l'efficacité de la conversion prédatrice,
- $d$  : taux de mortalité des prédateurs en absence de proies.

Lorsque la prédation évolue, le processus de recherche dépend du modèle proie-prédateur le plus approprié i.e celui d'Arditi et Ginzburg 1989,

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = \alpha x - \frac{mxy}{ax+by}, \\ \frac{dy}{dt} = \frac{emxy}{ax+by} - dy. \end{cases}$$

La fonction trophique est  $g\left(\frac{x}{y}\right) = \frac{m\left(\frac{x}{y}\right)}{a\left(\frac{x}{y}\right)+b}$ .

Il est supposé que les prédateurs passent un certain temps  $a$  de rencontre avec les proies, et gaspillent un temps  $b$  avec d'autres prédateurs et aussi que la proie a une croissance Malthusienne  $\alpha x$ . La croissance Malthusienne permet d'identifier les cas dans lesquels la stabilité est uniquement due à la prédation. L'analyse de ce modèle est complexe en raison de son comportement singulier à l'origine, voir Kuang 1999, Hsu 2001 [34] et les références citées.

# Chapitre 5

## Effet des fluctuations environnementales sur une interaction proie-prédateur.

### Sommaire

---

5.1	Présentation du modèle. . . . .	60
5.2	Compatibilité du système biologique. . . . .	61
5.3	Analyse mathématique et résultat principal. . . . .	62
5.4	Simulation numérique . . . . .	65
5.5	Conclusion et perspectives. . . . .	65

---

Cette partie est une présentation d'un article soumis :

S. M. Bouguima, S. Fekih, **Effect of environmental fluctuations on a prey-predator interaction**, International Journal of Biomathematics(IJB).

Un modèle plus réaliste considère la variation de l'environnement. L'effet de la fluctuation du niveau des eaux sur un modèle proie-prédateur ratio-dépendant n'a pas été étudié dans la littérature. La fluctuation des eaux peut augmenter l'extinction de l'espèce. Le but de cette partie est d'étudier ce risque. Récemment, dans [17] les auteurs ont étudiés l'effet de la variation des niveaux des eaux sur les espèces de poissons dans le lac de Pareloup dans le sud de la France. Ils ont considéré le système suivant :

$$\begin{cases} \frac{dG}{dt} = -\min\left(\frac{r(t)G(t)}{B(t)+D}, \gamma_B\right)B(t) + \gamma_G G(t) - m_G (G(t))^2, \\ \frac{dB}{dt} = \tau_B \min\left(\frac{r(t)G(t)}{B(t)+D}, \gamma_B\right)B(t) - m_B B(t). \end{cases}$$

avec  $r(\cdot)$  est une fonction de  $\mathbb{R}^+$  dans  $\mathbb{R}^+$ , 1-périodique. Le modèle tient compte de la compétition des prédateurs. Les auteurs ont montré qu'il existe une solution périodique positive. Il y a survie de l'espèce sous certaines conditions. En particulier, si le niveau des eaux est élevé, il y a un risque de la disparition des prédateurs.

Dans [9], les auteurs ont considéré une fonction réponse de type Beddington-DeAngelis. L'approche est faite de point de vue, points d'équilibre du système.

Dans cette thèse, nous étudions une interaction plus complexe entre les espèces des garçons comme proie et les espèces de brochets comme prédateur, en considérant une réponse fonctionnelle d'Arditi - Ginzburg. Cependant, nous ne discutons pas ici la signification écologique générale de cette classe de modèles, mais nous étudions plutôt une caractéristique mathématique particulière de ce modèle : Le comportement autour de l'origine  $(0,0)$ , (où ces modèles ne sont pas directement définis) et ses implications sur le comportement global. Des comportements dynamiques intéressants comme l'extinction des populations peuvent se produire.

## 5.1 Présentation du modèle.

Notons  $G(t)$  et  $B(t)$  respectivement les biomasses de la proie et du prédateur à l'instant  $t$ . Quand un prédateur attaque une proie, il a accès à une certaine quantité de nourriture en fonction du niveau des eaux. Lorsque le niveau des eaux baisse, le prédateur est plus en contact avec la proie. Soit  $r$  le paramètre de l'accessibilité de la proie. La valeur minimale de  $r$  est atteinte au printemps et la valeur maximale est atteinte au cours de l'automne. Notons respectivement par  $\gamma_G$  et  $\gamma_B$  les taux de consommation maximums de ressources de la proie et du prédateur. Le prédateur a besoin d'une quantité  $\gamma_B$  pour sa nourriture, mais il a accès à une quantité :

$$\frac{rG(t)}{B(t) + hG(t)}.$$

Cela donne la mesure dans laquelle l'environnement assure la protection de la proie. On suppose que les prédateurs passent quelque temps de rencontre  $h$  avec les proies. Par conséquent, la quantité de nourriture reçue par le prédateur est :

$$\min\left(\frac{rG(t)}{B(t)+hG(t)}, \gamma_B\right).$$

Notons  $\tau_B$  le taux de conversion de la proie consommée par le prédateur en biomasse, et  $m_G, m_B$ , les taux de consommation de biomasse par le métabolisme de la proie et du prédateur, respectivement. Le modèle est

$$\begin{cases} \frac{dG}{dt} = -\min\left(\frac{rG(t)}{B(t)+hG(t)}, \gamma_B\right)B(t) + \gamma_G G(t) - m_G G(t) = F_1(G, B), \\ \frac{dB}{dt} = \tau_B \min\left(\frac{rG(t)}{B(t)+hG(t)}, \gamma_B\right)B(t) - m_B B(t) = F_2(G, B). \end{cases} \quad (5.1)$$

Nous allons montrer que le niveau des eaux affecte grandement la dynamique des interactions proies-prédateurs.

### Organisation de ce chapitre.

Nous commençons par l'étude de l'existence globale et de la positivité de solutions. Nous discutons ensuite l'existence des équilibres et leur stabilité suivie de quelques simulations numériques. Nous terminons par une brève conclusion.

## 5.2 Compatibilité du système biologique.

Avant de se lancer dans une analyse détaillée, nous assurons que le modèle admet une solution unique globale et positive. À l'intérieur du cône positif, les fonctions  $F_1$  et  $F_2$  sont localement Lipschitziennes.

**Théorème 5.2.1** *Le système (5.1) possède une solution unique, globale et positive  $(G, B)$  pour toute valeur initiale  $G_0, B_0 > 0$ .*

#### Preuve.

Pour  $t \geq 0$ , considérons le système suivant :

$$\begin{cases} \frac{du}{dt} = -\min\left(\frac{re^u}{B(t)+he^u}, \gamma_B\right)e^{-u}B(t) + \gamma_G - m_G, \\ \frac{dB}{dt} = \tau_B \min\left(\frac{re^u}{B(t)+he^u}, \gamma_B\right)B(t) - m_B B(t). \end{cases} \quad (5.2)$$

avec des conditions initiales  $(u(0) = \ln G(0), B(0))$ . Il est clair que les coefficients de (5.2) sont localement Lipschitziens, donc il existe une solution locale unique  $(u(t), B(t))$  de (5.2) dans  $(0, T_{\max})$ , où  $T_{\max}$  est le temps maximal de l'existence de la solution. Par conséquent  $(G(t) = e^{u(t)}, B(t))$  est la solution positive locale unique du système (5.1).

De plus  $T_{\max} = +\infty$ . En effet, à partir de (5.1), nous avons :

$$\frac{dB}{dt} \leq (\gamma_B \tau_B - m_B) B(t).$$

Cela implique que

$$B(t) \leq B_0 e^{(\gamma_B \tau_B - m_B)t}.$$

De même, nous avons

$$\frac{dG}{dt} \leq (\gamma_G - m_G)G(t),$$

et le principe de comparaison basé sur le lemme de Gronwall implique que

$$G(t) \leq G_0 e^{(\gamma_G - m_G)t}.$$

**Remarque 5.2.1** *La preuve précédente montre que lorsque la croissance maximale nette,  $\gamma_B \tau_B - m_B$  du prédateur est négative, alors le prédateur va à l'extinction, indépendamment du niveau des eaux, et si  $\gamma_G - m_G$  est négative, alors la proie va à l'extinction et le prédateur aussi.*

### 5.3 Analyse mathématique et résultat principal.

Soient  $G_0, B_0 > 0$ , les densités initiales respectives de la proie et du prédateur. Nous supposons que

$$H.1) \tau_B \gamma_B - m_B > \gamma_G - m_G.$$

$$H.2) m_B + \gamma_G - m_G < r.$$

**Théorème 5.3.1** *Sous les conditions H.1) et H.2), l'équilibre  $(0, 0)$  est localement asymptotiquement stable dans une région où  $G_0$  est suffisamment petite par rapport à  $B_0$ .*

La preuve sera donnée en plusieurs étapes.

**Remarque 5.3.1** *La condition H.2) montre que si le niveau des eaux est assez bas, alors il existe un risque de l'effondrement du stock des proies et des prédateurs.*

**Proposition 5.3.1** *Sous la condition*

$$\tau_B \gamma_B - m_B > \gamma_G - m_G,$$

*pour toute solution  $(G, B)$  avec  $B \neq 0$ , il existe  $t_0 > 0$  tel que pour tout  $t > t_0$ ,*

$$rG(t) < \gamma_B (B(t) + hG(t)).$$

**Preuve.**

Raisonnons par l'absurde et supposons qu'il existe une solution  $(G, B)$  telle que pour tout  $t > t_0$ ,

$$rG(t) \geq \gamma_B (B(t) + hG(t)).$$

Puisque

$$\frac{rG(t)}{B(t) + hG(t)} \geq \gamma_B,$$

Alors

$$\min \left( \frac{rG(t)}{B(t) + hG(t)}, \gamma_B \right) = \gamma_B.$$

Il en résulte que

$$\frac{dB}{dt} = \tau_B \gamma_B B(t) - m_B B(t),$$

et

$$B(t) = B_0 \exp(\tau_B \gamma_B - m_B) t.$$

Maintenant, de l'équation de la proie, nous obtenons

$$\frac{dG}{dt} = -\gamma_B B(t) - m_G G(t) + \gamma_G G(t).$$

Cela implique que

$$\begin{aligned} G(t) &= G_0 [\exp - (m_G - \gamma_G) t] \\ &\quad - \frac{\gamma_B B_0 \exp(\gamma_G - m_G) t}{(\tau_B \gamma_B - m_B + m_G - \gamma_G)} [\exp(\tau_B \gamma_B - m_B + m_G - \gamma_G) t - 1] \\ &= \left[ G_0 + \frac{\gamma_B B_0}{(\tau_B \gamma_B - m_B + m_G - \gamma_G)} \right] \exp[(\gamma_G - m_G) t] \\ &\quad - \frac{\gamma_B B_0}{(\tau_B \gamma_B - m_B + m_G - \gamma_G)} \exp(\tau_B \gamma_B - m_B) t. \end{aligned}$$

D'où la différence

$$\begin{aligned} rG(t) - \gamma_B (B(t) + hG(t)) &= (r - \gamma_B h) G(t) - \gamma_B B(t) = \\ K(G_0, B_0) [\exp - (m_G - \gamma_G) t] - L(B_0) [\exp(\tau_B \gamma_B - m_B) t]. \end{aligned}$$

Avec

$$\begin{aligned} K(G_0, B_0) &= (r - \gamma_B h) \left[ G_0 + \frac{\gamma_B B_0}{(\tau_B \gamma_B - m_B + m_G - \gamma_G)} \right], \\ L(B_0) &= \left[ \frac{(r - \gamma_B h)}{(\tau_B \gamma_B - m_B + m_G - \gamma_G)} + 1 \right] \gamma_B B_0. \end{aligned}$$

Ici les quantités  $K(G_0, B_0)$  et  $L(B_0)$  sont indépendants de  $t$ , lorsque  $t$  tend vers  $+\infty$ , alors la différence tend vers  $-\infty$ . Il en résulte qu'il existe  $t_d > t_0$  tels que  $rG(t) - \gamma_B (B(t) + hG(t)) < 0$ . Ceci est une contradiction et il existe  $t_0 > 0$  tel que pour tout  $t > t_0$ ,

$$rG(t) < \gamma_B (B(t) + hG(t)).$$

Cela achève la démonstration.

Ainsi, le système devient un modèle proie-prédateur classique

$$\begin{cases} \frac{dG}{dt} = -r \frac{GB}{B+hG} + \gamma_G G - m_G G \\ \frac{dB}{dt} = \tau_B r \frac{GB}{B+hG} - m_B B \end{cases} \quad (5.3)$$

Notons que  $\lim_{(G,B) \rightarrow (0,0)} \frac{GB}{B+hG} = 0$ . En effet, en considérant les coordonnées polaires :

$$\begin{aligned} G &= r \sin \theta \\ B &= r \cos \theta \\ r &= \sqrt{G^2 + B^2} \text{ et } \theta \in ]0, 2\pi[. \end{aligned}$$

nous remarquons que  $(G, B) \rightarrow (0, 0)$  quand  $r$  tend vers 0, de plus

$$\begin{aligned} \lim_{(G,B) \rightarrow (0,0)} \frac{GB}{B+hG} &= \lim_{r \rightarrow 0} \frac{r \sin \theta \cos \theta}{\cos \theta + h \sin \theta} \\ &= 0 \text{ car } \frac{\sin \theta \cos \theta}{\cos \theta + h \sin \theta} \in \mathbb{R}. \end{aligned}$$

Par conséquent, on définit  $g_0(G, B) = \frac{GB}{B+hG}$  en  $(0, 0)$  par  $g_0(0, 0) = 0$ .

Les isoclines sont des lignes droites qui passent par l'origine  $(0, 0)$ , qui est le seul équilibre du système (5.3).

**Proposition 5.3.2** *Si  $\gamma_G - m_G < 0$ , alors  $(G(t), B(t)) \rightarrow (0, 0)$  quand  $t \rightarrow +\infty$ .*

**Preuve.**

D'après le système (5.3), si  $\gamma_G - m_G < 0$  alors  $\frac{dG}{dt} < 0$ , et puisque  $G$  est positive et majorée par une fonction qui tend vers 0 quand  $t$  tend vers  $+\infty$ ,

$$G(t) \leq G_0 e^{(\gamma_G - m_G)t}.$$

alors  $G \rightarrow 0$ , quand  $t \rightarrow +\infty$ .

L'équation de  $B$  nous donne

$$\frac{dB}{dt} \leq (\tau_B r G - m_B) B.$$

D'après le principe de comparaison, on a

$$B(t) \leq B_0 \exp(\tau_B r G - m_B) t.$$

Donc  $B(t) \rightarrow 0$ , quand  $t \rightarrow +\infty$ .

**Remarque 5.3.2** *Si la croissance maximale nette de la proie  $\gamma_G - m_G$  est négative, alors il y aura l'extinction de la proie, suivie par l'extinction du prédateur.*

*La stabilité locale d'un équilibre peut être étudiée par l'analyse de la matrice jacobienne du système. A l'équilibre  $(0, 0)$ , la matrice jacobienne du système (5.3) ne peut pas être calculée directement puisque le système est singulier en  $(0, 0)$ . Selon une approche proposée dans [38], nous allons étudier le système  $(\frac{G}{B}, B)$ .*

Posons  $L := \frac{G}{B}$ , nous avons le système

$$\begin{cases} \frac{dL}{dt} = \frac{-rL(1+\tau_B L)}{1+hL} + (m_B + \gamma_G - m_G)L, \\ \frac{dB}{dt} = \tau_B r \frac{LB}{1+hL} - m_B B. \end{cases} \quad (5.4)$$

*Le seul équilibre sur l'axe  $L$  est  $(0, 0)$ . Les valeurs propres de la matrice jacobienne sont  $(m_B + \gamma_G - m_G - r)$  et  $(-m_B)$ . L'équilibre  $(0, 0)$  est stable pour le système (5.4) si  $m_B + \gamma_G - m_G < r$ . Sinon, il est instable.*

**Proposition 5.3.3** *Supposons que  $m_B + \gamma_G - m_G < r$ , alors l'équilibre  $(0, 0)$  est localement asymptotiquement stable dans une région où  $G_0$  est suffisamment petite par rapport à  $B_0$ .*

**Preuve.**

Pour une population initiale du prédateur  $B_0$ , fixe et petite, si le rapport  $\frac{G_0}{B_0}$  est petit, alors  $L$  et  $B \rightarrow 0$  quand  $t \rightarrow +\infty$ . Donc  $G = L.B \rightarrow 0$  quand  $t \rightarrow +\infty$ .



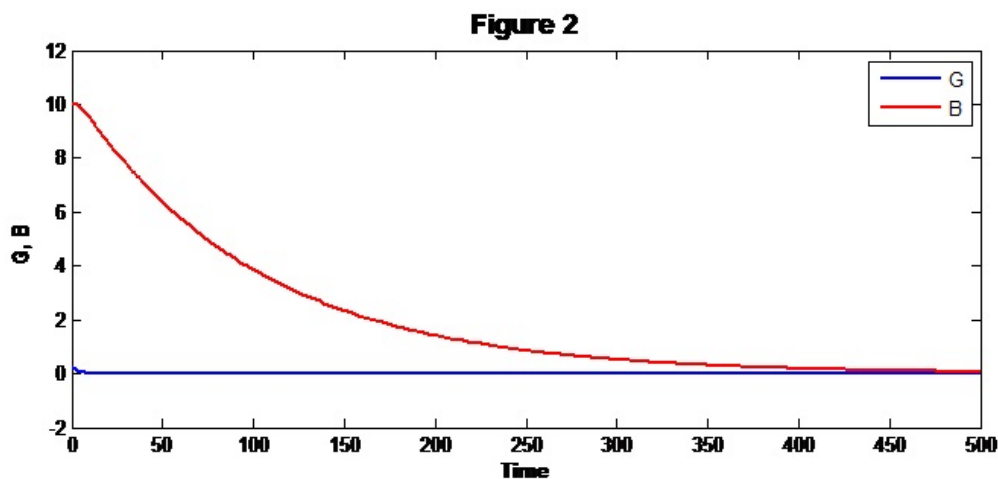
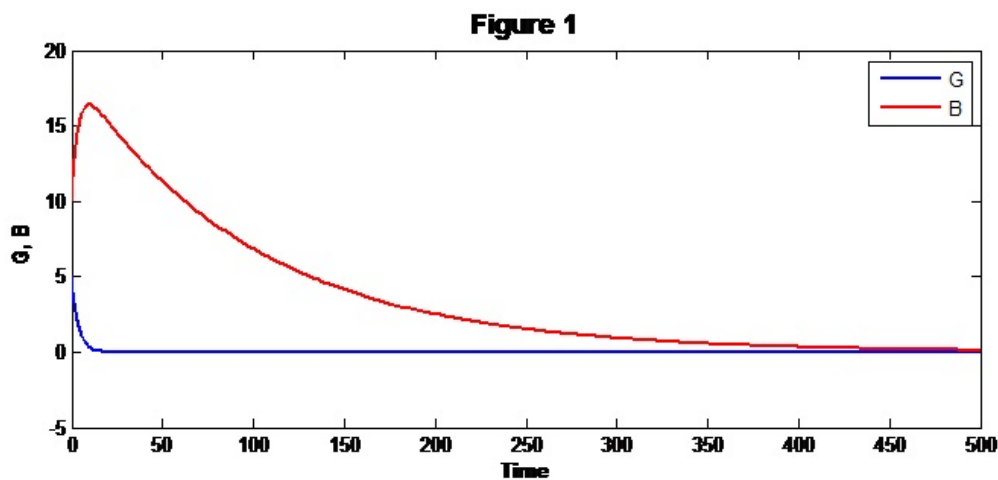
## 5.4 Simulation numérique

Pour illustrer les résultats théoriques, nous donnons quelques simulations numériques. Les paramètres du modèle sont

$$\tau_B = 0.8, \quad h = 0.2, \quad m_B = 0.01, \quad r = 0.6, \quad \gamma_B = 0.8, \quad B_0 = 10$$

Figure 1 illustre le cas lorsque  $\gamma_G - m_G < 0$ . Les valeurs des paramètres sont :  $m_G = 0.3, \gamma_G = 0.2, G_0 = 5$ .

Figure 2 illustre le cas où  $\gamma_G - m_G > 0$ , et  $m_B + \gamma_G - m_G < r$ . Les valeurs des paramètres sont :  $m_G = 0.2, \gamma_G = 0.5, G_0 = 0.3$ .



## 5.5 Conclusion et perspectives.

Un modèle mathématique ratio dépendant est effectué pour représenter la dynamique proie-prédateur lorsque la variation du niveaux des eaux se produit. Le modèle montre que la survie des espèces dépend des paramètres biologiques et écologiques.

Nous avons prouvé que lorsque la croissance maximale nette du prédateur est négative, alors le prédateur va à l'extinction indépendamment du niveau des eaux.

De même, si la croissance nette maximale de la proie est négative alors la proie et le prédateur vont à l'extinction. La présente étude montre que la dynamique du système dépend fortement de la fluctuation des niveaux des eaux. Il a été observé que lorsque le niveau des eaux est assez bas, à la fois, les proies et les prédateurs vont à l'extinction pour des conditions initiales appropriées. Ainsi, le programme gestion du lac et du barrage peut avoir des impacts négatifs sur la survie des espèces. L'équilibre  $(0,0)$  peut avoir plusieurs comportements en fonction des valeurs des paramètres et les conditions initiales. Les figures illustrent le résultat d'analyse obtenu dans les propositions 5.3.2 et 5.3.3. En raison d'un manque de données réelles, nous avons utilisé des valeurs théoriques. Figure 1 montre le cas lorsque  $\gamma_G - m_G < 0$  et à la fois prédateur et proie vont à l'extinction. Figure 2 explique l'extinction lorsque le niveau de l'eau est suffisamment élevée  $m_B + \gamma_G - m_G < r$ .

Il devrait être intéressant d'étudier le comportement global de  $(0,0)$  et de déterminer avec précision le bassin d'attraction.

# Bibliographie

- [1] B. E. Ainseba, *Age-dependent population dynamics diffusive systems*, Discrete. Contin. Dyn. Syst. Ser. B. 4 (2004), pp 1233-1247. [31](#), [45](#)
- [2] B. E. Ainseba, S. Anita, M. Langlais, *Optimal control for a nonlinear age-structured population dynamics model*, Electron. J. Differential Equations. vol 2002 (2002), no 28, pp 1-9. [27](#)
- [3] B. E. Ainseba, S. Anita, *Local exact controllability of the age-dependent population dynamics with diffusion*, Abstr. Appl. Anal, 6 (2001), no 6, pp 357- 368. [27](#)
- [4] R. M. Anderson, R. M. May, *Infectious Diseases of Humans : Dynamics and Control*, "Oxford Univ. Press," Oxford, U. K, (1991). [32](#)
- [5] S. Anita, *Analysis and Control of Age-Dependent Population Dynamics*, Kluwer, Dordrecht, (2000). [22](#)
- [6] O. Arino, *A survey of structured cell populations*, Acta Biotheoretica 43 (1995), pp 3-25. [22](#), [23](#)
- [7] P. Auger, C. Lett, J. C. Poggiale, *Modélisation Mathématique en Ecologie : cours et exercices corrigés*. Dunod. Paris, (2010). [57](#)
- [8] M. Bandyopadhyay, J. Chattopadhyay, *Ratio-dependent predator-prey model : effect of environment fluctuation and stability*, Nonlinearity 18 (2) (2005), pp 913-936. [57](#)
- [9] S. Benzerdjeb et S.M. Bouguima, *Influence of water level in a prey-predator interaction*, Nonlinear Studies / MESA, Vol 22, No 2, (2015) , pp281 – 291. [60](#)
- [10] R. Bellman and K. Cooke, *Differential-difference equations*, Acad. Press, New-York-London, 1963, vol, (1963). [22](#), [23](#)
- [11] H. Brezis, *Analyse Fonctionnelle, Théorie et application*, Masson, 1987. [15](#)
- [12] F. Brauer and C. Castillo-Chavez, *Mathematical Models in Population Biology and Epidemiology*, Springer, New York, (2001). [32](#)
- [13] S. Busenberg and K. L. Cooke, *The population dynamics of two vertically transmitted infections*, Theor. Pop. Biol. 33(2) (1988), pp 181-19 [22](#), [32](#)
- [14] S. Busenberg and K. Cooke, *Vertically Transmitted Diseases. Models and Dynamics*, Biomathematics, vol. 23, Springer-Verlag, Berlin, (1993). [22](#)
- [15] S. Busenberg, M. Iannelli and H. Thieme, *Global behaviour of an age-structured S-I-S epidemic model*, SIAM J. Appl. Math. 22 (1991) , pp 1065-1080 [49](#)
- [16] V. Capasso, *Mathematical Structures of Epidemic Systems*, "Lectures Notes in Biomathematics," Vol. 97, Springer-Verlag, Berlin, (1993). [32](#)
- [17] N. Chiboub Fellah S. M. Bouguima, A. Moussaoui, *The effect of water level in a prey-predator interaction : A Nonlinear Analysis Study*, Chaos, Solitons & Fractals, 45(3) (2012), pp 205-215. [60](#)

- [18] C. Cusilin, M. Iannelli, and G. Marinoschi, *Age-structured diffusion in multi-layer environment*. *Nonlinear Anal. Real World Appl.* 6, n°6 (2005), pp 207-223. [32](#)
- [19] J. Cushing, *An Introduction to Structured Population Dynamics*, SIAM, Philadelphia, (1998). [22](#)
- [20] M. Delgado and A. Suarez, *Age-dependent diffusive Lotka-Volterra type systems*, *Math. Comput. Modelling.* 45. (5) (2007) : pp 668-680. [32](#)
- [21] B. Dennis, *Allee effects : population growth, critical density, and the chance of extinction*, *Nat. Res. Model.* 3 (1989), pp 481–538. [24](#)
- [22] G. Di Blasio, *Nonlinear age-dependent population diffusion*, *J. Math. Biol.* 8 (1979), pp 265-284. [26](#), [32](#)
- [23] O. Diekmann and J. A. P. Heesterbeek, *Mathematical Epidemiology of Infectious Diseases : Model Building, Analysis and Interpretation*, Wiley, Chichester, U. K, (2000). [32](#)
- [24] K. Engel and R. Nagel, *One Parameter Semigroups for Linear Evolution Equations*, Springer verlag, (1999). [12](#)
- [25] W. Feller, *On the integral equation of renewal theory*, *Ann. Math. Statistics* 12 (1941), pp 243-267. [22](#), [23](#)
- [26] J. Garay, Z. Varga, M. Gamez and T. Cabello, *Functional response and population dynamics for fighting predator based on activity distribution*, *J. Theoret. Biol.* 368 (2015), pp 74-82. [57](#)
- [27] M. G. Garroni and M. Langlais. (1982). *Age-dependent population diffusion with external constraint*, *J. Math. Biol.* 14 (1) (1982), pp 77-94. [33](#)
- [28] M. Gurtin and R. MacCamy, *Nonlinear age-dependent population dynamics*, *Arch. Ration. Mech. Anal.* 54 (1974), pp 281-300. [22](#)
- [29] M. E. Gurtin, *A system of equations for age-dependent population diffusion*, *J. Theoret. Biol.* 40 (1973), pp 389-392. [22](#)
- [30] M. Gyllenberg and G. F. Webb, *Age-size structure in populations with quiescence*, *Math. Biosci.* 86 (1987), pp 67-95. [23](#)
- [31] M. Haque, *A detailed study of Beddington-DeAngelis predator-prey model*, *Math. Biosci.* 234 (2011), pp 1-16. [57](#)
- [32] H. W. Hethcote, *The mathematics of infectious diseases*, *SIAM Review* 42 (2000), pp 599-653. [23](#), [32](#)
- [33] F. Hoppensteadt, *Mathematical Theories of Populations : Demographics, Genetics, and Epidemics*, SIAM, Philadelphia, (1975). [22](#), [23](#)
- [34] S. Hsu, T. Hwang, and Y. Kuang, *Rich dynamics of a ratio-dependent one prey two predators model*, *J. Math. Biol.* 43 (2001), pp 377-396. [58](#)
- [35] M. Iannelli, *Mathematical Theory of Age-structured Population Dynamics*, Giardini Editori e stampatori, Pisa (1994). [22](#), [23](#)
- [36] M. Iannelli, *Mathematical Theory of Age-Structured Population Dynamics*, Giardini Editorie Stampatori, Pisa, (1995). [31](#), [32](#)
- [37] H. Inaba, *Mathematical Models for Demography and Epidemics*, University of Tokyo Press, Tokyo, (2002). [23](#)
- [38] C. Jost, O. Arino, R. Arditi, *About Deterministic Extinction in Ratio-dependent Prey-Predator Models*, *Bull. Math. Biol.* 61 (1996), pp 19-32. [64](#)

- [39] W. O. Kermack and A. G. McKendrick, *A contribution to the mathematical theory of epidemics*, Proc. R. Soc. Lond. A, 115, (1927), pp 700-721. [20](#)
- [40] W. O. Kermack and A. G. McKendrick, *A contribution to the mathematical theory of epidemics - Part II*, Proc. R. Soc. Lond. A, 138 (1932), pp 55-83. [21](#)
- [41] W. O. Kermack and A. G. McKendrick, *A contribution to the mathematical theory of epidemics - part III*, Proc. R. Soc. Lond. A, 141 (1933), pp 94-112. [21](#)
- [42] H. Kierstead and L. B. Slobodkin, *The size of water masses containing plankton blooms*. J. Mar. Res. 12, (1953), pp 141-147. [25](#)
- [43] K. Kunisch, W. Schappacher, and G. F. Webb, *Nonlinear age-dependent population dynamics with diffusion*, Inter. J. Comput. Math. App, 11(1) (1985), pp 155-173. [32](#), [35](#)
- [44] K. Kubo and M. Langlais, *Periodic solutions for a population dynamics problem with age dependence and spatial structure*, J. Math. Biol. 29 (1991), pp 363-378. [23](#)
- [45] M. Langlais, *A nonlinear problem in age-dependent population diffusion*, SIAM. J. Math. Anal, 16 (1985), pp 510-529. [23](#), [32](#)
- [46] M Langlais and S. Busenberg, *Global behavior in age structured S.I.S. models with seasonal periodicities and vertical transmission*, J. Math. Anal. Appl. 213 (1997), pp 511-533. [26](#), [31](#)
- [47] M Langlais, *Global behavior of epidemics models in age-structured populations*. Mathematical topics in biology (Kyoto,1993), and Sūrikaiseikikenkyūsho Kōkyūroku No.870, pp 86-94. [27](#)
- [48] M. Langlais, *On a linear age-dependent population diffusion model*. Quart. Appl. Math. 40 (1983), pp 447-460. [23](#), [32](#)
- [49] A. Lyapunov, *Problème Général de la Stabilité du Mouvement (1907)*.(Translation of the Russian original) Reprinted in Ann. Math. Stud, (1892), vol. 17. [10](#), [11](#)
- [50] P. Magal and Ruan (edts), *Structured Population Models in Biology and Epidemiology*, Lecture Notes in Mathematics Vol. 1936, Springer, Berlin, 2008. [22](#)
- [51] P. Magal and H. R. Thieme, *Eventual compactness for a semiflow generated by an age structured models*, Comm. Pure Appl. Anal. 3 (2004), 695-727. [23](#)
- [52] R. H. Martin, *Non linear operators and differential equations in Banach spaces*, John wiley, New York, (1976) . [15](#)
- [53] A. McKendrick, *Applications of mathematics to medical problems*, Proc. Edinburgh Math. Soc. 44 (1926), pp 98-130. [22](#)
- [54] J. A. J. Metz and O. Diekmann, *The Dynamics of Physiologically Structured Populations*, Lecture Notes in Biomathematics, Vol. 68, Springer-Verlag, Berlin, (1986). [22](#)
- [55] J. D. Murray. *Mathematical biology*. Springer-Verlag, Berlin, second edition (1993). [23](#)
- [56] J. D. Murray, *Mathematical biology. II Spatial Models and Biomedical Applications*, New York, Springer, (2003). [23](#), [32](#)
- [57] J. A. Oguntuase, *On an inequality of Gronwall*, J. Inequal. Pure and App. Math. vol. 2(1) (2001), pp. 1-6. [14](#)
- [58] A. Pazy, *Semigroups of Linear Operators and Applications to Partial Differential Equations*, Springer verlag, (1983). [12](#), [13](#)

- 
- [59] B. Perthame, *Transport Equations in Biology*, Frontiers in Mathematics, Birkhauser, Basel, (2007). [22](#)
- [60] M. Pierre, D. Schmitt, *Blow-up in reaction-diffusion systems with dissipation of mass.* Rapport INRIA, ", N°2652, (1995). [31](#)
- [61] H. Reinhard, *Équations aux dérivées partielles fondements et applications*, DUNOD UNIVERSITE, 1987. [35](#)
- [62] A. Rhandi, Positivity and stability for a population equation with diffusion in  $L_1$ , Positivity 2 (1998), pp 101-113. [32](#)
- [63] R. Ross, *The prevention of malaria*, John Murray, (1911). [19](#)
- [64] F. Rothe, *Global Solutions of reaction-diffusion systems*. Lecture Notes in Mathematics, Vol. 1072, Berlin, Springer-Verlag, (1984). [13](#), [34](#)
- [65] L. Roques, *Modèles de réaction-diffusion pour l'écologie spatiale*, Edition Quae, (2013). [23](#)
- [66] S. Ruan and J. Wu, *Modeling spatial spread of communicable diseases involving animal hosts*, in "Spatial Ecology ", Chapman & Hall/ CRC, Boca Raton , FL (2009), pp 293-316. [32](#)
- [67] G. R. Sell and Y. You, *Dynamics of evolutionary equations*, Springer, New York, (2002). [12](#)
- [68] F. Sharpe and A. Lotka, *A problem in age-distribution*, Philosophical Magazine 6 (1911), 435-438. [22](#)
- [69] G. Teschl, *Ordinary differential equations and Dynamical systems*, Am. Mat. Soc , (1991). [9](#), [11](#)
- [70] H. R. Thieme, *Mathematics in Population Biology*, Princeton University Press, Princeton, (2003). [22](#), [32](#)
- [71] C. Walker, *Global well-posedness of a haptotaxis model with spatial and age structure*, Differential Integral Equations 20 (2007), pp 1053-1074. [23](#), [32](#)
- [72] C. Walker, *Positive equilibrium solutions for age and spatially structured population models*, SIAM J. Math. Anal. 41(4), (2009), pp 1366-1387. [23](#)
- [73] G. F. Webb, *diffusive age-dependent population models and application to genetics*, Math. Biosci.61 (1982), 1-16. [23](#), [32](#)
- [74] G. F. Webb, *Theory of Nonlinear Age-Dependent Population Dynamics*, Marcel Dekker, New York, (1985). [22](#), [23](#), [31](#), [35](#)

## ملخص

نركز في هذه الأطروحة على دراسة رياضية لبعض النماذج من ديناميكيات السكان. يعرض العمل في جزأين. في الجزء الأول نعتبر نظام انتشار ردة فعل يصف ديناميكية فئة مقسمة حسب العمر من نوع .... نبين بالدراسة أن هذا النموذج هو طرح جيد في الفضاء....

في الجزء الثاني ندرس تأثير تقلبات المياه على تفاعل المفترس و الفريسة. نهتم بإيجابية الحلول و وجود توازن واستقرار. تعرض المحاكاة العددية في الأخير لتوضيح النتيجة.

---

## Résumé

Nous nous intéressons dans cette thèse à l'étude mathématique de quelques modèles issus de la dynamique de population. Le travail est présenté en deux parties. Nous considérons dans la première partie un système de réaction-diffusion structuré en âge du type SIS. Nous montrons que le modèle est bien posé dans l'espace  $L^1$ .

Dans la deuxième partie nous étudions l'effet des fluctuations des eaux sur une interaction proie-prédateur. Nous prouvons la positivité de solutions et l'existence d'équilibres et leur stabilité. Les simulations numériques sont présentées pour illustrer le résultat obtenu.

---

## Abstract

In this thesis, we are concerned with the mathematical study of some models from population dynamics. The work is presented in two parts. We consider in the first part, an age structured system of SIS type with reaction-diffusion equations. We prove that the model is well posed in  $L^1$  space.

In the second part we study the effect of water fluctuations on predator-prey interaction. We prove the positivity of solutions and the existence of equilibrium and stability. Numerical simulations are presented to illustrate the result.