

RÉPUBLIQUE ALGÉRIENNE DÉMOCRATIQUE ET POPULAIRE
MINISTÈRE DE L'ENSEIGNEMENT SUPÉRIEUR
ET DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE



UNIVERSITÉ MENTOURI DE CONSTANTINE
FACULTÉ DES SCIENCES EXACTES
DÉPARTEMENT DE MATHÉMATIQUES

Numéro d'ordre :
Numéro de série :

THÈSE

Présentée Pour L'obtention Du Diplôme De :
DOCTORAT EN SCIENCES

Intitulée

*« Processus stochastique de population, applications à la théorie
stochastique des épidémies : cas du SIDA »*

Option

Probabilité Statistique

Par :

**Mme BENHAMMADI née
MERAIHI Mouna**

DEVANT LE JURY

Président :	Mr A. CHIBAT	M.C.	Université Mentouri Cne
Rapporteur :	Mr F.L. RAHMANI	M.C.	Université Mentouri Cne
Examineurs :	Mr M. DALAH	M.C.	Université Mentouri Cne
	Mr A. BENCHETTAH	Prof.	Université d'Annaba
	Mr A. NOUAR	M.C.	Université de Skikda
	Mr M. BOUZIT	M.C.	Université d'O.E.B.

Je dédie cette thèse a la mémoire de mon père

A ma mère

A mes enfants Lina, Lamis et wael ma priorité

et

A celui qui a toujours était la pour moi mon Haj

Résumé

L'objectif de cette thèse est la modélisation et l'étude mathématique et informatique en épidémiologie [1] avec une application particulière : la propagation de l'épidémie du VIH/SIDA dans la willaya de Tamanrasset.

L'épidémie du VIH/SIDA fait l'objet d'une surveillance accrue depuis des années et certaines méthodes de contrôles et de surveillances ont été mises en place par des médecins et des mathématiciens chercheurs.

- La première partie est consacrée à l'analyse mathématique du modèle de population [4, 5, 10, 20, 21], il s'agit de modèle relativement réaliste, qui consiste en un système d'équations différentielles linéaires avec des conditions initiales. L'objectif est donc de procéder à l'analyse de ce modèle, en étudiant les solutions possibles et leur comportement à long terme (à l'infini) [2, 3, 6, 7, 10], cette analyse repose sur la recherche de la stabilité et des points d'équilibre.

- La deuxième partie, consiste à prendre des modèles stochastiques dans le cas discret [8, 14, 15, 16] et d'essayer d'estimer la taille finale de l'épidémie [9] [*article publié dans la revue de Constantine, science et technologie* 2009].

- Dans la troisième partie, on considère une nouvelle méthode « perturbation singulière » qui consiste à perturber non à déformer notre système c-à-d réduire un système assez complexe ou assez long, dans le sens de diminuer le nombre d'équations sans perte d'informations, et d'essayer de trouver les solutions sous les mêmes conditions que le système initial, en appliquant les différentes échelles de temps (lentes et rapides), et ce en appliquant ces résultats à l'épidémie du SIDA dans la willaya de Tamanrasset, en considérant toutes les classes de susceptibles avec les différents sous groupes de chaque classe, en essayant de rétablir un modèle d'équilibre pour réduire notre système [Khallil 1996].

- Dans la quatrième partie, on présente une programmation d'un modèle SIR avec une conclusion et une synthèse

- Enfin dans la dernière partie ; est présentée la synthèse de l'article publié dans la revue de Constantine, basé sur l'estimation de la taille finale de l'épidémie.

ملخص

- والهدف من هذه الأطروحة هو وضع النماذج والرياضيات وعلوم الكمبيوتر دراسة في علم الأوبئة [1] مع تطبيق معين: انتشار فيروس نقص المناعة البشرية / الإيدز في ولاية تمنراست.
- فيروس نقص المناعة البشرية / الإيدز هو موضوع التدقيق المتزايد لسنوات، ولقد وضعت بعض وسائل الضبط والمراقبة من قبل أطباء وعلماء الرياضيات الباحثين.
- خصص الجزء الأول للتحليل الرياضي للنموذج سكان [21،20،10،5،4]، هو نموذج واقعي نسبيا، والذي يتألف من نظام من المعادلات التفاضلية الخطية مع الظروف الأولية. كان الهدف هو المضي قدما في تحليل هذا النموذج من خلال دراسة الحلول الممكنة وسلوكهم وعلى المدى الطويل (في اللانهاية) [10،7،6،3،2]، ويستند هذا على البحوث الاستقرار والتوازن نقاط.
- الجزء الثاني هو أن تأخذ نماذج عشوائية في قضية منفصلة [16،15،14،8]، ومحاولة لتقدير حجم نهائي لهذا الوباء [9] [دان المادة نشر مجلة قسنطونية ، عام 2009].
- في الجزء الثالث، نستطيع أن نعتبره طريقة جديدة "اضطراب المفرد" وهو اضطراب لم يشوه أي لدينا نظام للحد من نظام معقد أو بالأحرى طويلة بما فيه الكفاية، بمعنى تخفيض عدد المعادلات من دون خسارة المعلومات، ومحاولة إيجاد حلول في ظل الظروف نفس النظام الأصلي، من خلال تطبيق جداول زمنية مختلفة (بطيئة وسريعة)، وتطبيق هذه النتائج على وباء الإيدز في ولاية تمنراست. النظر في جميع الطبقات على الأرجح مع مجموعات فرعية مختلفة من كل فئة، في محاولة لإنشاء نموذج التوازن للحد من نظامنا [1996 Khallil].
- الجزء الرابع هو ملخص لمقال نشر في مجلة قسنطونية ، الذي يقوم على أساس تقدير حجم نهائي لهذا الوباء.
- و في النهاية، ونحن نطبق محاكاة نموذج SIR مع خاتمة وملخص

Summary

The objective of this thesis is the modeling and studying mathematics and computer science in epidemiology [1] with a particular application: the spread of the HIV / AIDS in the town of Tamanrasset. The HIV / AIDS is the subject of increased scrutiny for years and some methods of control and surveillance have were set up by doctors and researchers mathematicians.

- The first part is devoted to the mathematical analysis of the population model [4, 5, 10, 20, 21], it is relatively realistic model, which consists of a system of linear differential equations with initial conditions . The objective is to proceed to the analysis of this model by studying the possible solutions and their behavior has long-term (at infinity) [2, 3, 6, 7, 10], this is based on research stability and equilibrium points.

- The second part is to take stochastic models in the discrete case [8, 14, 15,16] and to try to estimate the final size of the epidemic [9] [Article published in the journal of Constantine, year 2009].

- In the third part, we consider a new method "singular perturbation" which is a disturbance has not distort our system ie to reduce a rather complex system or long enough, in the sense of reducing the number of equations without loss information, and try to find solutions under the same conditions as the original system, by applying different time scales (slow and fast), and by applying these results to the AIDS epidemic in the town of Tamenrasset, considering all classes likely with different subgroups of each class, trying to establish an equilibrium model to reduce our system [Khallil 1996].

- The fourth part is a summary of the article published in the journal of Constantine, which is based on estimating the final size of the epidemic.

- The end, we apply a simulation of an SIR model with a conclusion and summary.

Table des matières

Partie1 : Modèles épidémiques déterministes.....	4
I Introduction	
Modélisation	
Hypothèse et but de la modélisation	
Notations	
II Rappel Systèmes différentiels.....	8
- Introduction	
- Stabilité des systèmes linéaires	
- Définition des points d'équilibres	
- Stabilité des points d'équilibres	
III Le Modèle SI.....	16
- Introduction.	
- Le modèle SIS.	
- Recherche du point d'équilibres.	
- Le modèle SIR (sans naissance ni mort).	
- Nombre de reproduction de base.	
IV Modèle SIRS (sans naissance – mort).....	26
- Recherche des points d'équilibres.	
- Stabilité des points d'équilibres.	
- Stabilité des points d'équilibres P_1^* et P_2^*	
V Modèle SIRS (avec naissance – mort).....	28
- Recherche des points d'équilibres.	
- conclusion.	
Partie2 : Modèles épidémiques stochastiques (cas discret).....	31
• Modèle de Greenwood et Frost	
• Méthode des p, g, f du modèle de Greenwood	
• Propriétés du modèle de Reed-Frost chaîne avec une probabilité d'infection qui varie entre les sous-groupes	
• Taille finale de l'épidémie	

<u>Partie3</u> : Perturbation d'un modèle épidémiologique SIR.....	42
• Introduction	
• Modèles épidémiologiques	
• * description du modèle	
• * échelle de temps	
• * équilibre	
• L'ordre du modèle réduit	
• *deux échelles de temps	
• Conclusion	
<u>Partie4</u> Programmation d'un modèle SIR avec Matlab.....	49
<u>Partie5</u> : Modèles épidémiologiques du SIDA	69
<u>Références</u>.....	80

Partie I

Chapitre I : Modèles épidémiques déterministes

I. Introduction

L'épidémiologie, qui est l'étude des maladies infectieuses est un domaine important où la modélisation a donné d'importants résultats permettant de trouver différents paramètres, de prédire l'évolution et la propagation de certaines maladies et de choisir les meilleures stratégies et modèles de contrôle.

Vu l'ampleur de certaines maladies qui attire l'attention internationale, comme la grippe aviaire, le SRAS, le VIH, la rougeole, la malaria et d'autres maladies importantes, les épidémiologistes se demandent, si pour rendre plus efficace les recherches typiquement médicales, ils ne pouvaient pas utiliser des méthodes mathématiques, si derrière un processus de contagion, ne se cachaient pas des lois ; et la réponse fut positive.

Ils construisent des "modèles" qui traduisent schématiquement la propagation de certaines maladies contagieuses, et l'étude de ces modèles devrait permettre de mieux comprendre les phénomènes épidémiques et donc de mieux les contrôler.

Les premiers modèles ont commencé au début du 20^{ème} siècle (1906) avec un modèle pour l'épidémie de la rougeole qui plus tard (1929) sera reformulé au moyen d'équations de récurrence. En 1911 et 1917, on voit apparaître les premiers modèles utilisant les équations différentielles pour le paludisme.

L'épidémiologie mathématique a marqué sa première victoire en 1927, lorsque W.K.Kermack[19,22], médecin en santé publique, et A.G McKendrick, biochimiste, ont mis au point un modèle simple des épidémies, modèle validé sur les épidémies de peste en Inde. Selon ce modèle, lorsqu'un infectant venant de l'extérieur s'infiltré dans une population, la maladie peut se propager soudainement puis disparaître d'une façon tout aussi soudaine sans infecter toute la population ce que l'on observe dans d'innombrables épidémies au cours des siècles. Kermack et McKendrick présentent les premiers modèles qui mettent en évidence un effet de seuil pour la propagation de l'épidémie.

Les premiers modèles stochastiques apparaissent en 1928(Reed et Frost).

I.1 La modélisation

Elle se fait de façon déterministe ou stochastique à une échelle de temps continue ou discret.

- Les modèles déterministes avec temps continu sont appropriés dans le cas des grandes populations. Et la modélisation se fait sous forme d'un système d'équations différentielles.
- Les modèles stochastiques intéressant pour de plus petites populations, leurs étude mathématique est plus compliquée et leur comportement se fait souvent par simulation.
- Une modélisation commence par la description du problème à étudier, sa mise en équation différentielle sous différentes hypothèses ; son étude par des techniques mathématiques ou de simulation et à la fin l'interprétation de son comportement par rapport aux paramètres identifiés et estimés.

I.2 But de la modélisation

L'expérimentation n'est plus possible.

Les modèles sont donc utiles pour :

- comprendre les évolutions constatées.
- comparer des maladies.
- comparer l'effet de plusieurs méthodes de contrôle. Ceci peut être fait de manière théorique ou par des simulations pour différentes valeurs des paramètres et différentes données ;
- choisir des stratégies optimales de distribution de vaccin pour éradiquer certaines maladies.
- Identifier des données à rechercher ou à enregistrer.
- Prédire l'étendue et la taille des épidémies.
- s'obliger à clarifier et à préciser les hypothèses.

1.3 Hypothèses et but de la modélisation

L'étude d'une épidémie porte essentiellement sur l'évolution des relations entre le groupe de malades infectieux et celui des individus pouvant être contaminés dans une population donnée. Le but des modélisations en épidémiologie est de prédire l'évolution de la maladie étudiée. Ce qui permet ensuite d'agir en proposant des thérapies adéquates ; par exemple un traitement de masse curatif (administration médicamenteuse ; mesures hygiéno-diététique...) et/ou préventif (vaccination dans certains cas). Selon Bayley [8], [9], l'étude d'une épidémie se fait sur un échantillon et à partir des résultats obtenus, on essaye de construire un modèle pour toute une population.

Nous considérons tout d'abord une situation simple ou un petit groupe d'individus qui ont contracté une maladie infectieuse sont insérés dans une large population d'individus susceptibles de l'attraper. Que va-t-il se passer ? l'infection va-t-elle s'éteindre rapidement ou se propager ? Un état endémique est-il possible ? (c-à-d maintien d'un sous groupe porteur de la maladie).

1.4 Notation

On subdivise une population en compartiments ou dans chacun se trouve une catégorie de gens.

S : « susceptibles » les individus qui ne sont pas malades mais susceptibles de le devenir.

I : « Infectieux » les individus malades et capables de transmettre l'infection.

R : « retirés » les individus qui ont contracté la maladie et qui ne peuvent plus la transmettre (immunisés de façon permanente, isolés, morts). Ce groupe est approprié à certaines maladies.

E : « exposés » les individus exposés à la maladie.

On peut aussi introduire pour certaines maladies des paramètres comme :

*la période d'incubation : temps entre le moment où l'on est infecté et le moment où les symptômes apparaissent.

*la période de latence : temps entre le contact initial et le moment où l'on est contagieux.

Et donc avant de modéliser, il faut avoir une image complète et réaliste sur la biologie de la maladie .par exemple :

- la durée de la période d'incubation.
- immunisation (statut) après l'infection.

La deuxième étape est la collecte de données sur les caractéristiques démographiques, épidémiologiques et biologiques de l'infection (taux de transition) et de la population (taux de mort, taux de naissance ...)

Et finalement la troisième étape consiste dans le choix (parcimonieux) du modèle :

S—I

S—I—R

S—E—I—R

Sont les modèles les plus utilisés dans la modélisation des maladies infectieuses.

Certains types de modèles s'appliquent à des maladies bien précises et pas d'autres.

Par exemple, le modèle S—E—I—R est approprié à la rougeole, il tient compte de la période de latence (environ 8 jours). Si n'y a pas de période de latence, c'est-à-dire, les individus sont infectieux aussitôt qu'ils sont infectés, le modèle S—I—R est une alternative du modèle S—E—I—R.

Hypothèses dans le cas des modèles S—I, S—I—S et S—I—R.

Pour pouvoir modéliser effectivement, il est toujours nécessaire de faire des hypothèses simplificatrices.

L'écriture du modèle permet de les expliciter et en conséquence de mieux faire apparaître leurs implications et les limitations qu'elles entraînent. Nous ferons les hypothèses suivantes :

(a) *la maladie est transmise par contact direct infecté et susceptible.* Cette hypothèse est appropriée pour les maladies virales telles que la grippe, la rougeole, le SIDA, ou bactérienne comme la tuberculose, mais pas pour des maladies qui se transmettent par l'intermédiaire d'un vecteur animal comme la rage ou la malaria.

(b) *Il n'y a pas de temps de latence.*

(c) *Tout les susceptibles le sont uniformément et tout les infectés sont également contagieux.*

(d) *La taille de la population reste fixé, égale à N.* tous les modèles peuvent être généralisés en considérant des taux de naissances et de mort. le plus souvent on fait l'hypothèse que les taux de naissances et de mort s'équilibrent. (cette hypothèse est appropriée pour une épidémie de courte durée (comme la grippe, les maladies infantiles).

II : Rappel sur les systèmes d'équations différentielles

II.1 Introduction

Considérant l'équation différentielle :

$$\dot{x} = \frac{dx}{dt} = f(t, x) \dots \dots \dots (2.1)$$

Ou

$$x = \begin{pmatrix} x_1(t) \\ x_2(t) \\ \vdots \end{pmatrix} \quad \text{Et } f(t, x) = \begin{pmatrix} f_1(t, x_1, x_2, \dots, x_n) \\ \vdots \\ f_n(t, x_1, \dots, x_n) \end{pmatrix}$$

qui est une fonction non linéaire de x_1, x_2, \dots, x_n .

La solution de (2.1) est difficile à obtenir ; mais on peut obtenir une solution explicite que nous verrons plus tard .Les questions que l'on se pose sont les suivantes :

- 1- Existe-t-il un point $x^* = (x_1^*, \dots, x_n^*)^t$ ne dépendant pas de t tel que $x(t) = x^*$ soit solution de (2.1) ? un tel point s'il existe est appelé '**point d'équilibre**'.
- 2- Soit $\phi(t)$ une solution de (2.1). Supposons que $\phi(t)$ soit une seconde solution de (2.1) ; avec $\phi(0)$ très proche de $\phi_0(0)$ c'est-à-dire, pour tout $j=1,2,\dots$ $n \phi_j(0) \cong \phi_j(0)$. Mais quand $t \rightarrow \infty$; $\phi(t)$ reste t'elle proche de $\phi(t)$ ou diverge t'elle ?.

Cette question fait référence au problème de **stabilité** c'est le problème le plus fondamental dans l'étude qualitative des équations différentielles.

- 3- quand $t \rightarrow \infty$ que se passe t'il pour $x(t)$ solution de (2.1) ? les solutions tendent t'elles toutes vers des points d'équilibre ? si tel n'est pas le cas tendent t'elles vers une solution périodique ?

Définition1 (point d'équilibre)

$t^* x^* = (x_1^*, \dots, x_n^*) \in \mathbb{R}^n$ est un point d'équilibre de cette equation (2.1) ssi $f(t, x^*) = 0$.

Exemple 2.1.1

Chercher les points d'équilibres du système d'équations différentielles

$$\frac{dx}{dt} = 1 - y \quad ; \quad \frac{dy}{dt} = x^3 + y ;$$

Solution

$\begin{pmatrix} x_0 \\ y_0 \end{pmatrix}$ est un point d'équilibre si et seulement si $1 - y_0 = 0$ et $x_0^3 + y_0 = 0$ ce qui donne $y_0 = 1$ et $x_0 = -1$.Ainsi $\begin{pmatrix} -1 \\ 1 \end{pmatrix}$ est le seul point d'équilibre de ce système.

Remarque :

Le problème de stabilité est généralement difficile à résoudre, car on ne sait pas en général résoudre explicitement l'équation (2.1).

Le seul cas maniable est celui où $f(t,x)$ est indépendante de t , de telles équations différentielles sont dites ‘*autonomes*’ .et même pour les équations différentielles autonomes ,il ya seulement deux cas, généralement, ou nous pouvons complètement résoudre la question de stabilité. Le premier cas est celui où $f(x)=Ax$ (cas dit linéaire), le second cas est celui où nous sommes uniquement intéressés par la question de la stabilité d'un point d'équilibre de $\dot{x} =f(x)$.

II.2 Stabilité des systèmes linéaires

Dans cette partie, nous nous intéressons au problème de stabilité des solutions des équations différentielles autonomes.

Soit $x = \phi(t)$ une solution de l'équation différentielle

$$\dot{x} =f(x) \tag{2.2}$$

On veut savoir quand $\phi(t)$ est stable ou instable, c-à-d nous voulons savoir si toute solution $\varphi(t)$ de (2.2) initialement (a l'instant $t=0$) suffisamment proche de $\phi(t)$ reste proche de $\phi(t)$ pour tout instant futur ($t \geq 0$).

II .3 Définition 2 (Stabilité, instabilité)

La solution $x= \phi(t)$ de (2.2) est **stable** si toute solution $\varphi(t)$ (2.2) suffisamment proche de $\phi(t)$ à l'instant $t=0$ reste proche de $\phi(t)$ pour tout temps futur t .

C-à-d $\phi(t)$ est stable si :

$$\forall \theta > 0, \exists \delta = \delta(\theta) , \text{ tel que}$$

$$|\varphi_j(t) - \phi_j(t)| < \delta \text{ si } |\varphi_j(0) - \phi_j(0)| < \delta(\theta) ; \quad j=1, \dots, n ; t > 0$$

Pour toute solution $\phi(t)$ de (2.2).

-La solution $x= \phi(t)$ de (2) est **instable** s'il existe (au moins) une solution $\varphi(t)$ de (2.2) qui soit proche de $\phi(t)$ a l'instant $t=0$ mais ne le soit pas(proche) pour tout temps futur t .

Remarque :

Dans le cas des équations différentielles linéaires la stabilité peut être complètement résolue.

$$\dot{x} = Ax \tag{2.3}$$

Théorème 1

Soit $x= \varphi(t)$ une solution de (2.3)

- a) x est stable si toutes les valeurs propres de A sont de partie réelle strictement négative.
- b) x est instable si au moins une des valeurs propre de A est de partie réelle strictement positive.
- c) Supposons que toutes les valeurs propres de A sont de partie réelle ≤ 0 et que $\lambda_1 = i\sigma_1, \dots, \lambda_l = i\sigma_l$ sont de partie réelle nulle.

Supposons de plus que $\lambda_j = i\sigma_j$ soit de multiplicité d'ordre k_j .cela signifie que le polynôme caractéristique de A est de la forme :

$$P(\lambda) = (\lambda - i\sigma_1)^{k_1} \dots (\lambda - i\sigma_l)^{k_l} \cdot q(\lambda)$$

Ou tous les zéros de $q(\lambda)$ sont de partie réelle strictement négative. Alors x est stable si A possède pour tout j, k_j vecteurs propres linéairement

indépendants associés à la valeur propre $\lambda_j = i\sigma_j$. Si tel n'est pas le cas, toute solution $\varphi(t)$ est instable.

2.3 Conséquences du théorème

Si toutes les valeurs propres de A sont de partie réelle strictement négative ; alors toute solution $x(t)$ de (2.3) tend vers 0 lorsque $t \rightarrow \infty$.

Par conséquent $x(t)=0$ est un point d'équilibre (solution de (2.3)) et toute solution $\varphi(t)$ de (2.3) tend vers celle-ci lorsque t tend vers l'infini.

Ceci est un type de stabilité plus fort que le précédent appelé **stabilité asymptotique**.

Définition 3 (stabilité asymptotique)

Un point d'équilibre $x(t) = x^*$ de (2.2) est dit asymptotiquement stable, si toute solution $\varphi(t)$ de (2.2) suffisamment proche de x^* à l'instant $t=0$ non seulement reste proche de x^* pour tout temps futur, mais tend vers x^* lorsque t tend vers l'infini.

Remarque :

La stabilité asymptotique de toute solution $x = \varphi(t)$ de (2.3) est équivalente à la stabilité asymptotique de la solution d'équilibre $x(t)=0$.

2.4 Stabilité des points d'équilibres

On s'intéresse maintenant à l'équation :

$$\dot{x} = Ax + g(x) \quad (2.4)$$

Où $g(x) = (g_1(x), \dots, g_n(x))^t$ est très petit devant x .

Spécifiquement, on suppose que les fonctions

$$\frac{g_1(x)}{\max\{|x_1|, \dots, |x_n|\}}, \dots, \frac{g_n(x)}{\max\{|x_1|, \dots, |x_n|\}}$$
 sont des fonctions continues de x_1, \dots, x_n

S'annulant en $x_1 = 0; \dots; x_n = 0$.

Si $g(0)=0$ Alors $x(t)=0$ est un point d'équilibre de (2.4).

La question qui se pose est si ce point est stable ou instable, or la solution de

(2.4) est assez difficile. Toute fois, si x est très petit, alors $g(x)$ l'est devant Ax .

Ainsi, il semble plausible que la stabilité du point d'équilibre $x(t)=0$ de (2.4) soit déterminée par la stabilité de la partie linéaire de l'équation : $\dot{x} = Ax$.

Théorème 2

Supposons que la fonction vectorielle $\frac{g(x)}{\|x\|} = \frac{g(x)}{\max\{|x_1|, \dots, |x_n|\}}$ soit une fonction continue des variables x_1, \dots, x_n , nulle en $x=0$. alors

- a) Le point d'équilibre $x(t)=0$ de (2.4) est asymptotiquement stable s'il est asymptotiquement stable pour la partie linéaire $\dot{x} = Ax$ d'une manière équivalente, $x(t)=0$ de (2.4) est asymptotiquement stable si toutes les valeurs propres de A sont de parties réelles strictement négatives.
- b) Le point d'équilibre $x(t)=0$ de (2.4) est instable si au moins l'une des valeurs propres de A est de partie réelle strictement positive.
- c) La stabilité de $x(t)=0$ de (2.4) ne peut être déduite de celle du point $x(t)=0$ du système $\dot{x} = Ax$ si toutes les valeurs propres de A sont de partie réelle ≤ 0 avec au moins l'une d'entre elle imaginaire pure.

Le théorème 2 peut être utilisé pour déterminer la stabilité des points d'équilibres d'équations différentielles autonomes quelconques. soit x^* un point d'équilibre de l'équation différentielle

$$\dot{x} = f(x) \tag{2.5}$$

Posons $z(t) = x(t) - x^*$ ($z(t) = (z_1(t), \dots, z_n(t))$), alors

$$\dot{z} = \dot{x} = f(x^* + z) \tag{2.6}$$

Il est clair que $z(t) \equiv 0$ est un point d'équilibre de (2.6) et la stabilité du point $x(t) = x^*$ est équivalente à celle du point $z(t) \equiv 0$.

Lemme 1

Supposons que la fonction f de la variable $x=(x_1, \dots, x_n)$ soit deux fois continûment différentiable au voisinage du point x^* , alors on peut écrire

$$f(x^* + z) = f(x^*) + Az + g(z) = Az + g(z) \tag{2.7}$$

Où $z \rightarrow \frac{g(z)}{\max\{|z_1|, \dots, |z_n|\}}$ est une fonction de z s'annulant en $z=0$.

Démonstration

L'équation (2.7) est une conséquence immédiate de la formule de TAYLOR qui dit que les composantes $f_j(x^* + z) = f_j(x^*) + \frac{\partial f_j(x^*)}{\partial x_1} z_1 + \dots + \frac{\partial f_j(x^*)}{\partial x_n} z_n + g_j(z)$

Ou $z \rightarrow \frac{g_j(z)}{\max\{|z_1|, \dots, |z_n|\}}$ est une fonction continue de z s'annulant en $z=0$.

$$f(x^* + z) = f(x^*) + Az + g(z) = Az + g(z)$$

Avec

$$A = \begin{pmatrix} \frac{\partial f_1(x^*)}{\partial x_1} & \dots & \frac{\partial f_1(x^*)}{\partial x_n} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial f_n(x^*)}{\partial x_1} & \dots & \frac{\partial f_n(x^*)}{\partial x_n} \end{pmatrix}.$$

Le théorème (2) et le lemme 1 nous fournissent un algorithme d'étude de la stabilité d'un point d'équilibre $x(t) = x^*$ de l'équation $\dot{x} = f(x)$:

- 1- Poser $z = x - x^*$
- 2- Mettre $f(x^* + z)$ sous la forme $Az + g(z)$ avec g fonction polynomiale des variables z_1, \dots, z_n composée de monômes de degré ≥ 2 .
- 3- Déterminer les valeurs propres de A . si toutes les valeurs propres de A ont une partie réelle strictement négative, alors $x(t) \equiv x^*$ est alors asymptotiquement stable (localement). Si une des valeurs propres de A a une partie réelle strictement positive, alors $x(t) \equiv x^*$ est instable.

Le système se réécrit sous la forme

$$\frac{d}{dt} \begin{pmatrix} u \\ v \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -1 & -1 \\ 1 & -3 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} u \\ v \end{pmatrix} - \begin{pmatrix} uv \\ 3v^2 + v^3 \end{pmatrix}$$

La matrice $\begin{pmatrix} -1 & -1 \\ 1 & -3 \end{pmatrix}$ admet une valeur propre double $\lambda = -2 < 0$, par conséquent, la solution d'équilibre $x(t) \equiv 1, y(t) \equiv 1$ du système est (localement) asymptotiquement stable.

(i) Stabilité du point (-1.-1)

Soit $u = x + 1$ et $v = y + 1$, alors

$$\frac{du}{dt} = \frac{dx}{dt} = 1 - (1 - u)(1 - v) = u + v - uv$$

$$\frac{dv}{dt} = \frac{dy}{dt} = (u - 1) - (v - 1)^3 = u - 3v + 3v^2 - v^3$$

Le système se réécrit sous la forme

$$\frac{d}{dt} \begin{pmatrix} u \\ v \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 & 1 \\ 1 & -3 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} u \\ v \end{pmatrix} - \begin{pmatrix} -uv \\ 3v^2 - v^3 \end{pmatrix}$$

La matrice $\begin{pmatrix} 1 & 1 \\ 1 & -3 \end{pmatrix}$ possède une valeur propre négative $\lambda_1 = -1 - \sqrt{5}$ et une valeur propre positive $\lambda_2 = -1 + \sqrt{5}$, par conséquent la solution d'équilibre $x(t) \equiv -1, y(t) \equiv -1$ du système est instable.

2.5 Comportement à long terme des solutions

Dans cette partie on étudie le comportement de toutes les solutions de l'équation différentielle :

$$\dot{x} = f(x) \quad ; \quad x = \begin{pmatrix} x_1 \\ \vdots \\ x_n \end{pmatrix} \quad ; \quad f(x) = \begin{pmatrix} f_1(x_1, \dots, x_n) \\ \vdots \\ f_n(x_1, \dots, x_n) \end{pmatrix} \quad (4.1)$$

Ce problème a été complètement résolu dans le cas particulier $f(x) = Ax$. Comme nous l'avons vu dans (2.2) et (2.6), toutes les solutions $x(t)$ de $\dot{x} = Ax$ présentent un des 4 types de comportement.

- 1) $x(t)$ est une fonction de t ,
- 2) $x(t)$ est une fonction périodique de t ,
- 3) $x(t)$ est non bornée lorsque $t \rightarrow \infty$,
- 4) $x(t)$ tend vers un point d'équilibre lorsque $t \rightarrow \infty$,

on donnera des conditions suffisantes pour que toute solution $x(t)$ de (4.1) de condition initiale $x(0)$ suffisamment proche d'un point d'équilibre ε doit tendre vers ce point lorsque t tend vers l'infini.

Lemme2

Soit g une fonction croissante (resp; décroissante) de t pour tout $t \geq t_0$ et majorée par une constante c . alors g a une limite finie lorsque t tend vers l'infini.

Lemme3

Supposons qu'une solution $x(t)$ tend vers un vecteur ε lorsque t tend vers l'infini. alors, ε est un point d'équilibre

III : Le modèle S-I

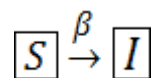
III.1 Introduction

Dans ce modèle l'infection se propage par contact entre les individus, mais au travers de laquelle, il n'y a pas de "retirés" (morts, isolés...).

A la fin tous les individus susceptibles deviennent infectés.

Ce genre de modèles s'applique pour certaines maladies où il n'y a pas de mort ou isolation.

Le modèle.



$\beta(t)$: est la constante de proportionnalité (taux d'infection, ou de contact) par unité de temps.

Les équations différentielles s'écrivent :

$$(3.1) \quad \begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta(t)S(t)I(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta(t)S(t)I(t) \end{cases}$$

Avec $S(0) + I(0) = N$

A cause de l'infection on remarque que quand $S(t)$ décroît, $I(t)$ croît ; et on voit aussi que $\frac{d(S(t)+I(t))}{dt}=0$, ce qui implique que $\forall t \geq 0$, $S(t)+I(t)=\text{constante}=N$.

En remplaçant $S(t)$ par $N-I$ le système (3.1) se réduit à l'équation différentielle suivante

$$\frac{dI(t)}{dt} = \beta(t)(N - I(t))I(t), \quad I(0) = I_0 (= 1).$$

Ceci est une équation différentielle logistique, donc admet pour solution :

$$I(t) = \frac{I_0(S_0 + I_0)e^{\beta(S_0 + I_0)t}}{S_0 + I_0e^{\beta(S_0 + I_0)t}}$$

On remarque que lorsque t tend vers l'infini $I(t) \rightarrow S_0 + I_0 = N$, ce qui signifie qu'à la longue tous les individus seront infectés.

III.1.1 Point d'équilibre

Ce point est obtenu en posant : $\frac{dS(t)}{dt} = 0$ et $\frac{dI(t)}{dt} = 0$; c'est un point où il n'y a ni augmentation ni diminution (il y a pas de variation au cours du temps), si on part de ce point le système reste dans cet état.

- la recherche des points d'équilibres est très importante, car dans tous les cas les trajectoires (ensemble des couples $(S(t) ; I(t), t > 0)$ du système vont tendre (asymptotiquement, $t \rightarrow \infty$) vers l'un des points d'équilibres, et celui-ci sera dit "asymptotiquement stable".

III.1.2 Recherche des points d'équilibres pour le modèle S-I

En posant $\frac{dI(t)}{dt} = 0$, on en déduit deux points d'équilibres

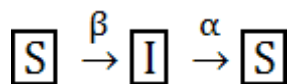
$$(S_1^* = S_0 + I_0, I_1^* = 0) \text{ et } (S_2^* = 0, I_2^* = S_0 + I_0)$$

Le point (S_1^*, I_1^*) est appelé "point de non endémie" car il n'y a pas de propagation de l'épidémie, s'il n'y a pas au moins un individu infectieux ; quant au deuxième point (S_2^*, I_2^*) c'est le point vers lequel la trajectoire va tendre ; donc c'est un équilibre dit "asymptotique".

Remarques : en pratique on ne recueille pas le nombre de personnes infectées, mais le nombre de nouveaux cas d'infectieux (Taux d'incidence) par unité de temps (jours, mois, années, ...).

III.2. Le modèle S-I-S

III.2.1 introduction



Ce modèle correspond à certaines maladies comme la tuberculose c'est un modèle qui ne procure pas d'immunité

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta(t)S(t)I(t) + \alpha(t)I(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta(t)S(t)I(t) - \alpha(t)I(t) \end{cases} \quad (3.2)$$

Avec $S(0) + I(0) = S_0 + I_0 = N$

Ou

$\alpha(t)$: est le taux de guérison par unité de temps d'individu infectieux

$\beta(t)$: est le taux d'infection par unité de temps.

Le système se réduit :

$$\frac{dI(t)}{dt} = \beta \left(\frac{\beta N - \alpha}{\beta} - I \right) I, \quad I(0) = I_0.$$

c'est une équation différentielle logistique, si le terme $\beta N - \alpha \neq 0$ donc

$$I(t) = \begin{cases} \frac{I_0 (\beta N - \alpha) e^{(\beta N - \alpha)t}}{\beta I_0 (e^{(\beta N - \alpha)t} - 1) + (\beta N - \alpha)}, & \text{si } \beta N - \alpha \neq 0 \\ \frac{I_0}{1 + \beta I_0 t}, & \text{sinon} \end{cases}$$

Remarque :

$$\text{Quand } t \rightarrow \infty, I(t) \rightarrow \begin{cases} N - \frac{\alpha}{\beta}, & \text{si } \beta N - \alpha > 0 \\ 0 & \text{sinon} \end{cases}$$

Posons $R_0 = \frac{\beta N}{\alpha}$ alors

$$I(t) \xrightarrow{t \rightarrow \infty} \begin{cases} N - \frac{\alpha}{\beta}, & \text{si } R_0 > 1 \\ 0, & R_0 \leq 1 \end{cases}$$

La condition $R_0 \leq 1$ conduit à dire qu'il y a disparition de l'infection et maintien d'un état endémique sinon.

3.2.2 Interprétation de la condition $R_0 > 1$

Soit $J(t)$ le nombre d'infectieux à l'instant 0 qui le sont encore au temps t .

$J(t)$ vérifie l'équation différentielle suivante :

$$\frac{dJ(t)}{dt} = -\alpha J(t), \quad J(0) = J_0 \quad \text{Alors} \quad J(t) = J_0 e^{-\alpha t}, \quad t \geq 0$$

$\int_0^\infty J(u) du = \frac{J_0}{\alpha}$ représente le temps total pendant lequel les individus infectieux au départ le sont restés avant de guérir et de redevenir susceptibles.

D'où en divisant par J_0 (le nombre de départ) on obtient que $1/\alpha$ correspond à la durée moyenne d'infectivité (durée moyenne de la maladie). d'où

- βN est le nombre moyen de contacts infectants effectué par unité de temps.

- $R_0 = \frac{\beta N}{\alpha}$ est le nombre moyen de contacts infectants effectués par infecté pendant sa période d'infectivité (appelé aussi le nombre de reproduction de base).

- $R_0 > 1$ indique que chaque personne infectieuse doit avoir au moins un contact infectant (i.e ; qui puisse transmettre l'infection) pendant sa période d'infectivité moyenne pour que la maladie se maintienne a un niveau endémique.

III.3 Recherche des points d'équilibres pour Le modèle S-I-S

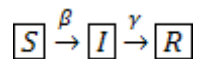
De la même manière en posant $\frac{dI(t)}{dt} = 0$, on obtient deux points d'équilibres :
 $(S_1^* = N, I_1^* = 0)$ et $(S_2^* = \frac{\alpha}{\beta}, I_2^* = N - S_2^*)$

Le point (S_1^*, I_1^*) est appelé point de non endémie (car il n'ya pas de propagation de l'épidémie s'il n'ya pas au moins un individu infectieux. Et le point (S_2^*, I_2^*) c'est le point vers lequel la trajectoire va tendre, c'est un équilibre asymptotiquement stable.

III.4 le modèle S-I-R (sans naissance ni mort)

Ce modèle confère une immunité permanente contre la réinfection, d'où l'introduction du compartiment R qui peut aussi représenter les individus isolés ou morts.

Le modèle :



β : Nombre de nouveau cas infecté par unité de temps qui est proportionnel au nombre de contacts entre S et I

γ : Transition de S vers R (taux de guérison ou de malades isolés)

$1/\gamma$: Durée moyenne de la maladie

D'où le système

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta(t)S(t)I(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta(t)S(t)I(t) - \alpha(t)I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} = \alpha(t)I(t) \end{cases} \quad (3.4)$$

$$S(0)+I(0)+R(0)=S_0 + I_0 + R_0 =N=cst$$

$$\text{avec } 0 \leq S(t) + I(t) \leq N, \forall t \geq 0, S(0) + I(0) + R(0) = S_0 + I_0 + R_0 = N$$

La aussi, la taille de la population N est constante .en effet en additionnant les équations de (3.4),

on obtient $N'(t) = \frac{dN}{dt} = \frac{dS(t)}{dt} + \frac{dI(t)}{dt} + \frac{dR(t)}{dt} = 0$. On a :

$N(t) = S(t) + I(t) + R(t) = \text{constante}$. Ainsi les fonctions positives S, I et R sont majorés par N.

les deux premières équations du système ne faisant pas intervenir R, L'étude de ce système peut se ramener à celle du système (3.5) :

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta(t)S(t)I(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta(t)S(t)I(t) - \alpha(t)I(t) \end{cases}$$

$$0 \leq S(t) + I(t) \leq N \quad \forall t \geq 0, S(0) + I(0) = S_0 + I_0 + R_0 = N.$$

Dans toute la suite on notera $\delta = \frac{\alpha}{\beta}$

Situation épidémique et de non épidémique

Supposons que $0 < S_0 < N, 0 < I_0 < N$ et $R_0 = 0$. À $t = 0$ on a

$$\left. \frac{dI}{dt} \right|_{t=0} = I_0(\beta S_0 - \alpha) \begin{cases} < 0, & \text{si } S_0 < \delta \\ > 0, & \text{si } S_0 > \delta \end{cases}$$

De plus, $S'(t) < 0, \forall t \geq 0$. Ainsi $S(t) \leq S_0$, et si

- $S_0 < \delta$, alors pour tout $t \geq 0, S(t) \leq \delta$, qui implique que $\forall t \geq 0, I'(t) < 0$. En conclusion, lorsque $t \rightarrow +\infty$, l'infection disparaît car on verra plus loin que I va décroître vers 0.
- $S_0 > \delta$, alors pour tout t tel que $S_0 > \delta, I'(t) > 0$. Cela signifie qu'il existe un $t_1 > 0$, tel que $\forall t \in [0; t_1[, I(t) > I_0$. On dit que l'on ait en **situation épidémique** (car $I(t) > I_0$ pour un certain $t > 0$). En tout temps $t = t_1$, $S(t) = \delta$ et $I'(t) = 0$, puisque pour $t > t_1, S(t) < \delta$ ce qui implique que $I'(t) < 0$. ie I décroît. on verra plus loin que $I \xrightarrow[t \rightarrow \infty]{} 0$

❖ **Le nombre de reproduction de base (basic reproduction number)**

$$\mathcal{R}_0 = \frac{S_0}{\delta}$$

Ce qui précède montre un comportement radicalement différent du système (3.4)

Selon que $S_0 < \delta \Leftrightarrow \frac{S_0}{\delta} < 1$ (situation non épidémique) ou $S_0 > \delta \Leftrightarrow \frac{S_0}{\delta} > 1$

(situation épidémique). Posons $\mathcal{R}_0 = \frac{S_0}{\delta}$, alors il ya épidémie si $\mathcal{R}_0 > 1$ et

absence d'épidémie (disparition rapide de la maladie) si $\mathcal{R}_0 < 1$

. \mathcal{R}_0 détermine quand il ya ou il n'ya pas d'épidémie.

$\mathcal{R}_0 = \frac{S_0}{\delta} = \frac{1}{\alpha} \beta S_0$. comme dans le cas du modèle S-I-S , $\frac{1}{\alpha}$ représente la durée moyenne d'infectivité ou la durée moyenne de la maladie , α représente le taux de contact infectant causé par un individu infecté durant sa période d'infectiosité , et donc \mathcal{R}_0 , représente le nombre de contact infectant causé par un individu infecté durant sa période d'infectivité , et pour qu'il y ait épidémie , chaque individu infecté doit contaminer plus d'un individu.

Etude qualitative du système (3.5)

❖ Les points d'équilibres :

soit $\frac{dS(t)}{dt} = S'(t)=0$ et $\frac{dI(t)}{dt} = I'(t)=0$. La première ($S'(t)=0$) nous donne soit $S(t)=0$, soit $I(t)=0$.

En reportant ces expressions dans la seconde ($I'(t)=0$), on obtient $I(t)=0$ et $S(t) \in [0, N]$, d'ou les points d'équilibres P^* du système (3.5) sont de la forme $(S^*, 0)$ avec $S^* \in [0, N]$.

la solution de est obtenue en résolvant (tant que $I(t) \neq 0$) :

$$\frac{dI(t)}{dS(t)} = \frac{I(t)(\beta(t)S(t) - \alpha(t))}{-\alpha(t)S(t)I(t)} = -1 + \frac{\delta}{S(t)} ; S(0) = S_0; I(0) = I_0$$

Cette équation différentielle est a variables séparées, sa solution est :

$$I(t) = I_0 + \int_0^t (-1 + \frac{\delta}{S}) dS = I_0 - S(t) + \delta \ln(S(t)) + S_0 - \delta \ln(S_0).$$

$I'(t)=0 \Leftrightarrow S = \delta \Rightarrow$ et la fonction $S(t) \rightarrow I(S)$ atteint son maximum en ce point. Ainsi

$$I_{max} = I_0 + S_0 - \delta + \delta \ln\left(\frac{\delta}{S_0}\right).$$

* Etude des trajectoires dans le plan S-I

En divisant membre a membre la première et la troisième équation du système (3.4), on obtient :

$$\frac{dS(t)}{dR(t)} = -\frac{\beta(t)S(t)I(t)}{\alpha(t)I(t)} = -\frac{\beta(t)S(t)}{\alpha(t)} = -\frac{S(t)}{\delta} \Rightarrow \frac{dS(t)}{S} = -\frac{R(t)}{\delta} \Rightarrow$$

$$\forall t \geq 0, S(t) = S_0 e^{-\frac{R(t)}{\delta}}$$

Puisque pour tout $t \geq 0$, on a $R(t) \leq N$, alors $\forall t \geq 0, S(t) \geq S_0 e^{-\frac{R(t)}{\delta}} > 0$ qui implique qu'à la limite $S(\infty) = S_\infty > 0$ (la fonction $t \rightarrow S(t)$ est décroissante car $S'(t) < 0, \forall t \geq 0$ et minorée par 0 donc $\lim_{t \rightarrow \infty} S(t) = S_\infty > 0$ existe et vérifie $S_\infty \in]0, N]$).

D'autre part, $R'(t) > 0$ pour tout $t \geq 0$, donc $t \rightarrow R(t)$ est décroissante et comme elle est majorée par N, alors la aussi $\lim_{t \rightarrow \infty} R(t) = R_\infty$ existe et $R_\infty \in]0, N]$. Comme $\forall t \geq 0 I(t) = N - S(t) - R(t)$, on en déduit que $\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = I_\infty$ existe et vérifie $I_\infty \in]0, N]$. Montrons que $I_\infty = 0$.

Supposons que $I_\infty > 0$, alors $R'(t) \xrightarrow[t \rightarrow \infty]{} \alpha(t)I_\infty$ ie pour $\epsilon = \frac{\alpha(t)I_\infty}{2}$,

$$\exists T \geq 0 \text{ tel que } \forall t > T, \quad R'(t) - \alpha(t)I_\infty > -\epsilon,$$

Càd $\forall t > T, R'(t) > \frac{\alpha I_\infty}{2} > 0$.

D'où

$$\int_T^t R'(u) du > \int_T^t \frac{\alpha(u)I_\infty}{2} du \Rightarrow \forall t > T, R(t) > R(T) - \frac{\alpha(t)I_\infty}{2}T + \frac{\alpha(t)I_\infty}{2}t \xrightarrow[t \rightarrow \infty]{} +\infty$$

Ce qui contredit le fait que R est majorée donc $I_\infty = 0$.

Alors $(S(t), I(t)) \xrightarrow[t \rightarrow \infty]{} (S_\infty, 0) = (S^*, 0) = P_0$, point d'équilibre. pour un $(S_0; I_0)$ initial, la trajectoire coupe l'axe (une seule fois car celle ci est strictement concave) des abscisses ($I=0$) au point d'équilibre P_0 . La valeur $S_\infty \in]0, N]$ est même dans l'intervalle $]0, \delta[$. (car la décroissance strict a lieu des que $S(t) < \delta$).

Ainsi si un petit groupe d'infectés I_0 est insérer dans un groupe de susceptibles S_0 avec $S_0 < \delta$, alors la maladie disparaît rapidement.

Par contre, si $S_0 > \delta$, alors I(t) croit tant que S(t) décroît vers δ , atteint son maximum I_{max} lorsque $S = \delta$ puis décroît vers 0 lorsque S décroît vers S_∞ .

La propagation de l'infection ne s'arrête don pas par manque de susceptibles mais par manque d'individus infectieux (infectés). En particulier, un certain nombre d'individus susceptibles n'auront jamais été malades.

***Comment trouver S_∞ ?**

De $S(t) = S_0 e^{-\frac{R(t)}{\delta}}$ et de $R_\infty = N - S_\infty - I_\infty = N - S_\infty$ on obtient en faisant tendre $t \rightarrow \infty$ (à la limite) $S_\infty = S_0 e^{-\frac{R_\infty}{\delta}} = S_0 e^{-\frac{N-S_\infty}{\delta}}$.

De manière équivalente, si on note s_0 et par s_∞ , respectivement les proportions initiales (à $t=0$) et finale (à $t=\infty$) d'individus susceptibles, alors on a

$$s_\infty = s_0 e^{-\frac{N}{\delta}(1-s_\infty)}.$$

S_∞ est donc solution de l'équation $x = S_0 e^{-\frac{1}{\delta}(N-x)}$ avec $0 < x < \delta$. On montre que cette équation admet une solution unique et celle-ci peut être déterminée numériquement par approximations successives.

***Nature des points d'équilibres**

On a vu que les points d'équilibre du système (3.4) sont les points $(S_\infty, 0, R_\infty)$. La matrice Jacobienne $J(Q^*)$ du système linéarisé autour d'un point Q^* est

$$\begin{pmatrix} 0 & -\beta(t)S_\infty & 0 \\ 0 & \beta(t)(S_\infty - \delta) & 0 \\ 0 & \alpha(t) & 0 \end{pmatrix}.$$

Le spectre de $J(Q^*)$ est l'ensemble $\{0, \alpha(S_\infty - \delta)\}$, $S_\infty - \delta < 0$ et 0 est une valeur propre double. Ainsi les points propre double Q^* sont des points d'équilibres dégénérés car $\det(J(Q^*)) = 0$.

On a vu auparavant que Q^* sont stables si et seulement si E_0 le sous-espace propre associé à la valeur propre double 0 est de dimension 2.

Or $E_0 = \{(x, y, z) \in \mathcal{R}^3, y = 0\}$ est un plan vectoriel de \mathcal{R}^3 donc les points Q^* sont stables. On peut même affirmer qu'ils sont asymptotiquement stables.

***Solution approchée dans le cas d'une épidémie dite non sévère**

Partons de $S(t) = S_0 e^{-\frac{R(t)}{\delta}}$, comme $R'(t) = \alpha(t)I(t) = \alpha(t)(N - S(t) - R(t))$ on en déduit que

$$R'(t) = \alpha(t)(N - R(t) - S_0 e^{-\frac{R(t)}{\delta}}).$$

Supposons que $\frac{R(t)}{\delta}$ petit (par exemple δ grand devant $R(t)$, **épidémie dite non sévère**) alors :

$$e^{-\frac{R}{\delta}} \approx 1 - \frac{R}{\delta} + \frac{R^2}{2\delta^2}, \quad \text{par suite } R'(t) = \alpha(N - R - S_0 + \frac{S_0 R}{\delta} + \frac{S_0 R^2}{2\delta^2})$$

(Il est nécessaire d'aller jusqu'à l'ordre 2 car $S_0 \approx \delta$ on aurait

$$R'(t) = \alpha(t)(N - S_0) \text{ ie pas de terme en } R).$$

$$R'(t) = \alpha(t) \left(N - S_0 + \left(\frac{S_0}{\delta} - 1 \right) R + \frac{S_0 R^2}{2\delta^2} \right), \text{ c-à-d}$$

$$\frac{dR(t)}{\alpha(t) \left(N - S_0 + \left(\frac{S_0}{\delta} - 1 \right) R(t) + \frac{S_0 R^2}{2\delta^2} \right)} = dt$$

Qui donne

$$R(t) = \frac{\delta^2}{S_0} \left\{ \frac{S_0}{\delta} - 1 + \alpha(t) \tanh \left(\frac{1}{2} \gamma \alpha t - \Phi \right) \right\}$$

Ou tanh désigne la fonction tangente hyperbolique.

$$\gamma = \sqrt{\left(\frac{S_0}{\delta} - 1 \right)^2 + 2 \frac{S_0 I_0}{\delta^2}} \text{ et } \Phi = \tanh^{-1} \left(\frac{1}{\gamma} \left(\frac{S_0}{\delta} - 1 \right) \right)$$

d'où :

$$R(t) \xrightarrow[t \rightarrow \infty]{} R_\infty = \frac{\delta^2}{S_0} \left(\frac{S_0}{\delta} - 1 + \gamma \right) \quad (3.6)$$

De plus , si

$$\frac{2S_0 R^2}{\delta^2} \ll \left(\frac{S_0}{\delta} - 1 \right)^2, \text{ alors } \gamma \cong \frac{S_0}{\delta} - 1 \text{ et par suite } R_\infty \approx 2\delta \left(1 - \frac{\delta}{S_0} \right).$$

Remarque

$$\text{Comme } \tanh(u)' = \text{sech}^2(u) = \frac{1}{\cosh^2(u)} = \left(\frac{2}{e^u + e^{-u}} \right)$$

Car $\text{sech}(u) = \frac{1}{\cosh(u)}$, on a donc

$$R'(t) = \frac{\alpha \gamma^2 \delta^2}{2S_0} \text{sech}^2 \left(\frac{1}{2} \alpha \gamma t - \Phi \right)$$

*Estimation de la taille de l'épidémie lorsque $S_0 \approx \delta$ et $S_0 > \delta$

Posons $S_0 = \delta + \epsilon$ avec $\epsilon > 0, \frac{\epsilon}{\delta} = \theta(1)$ ie $\epsilon \ll \delta$

En reportant l'expression de S_0 dans (3.6), on obtient

$$R_\infty \sim 2\delta \left(1 - \frac{\delta}{\delta + \epsilon} \right) = 2\epsilon \delta \frac{1}{\delta + \epsilon} = 2\epsilon \left(1 + \frac{\epsilon}{\delta} \right) = 2\epsilon + \theta(1)$$

Comme $S_\infty = N - R_\infty - I_\infty = N - R_\infty = S_0 + I_0 + R_0 - R_\infty$ et comme $I_0 \approx 0$ et que $R_0 = 0$ on en déduit que $S_\infty \approx S_0 - R_\infty \approx \delta - \epsilon$ d'où

$I_{total} = I_0 - (S_0 - S_\infty) \approx S_0 - S_\infty \approx \delta - \epsilon$ est le nombre approximatif d'individus infectés durant l'épidémie.

***Estimation des paramètres du modèle**

De $I(S) = I_0 + S_0 - S + \delta \ln\left(\frac{S}{S_0}\right) = N - R_0 - S + \delta \ln\left(\frac{S}{S_0}\right)$

Et de $S(t) \xrightarrow[t \rightarrow \infty]{} S_\infty (< \delta)$ et de $I(t) \xrightarrow[t \rightarrow \infty]{} 0$ on en déduit les estimations de δ et \mathcal{R}_0 suivantes :

$$\frac{1}{\delta} = \frac{\alpha}{\beta} = \frac{\ln(S_0/S_\infty)}{N - S_\infty} \approx \frac{\ln(S_0/S_\infty)}{S_0 - S_\infty}$$

Pour $S_0 \approx N \Rightarrow \mathcal{R}_0 = S_0 \frac{\ln(S_0/S_\infty)}{N - S_\infty} \approx S \frac{\ln(S_0/S_\infty)}{S_0 - S_\infty}$.

Les quantités S_0 et S_∞ peuvent être estimées par une étude sérologique faite avant et après l'épidémie. On peut en outre estimer le nombre maximum d'individus infectés :

$$I_{max} = I(S = \delta) = I_0 + S_0 - \delta + \delta \ln\left(\frac{\delta}{S_0}\right)$$

En général il est difficile d'estimer le taux de contact β car il dépend de la maladie étudiée, mais peut aussi dépendre de facteurs et comportement sociaux.

***Réduction de \mathcal{R}_0**

Comme mesure préventive, afin d'empêcher l'apparition d'une épidémie, si des individus infectieux sont introduit dans une population saine ou des susceptibles peuvent contracter l'infection. il est nécessaire de rendre $\mathcal{R}_0 < 1$ (ou a un degré moindre essayer de diminuer \mathcal{R}_0) de sorte que la manifestation disparaisse rapidement sans qu'il y ait eu d'épidémie. On peut parfois y arriver par immunisation. Cette mesure aura pour but de transférer d'emblée certain individus de compartiment S vers le compartiment R ; donc de réduire S_0 . Si une fraction p de la population est immunisée avec succès, alors le nombre initial de susceptibles passera de S_0 à $S'_0 = (1 - p)S_0$, ce qui donnera $\mathcal{R}'_0 = \frac{S'_0}{\delta} = \frac{(1-p)S_0}{\delta}$.

Si on veut $\mathcal{R}'_0 < 1$, alors il faudra vacciner toute la proportion $p > 1 - \frac{1}{\mathcal{R}_0}$. on voit que plus \mathcal{R}_0 est grand, plus grande sera la proportion p de gens à vacciner.

Exemple d'étude ; cas d'une épidémie dite sévère $\left(\frac{R(t)}{\delta} \text{ non petit}\right)$

Epidémie de grippe (INFLUENZA) dans un internat en Angleterre en 1978.
(Source : British Medical Journal, numéro du 4mars 1978)

$N = 763$; $t_0 = 0 = 22$ janvier 1978 , $I_0 = 1 \Rightarrow S_0 = 762$.

L'épidémie à été sévère car $\frac{R(t)}{\delta}$ n'est pas petit, on a donc recours au système entier (ajustement aux données) puisqu'on ne peut plus utiliser les approximations vues précédemment. L'analyse de ces données à montré que la durée moyenne de la maladie était d'environ 2,5 jours.

Les résultats de l'article sont :

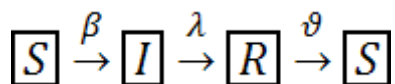
$$\beta \approx 0.00218, \delta \approx 202.$$

On a un programme basé sur une grille pour estimer conjointement β et δ . Les résultats donnent :

$$\beta \approx 0,00221, \alpha \approx 0,43995 \Rightarrow \delta \approx 199,43, \mathcal{R}_0 \approx 3,77$$

IV : Le modèle S-I-R-S (sans naissance – mort)

IV.1 Le modèle



$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta(t)S(t)I(t) + \vartheta(t)R(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta(t)S(t)I(t) - \lambda(t)I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} = \lambda(t)I(t) - \vartheta(t)R(t) \end{cases} \quad (1)$$

$$S(0) + I(0) + R(0) = S_0 + I_0 + R_0 = S_0 + I_0 = N$$

$$S'(t) + I'(t) + R'(t) = 0 \Rightarrow \forall t \geq 0,$$

$$S(t) + I(t) + R(t) = N = S_0 + I_0 + R_0 (= 0) = S_0 + I_0$$

Dans ce cas aussi ce système se réduit au système suivant :

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = (-\beta(t)S(t) + \vartheta(t))I(t) + \vartheta(t)(N - S(t)) \\ \frac{dI(t)}{dt} = (\beta(t)S(t) - \lambda(t))I(t) \end{cases} \quad (2)$$

$$0 \leq S(t) + I(t) \leq N; \text{ avec } S_0 + I_0 = N.$$

4.2 Recherche des points d'équilibres

$$(I'=0 \Leftrightarrow I^* = 0, \text{ ou } S^* = \frac{\lambda}{\beta}) \text{ et } (S'=0 \Leftrightarrow I^*(S^*) = \frac{\vartheta(N-S^*)}{\beta S^* + \vartheta}).$$

Soit $I_1^* = 0$ et $S_1^* = N$, qui donne le point $P_1^* = (S_1^*, I_1^*)$ et $S_2^* = \frac{\lambda}{\beta}$; et

$$S_2^* = \frac{\lambda}{\beta} \text{ et } I_2^* = \frac{\vartheta}{\lambda} \frac{\beta N - \lambda}{\lambda}, \text{ qui donne le point } P_2^* = (S_2^*, I_2^*).$$

Remarque : P_2^* existe si et seulement si $I \geq 0_2^*$ i.e. Si et seulement si $\beta N - \lambda \geq 0$.

$$I(S) = \frac{\vartheta(N-S)}{\beta S + \vartheta} \Rightarrow I'(S) = -\frac{\vartheta(\beta N + \vartheta)}{(\beta S + \vartheta)^2} \text{ et } I''(S) < 0$$

On en déduit que I est une fonction de S strictement décroissante et convexe sur l'intervalle $[0; S]$.

4.3 Stabilité des points d'équilibres

$$\text{soit } J(S^*) = J(P^*) = \begin{pmatrix} \frac{\partial S'(P^*)}{\partial S} & \frac{\partial S'(P^*)}{\partial I} \\ \frac{\partial I'(P^*)}{\partial S} & \frac{\partial I'(P^*)}{\partial I} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -\beta I^* - \vartheta & -\beta S^* - \vartheta \\ \beta I^* & \beta S^* - \lambda \end{pmatrix} J(S^*),$$

La matrice Jacobienne du système linéarisé autour du point P^* ;

$\tau = \text{tr}(J(S^*, I^*))$; et $\rho = \det(J(S^*, I^*))$, respectivement la trace et le déterminant de la matrice (S^*, I^*) .

4.3.1 Stabilité du point P_1^*

$$J_1 = J(P_1^*) = \begin{pmatrix} -\vartheta & -(\beta N + \vartheta) \\ 0 & \beta N - \lambda \end{pmatrix}$$

La matrice étant diagonale, les valeurs propres de J_1 sont : $\lambda_1 = -\vartheta$ et $\lambda_2 = \beta N - \lambda$.

P_1^* étant localement asymptotiquement stable ssi $\lambda_1 < 0$ et $\lambda_2 < 0$. (ou de manière équivalente ssi $\tau_1 = \text{tr}(J_1) = -\vartheta + \beta N - \lambda < 0$ et $\rho_1 = \det(J_1) = -\vartheta(\beta N - \lambda) > 0$).

Soit $R_0 = \frac{\beta N}{\lambda}$, alors P_1^* est localement asymptotiquement stable ssi $R_0 < 1$

(**nœud stable**) et dans ce cas $I_2^* < 0$ i.e. P_2^* n'existe pas.

4.3.2 stabilité du point P_2^*

Nécessairement $\beta N - \vartheta > 0 \Leftrightarrow R_0 > 1$

$$J_2 = J(P_2^*) = \begin{pmatrix} -(\beta I_2^* + \vartheta) & -(\beta + \vartheta) \\ \beta I_2^* & 0 \end{pmatrix}$$

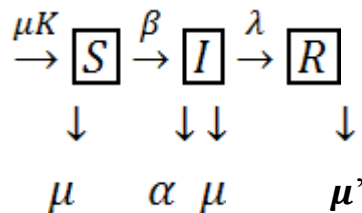
Soit $\tau_2 = \text{tr}(J_2) = -(\beta I_2^* + \vartheta)$ et $\rho_2 = \det(J_2) = -\beta(\lambda + \vartheta)I_2^*$.

Alors $\tau_2 < 0$ et $\rho_2 > 0$ ce qui signifie que lorsque P_2^* est toujours localement asymptotiquement stable, n'oublions pas que cela signifie aussi que $R_0 > 1$. Mais dans ce cas P_1^* existe toujours et est alors instable car la valeur propre $\lambda_2 > 0$; il est alors appelé **un point selle**, donc toujours **instable**.

V: Le modèle S-I-R (avec naissances-morts dues a la maladie)

Ce modèle peut être utilisé pour modéliser une maladie qui peut être fatale pour certains individus infectieux. Pour une telle maladie, la classe R des individus retirés ne doit contenir que les individus guéris, pas ceux retirés par mort due a la maladie.

Dans ce cas N n'est plus constant au cours du temps. Le modèle le plus simple consiste a supposer un taux de naissance constant :



$$\begin{cases}
 S'(t) = \mu(t)K(t) - \beta(t)S(t)I(t) - \mu(t)S(t) \\
 I'(t) = \beta(t)S(t)I(t) - \lambda(t)I(t) - \alpha(t)I(t) - \mu(t)I(t) \\
 R'(t) = \lambda(t)I(t) - \mu(t)R(t)
 \end{cases}$$

Avec $S(0)+I(0)+R(0)=N(0)$

Ou

$\mu(t)K(t)$: Nombre de naissances (par unité de temps)

$\mu(t)$: Taux de naissance (par unité de temps et par individu).

K : la taille maximale possible (constante) plutôt que la taille de la population notée d'habitude $N(t)=S(t)+I(t)+R(t)$,

αI : Nombre de morts dues a l'infection.

λI : Nombres d'individus guéris, avec immunité contre la réinfection.

μ' : Taux de mort de la classe R

Comme on a supposé $\alpha > 0$, il vient que $N(t) = S(t) + I(t) + R(t)$ est non constante au cours du temps. De plus comme pour les modèles précédents R ne figure pas dans les deux premières équations du système non linéaire ; celui-ci se réduit au système suivant :

$$\begin{cases} S'(t) = \mu(t)K(t) - \beta(t)S(t)I(t) - \mu(t)S(t) \\ I'(t) = \beta(t)S(t)I(t) - (\mu(t) + \alpha(t) + \lambda(t))I(t) \\ S_0 + I_0 = N(0) \end{cases}$$

Recherche des points d'équilibres

$(I'(t)=0 \Leftrightarrow I^* = 0, \text{ ou } S^* = \frac{\lambda + \alpha + \mu}{\beta} \text{ si } S^* < K) \text{ et}$

$(S'(t)=0 \Leftrightarrow (\beta I^* + \mu)S^* - \mu K = 0) \text{ ie } I^*(S^*) = \frac{\mu K - \mu S^*}{\beta S^*}$

Soit $I_1^* = 0 \text{ et } S_1^* = K$, qui donne $P_1^* = (S_1^*, I_1^*)$ et

$I_2^* = \frac{\mu K}{\lambda + \alpha + \mu} - \frac{\mu}{\beta} \text{ et } S_2^* = \frac{\lambda + \alpha + \mu}{\beta}$, qui donne le point $P_2^* = (S_2^*, I_2^*)$.

Remarque

P_2^* existe si et seulement si $I_2^* \geq 0$ c'ad $\mathcal{R}_0 = \frac{\mu K}{\mu + \alpha + \lambda} > 1$ $\mu K - (\mu + \alpha + \lambda) \geq 0$ ou d'une autre manière : $\mathcal{R}_0 = \frac{\mu K}{\mu + \alpha + \lambda} > 1$.

Soit $J(S^*, I^*) = J(P^*) = \begin{bmatrix} \frac{\partial S'}{\partial S}(P^*) & \frac{\partial S'}{\partial I}(P^*) \\ \frac{\partial I'}{\partial S}(P^*) & \frac{\partial I'}{\partial I}(P^*) \end{bmatrix}$

$= \begin{bmatrix} -\beta(t)I^* - \mu & -\beta S^* \\ \beta(t)S^* - (\mu(t) + \alpha(t) + \lambda(t)) & \end{bmatrix}$

La matrice Jacobienne du système linéarisé autour du point P^* , $\tau = \text{tr}(J(S^*, I^*))$, et $\delta = \det(J(S^*, I^*))$ respectivement la trace et le déterminant de la matrice $J(S^*, I^*)$.

Stabilité du point P_1^*

$J_1 = J(P_1^*) = \begin{bmatrix} -\mu(t) & -\beta(t)K(t) \\ 0 & \beta(t)K(t) - (\mu(t) + \alpha(t) + \lambda(t)) \end{bmatrix}$

La matrice étant diagonale, les valeurs propres de J_1 sont :

$$\lambda_1 = -\varrho \text{ et } \lambda_2 = \beta K - (\varrho + \alpha + \lambda) = (\varrho + \alpha + \lambda) (\mathcal{R}_0 - 1).$$

P_1^* est localement asymptotiquement stable si et seulement si $\lambda_1 < 0$ et $\lambda_2 < 0$ (ou de manière équivalente ssi $\tau_1 = \text{tr}(J_1) < 0$ et $\delta_1 = \det(J_1) > 0$).

P_1^* est l.a.s ssi $\mathcal{R}_0 < 1$ (nœud stable) et dans ce cas, $I_2^* < 0$ i.e. P_2^* n'existe pas.

Stabilité du point d'équilibre P_2^*

Nécessairement $\mathcal{R}_0 > 1$ et dans ce cas $\lambda_2 > 0$, par suite P_1^* existe mais est instable comme point selle.

$$J_2 = J(P_2^*) = \begin{bmatrix} -(\beta I_2^* + \varrho) & -\beta S_2^* \\ \beta I_2^* & \beta S_2^* - (\varrho + \alpha + \lambda) \end{bmatrix}$$

$$= \begin{bmatrix} -\beta \left(\frac{\varrho K}{\alpha + \varrho + \lambda} - \frac{\varrho}{\beta} \right) - \varrho & -(\varrho + \alpha + \lambda) \\ \beta \left(\frac{\varrho K}{\varrho + \alpha + \lambda} - \frac{\varrho}{\beta} \right) & 0 \end{bmatrix}.$$

Soit $\tau_2 = \text{tr}(J_2) = -(\beta I_2^* + \varrho) < 0$ et $\det(J_2) = \beta^2 S_2^* I_2^* > 0$ ce qui signifie lorsqu'il existe P_2^* est toujours l.a.s.

Conclusion :

$$S'(t) + R'(t) + R'(t) = N'(t) = \mu(t)K(t) - \mu(t)I(t) - \alpha(t)I(t).$$

A l'équilibre endémique P_2^* , $N'(t) = 0$ nous donne $N_2^* = K - \frac{\alpha}{\varrho} I_2^*$ et la population se réduit de $\frac{\alpha}{\varrho} I_2^*$ individus.

Le paramètre α peut être interprété comme décrivant la pathogénicité (aptitude d'un germe à provoquer une maladie. Elle est fonction de la virulence du germe et de la réaction de l'hôte : c'est les défenses naturelles et défenses spécifiques) du germe provoquant la maladie.

*si α est grand, il est peu probable que $\mathcal{R}_0 > 1$.

si α est petit, la taille totale de la population à l'état d'équilibre endémique N_2^ est proche de la capacité maximale K de la population.

Ainsi une diminution de K provoquée par la maladie sera effective pour des maladies pathogénicité intermédiaire.

Les modèles S-I-R avec naissance –mort S-I-R-S et S-I-S supportent un point endémique, ce qui propose que la condition d'existence d'un tel point vient du flux de nouveaux susceptibles, soit au travers des naissances, soit au travers des guérisons sans immunité contre la réinfection.

Dans le cas des maladies infectieuses sans moyen de guérison, c-à-d il n'ya pas d'immunité contre la maladie, comme par exemple VIH/SIDA on propose un modèle à deux types, on ne s'intéresse qu'aux deux populations des HIV qu'on notera $S(t)$ et celle des Sidéens noté $I(t)$.

Parti II : MODELES STOCHASTIQUES

L'approche stochastique est importante pour l'étude de l'évolution d'une épidémie quand la taille de la population est relativement petite.

On utilisera un modèle à temps discret avec comme unité de temps, la période de latence (qui peut varier de un a plusieurs jours).

Il existe deux modèles classiques :

- a) Modèle de REED et FROST
- b) Modèle de GREENWOOD

I MODELE DE GREENWOOD ET REED-FROST

Soient X_t : Nombre de susceptibles au temps t.

Y_t : Nombre d'infectieux au temps t.

Sous les conditions initiales $X_0 = x_0$ et $Y_0 = y_0 \geq 1$

Soit P : probabilité de contact entre les infectieux et les susceptibles

β : Probabilité que ce contact provoque une infection

α : Probabilité q y_t qu'il n'y est aucune infection après contact

On a $\alpha = 1 - P + P(1 - \beta) = 1 - P\beta$

Supposons que l'infectieux Y_t est identifié et est retiré de la population on obtient :

$$X_t + Y_t = X_{t-1}$$

Dans ce cas α peut être considéré comme la population des non infectieux.

Et le nombre d'infectieux y_t au temps t est déterminé par x_{t-1} et x_t ie

$$y_t = x_{t-1} - x_t \text{ et}$$

$$P_{(x,t)t,(x,y)t+1} \equiv P\{(X,Y)_{t+1} = (x,y)_{t+1} / (X,Y)_t = (x,y)_t\} \dots\dots\dots(1)$$

$$= \binom{x_t}{x_{t+1}} \alpha^{x_{t+1}} (1-\alpha)^{y_{t+1}} = \binom{x_t}{x_{t+1}} \alpha^{x_{t+1}} (1-\alpha)^{x_t - x_{t+1}} .$$

Où $\{X_t; t = 0, 1, \dots\}$ est une chaîne de Markov avec $Y_{t+1} = X_t - X_{t+1}$.

En particulier dans le modèle de REED-FROST un individu susceptible au temps 't' reste susceptible au temps 't+1' si tout contact avec un infectieux ne produit pas d'infection.

Cet événement se produit avec une probabilité α^{Y_t} c.-à-d. $X_t \approx Bin(X_t, \alpha^{Y_t})$

Où
$$\left[Bin(n, \pi) = \binom{n}{j} \pi^j (1-\pi)^{n-j}, j = 0, \dots, n \right]$$

Et la matrice des probabilités de transitions de la première étape a pour éléments

$P_{(x,t)t,(x,y)t+1}$ donnée par :

$$P_{(x,t)t,(x,y)t+1} = \binom{x_t}{x_{t+1}} \alpha^{y_t x_{t+1}} (1-\alpha^{y_t})^{y_{t+1}} . \quad (2)$$

Il s'ensuit que les réalisations $(x,y)_0, (x,y)_1, \dots, (x,y)_T$ de l'épidémie ont pour probabilité une chaîne binomiale de produits de la forme (2) .

Remarque :

Le nombre d'infectieux dans une chaîne binomiale successive est déterminé par une distribution binomiale.

En particulier de (1) on a :

$$E(X_{t+1} / X_t) = \alpha X_t$$

$$E(X_t / X_0 = x_0) = \alpha^t x_0$$

$$E(Y_t / X_0 = x_0) = \alpha^{t-1} (1-\alpha) x_0 .$$

Ce qui implique que $E(X_t) \rightarrow 0$ quand $t \rightarrow \infty$.

II) Méthode des p. g. f du modèle de GREENWOOD

La matrice donnée dans (1) est triangulaire d'ordre $(x_0 + 1)$ et est égale a :

$$\begin{pmatrix} 1 & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ 1-\alpha & \alpha & \cdot & \cdots & \cdot \\ (1-\alpha)^2 & 2(1-\alpha)\alpha & \alpha^2 & \cdots & \cdot \\ \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \cdot \\ (1-\alpha)^{x_0} & x_0(1-\alpha)^{x_0-1}\alpha & \binom{x_0}{2}(1-\alpha)^{x_0-2}\alpha^2 & \cdots & \alpha^{x_0} \end{pmatrix} \dots\dots\dots(3)$$

On s'intéresse au premier temps T quand il n'y a pas d'infection et au nombre W de susceptibles infectés.

Numériquement il est facile de trouver la distribution jointe de T et W.

Soit $P_i^0 = \Pr(X_0 = i) = \delta_{x_0 i}$ on a

$$\text{Ou } P_j^t = \Pr\{X_t = j, Y_t \geq 0\} = \sum_{i=j+1}^{x_0-(t-1)} P_i^{t-1} P_{ij} \dots\dots\dots(4)$$

Ou pour tout entier $t \geq 1$ et $j=0, \dots, i$,

$$P_{ij} = \Pr\{X_{t+1} = j / X_t = i, Y_t > 0\} = \binom{i}{j} (1-\alpha)^{i-j} \alpha^j.$$

En utilise (4) pour calculer récursivement P_{i-k}^{n-1}

$$\Pr\{(W, T) = (k, n) / X_0 = i, Y_0 > 0\} = P_{i-k}^{n-1} P_{i-k, i-k} = P_{i-k}^{n-1} \alpha^{i-k}.$$

En utilisant la méthode des fonctions de probabilités génératrices (p,g,f) on peut trouver la distribution de (W,T).

On rappelle que l'épidémie s'arrête au moindre entier 't' tel que $Y_t = 0$, ou par équivalence, au moindre 't' tel que $X_t = X_{t-1}$.

En partitionnant la matrice (3) comme suit $P = \tilde{P} + Q$ ou $Q = \text{diag}(1, \alpha, \dots, \alpha^{x_0})$ et

$$\tilde{P} = \begin{pmatrix} 0 & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ 1-\alpha & 0 & \cdot & \cdots & \cdot \\ (1-\alpha)^2 & 2(1-\alpha)\alpha & 0 & \cdots & \cdot \\ \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \cdot \\ (1-\alpha)^{x_0} & x_0(1-\alpha)^{x_0-1}\alpha & \binom{x_0}{2}(1-\alpha)^{x_0-2}\alpha^2 & \cdots & 0 \end{pmatrix}$$

Ou \tilde{P} : est une matrice triangulaire des probabilités de transitions qui ne permet aucune répétition.

Et Q : matrice des probabilités de répétitions de l'état X_t ie pour la transition $\{X_{t-1} = i\} \rightarrow \{X_t = i\}$.

Pour un certain état i et pour $Y_t=0$ on obtient :

$$\Pr(T=t) = A' \tilde{P}^{t-1} QE \quad (t= 1, \dots, x_0+1)$$

Ou $A'=(0,0,\dots,1)$: vecteur des probabilités initiales correspondant a $\Pr\{X_0 = x_0\}=1$ et $E' = (1,1,\dots,1)$: vecteur ligne unité.

Le processus permet de mettre exactement $(t-1)$ vers le bas le début des transitions de x_0 a travers des états intermédiaires pour terminer comme somme des états $x_0-(t-1), \dots, 0$, sans repetitions. et de s'arrêter au temps t quand l'état $\{X_{t-1} = i\}$ est répéter .

La distribution des probabilités des fonctions génératrices est donnée par :

$$\Psi_T(\theta) = A' \left(\sum_{t=1}^{\infty} \tilde{P}^{t-1} \theta^{t-1} \right) QE = A' (I - \theta \tilde{P})^{-1} \theta QE \quad \dots \dots \dots (5)$$

ou $\tilde{P}^j = 0$ pour $j > x_0 + 1$.

Exemple 1

Considérons un modèle de Greenwood pour une famille de trois susceptibles et un infectieux avec une matrice de probabilité de transitions :

$$P = \begin{pmatrix} 1 & \cdot & \cdot & \cdot \\ 1-\alpha & \alpha & \cdot & \cdot \\ (1-\alpha)^2 & 2(1-\alpha)\alpha & \alpha^2 & \cdot \\ (1-\alpha)^3 & 3(1-\alpha)^2\alpha & 3(1-\alpha)\alpha^2 & \alpha^3 \end{pmatrix}$$

La p.g.f $\Psi_T(\theta)$ de la durée de l'épidémie est égale a :

$$(0, 0, 0, 1) (I - \theta \tilde{P})^{-1} \theta \begin{pmatrix} 1 \\ \alpha \\ \alpha^2 \\ \alpha^3 \end{pmatrix} = (0, 0, 0, 1) (I + \theta \tilde{P} + \theta^2 \tilde{P}^2 + \theta^3 \tilde{P}^3) \theta \begin{pmatrix} 1 \\ \alpha \\ \alpha^2 \\ \alpha^3 \end{pmatrix}$$

$$= (0, 0, 0, 1) \left\{ \begin{bmatrix} 1 & \cdot & \cdot & \cdot \\ \cdot & 1 & \cdot & \cdot \\ \cdot & \cdot & 1 & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdot & 1 \end{bmatrix} + \theta \begin{bmatrix} 0 & \cdot & \cdot & \cdot \\ 1-\alpha & 0 & \cdot & \cdot \\ (1-\alpha)^2 & 2\alpha(1-\alpha) & 0 & \cdot \\ (1-\alpha)^3 & 3\alpha(1-\alpha)^2 & 3\alpha^2(1-\alpha) & 0 \end{bmatrix} \right.$$

$$+ \theta^2 \begin{bmatrix} 0 & \cdot & \cdot & \cdot \\ 0 & 0 & \cdot & \cdot \\ 2\alpha(1-\alpha)^2 & 0 & 0 & \cdot \\ 3\alpha(1-\alpha)^3(1+\alpha) & 6\alpha^3(1-\alpha)^2 & 0 & 0 \end{bmatrix} + \theta^3 \begin{bmatrix} 0 & \cdot & \cdot & \cdot \\ 0 & 0 & \cdot & \cdot \\ 0 & 0 & 0 & \cdot \\ 6\alpha^3(1-\alpha)^3 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} \left. \vphantom{\begin{bmatrix} 0 & \cdot & \cdot & \cdot \\ 0 & 0 & \cdot & \cdot \\ 0 & 0 & 0 & \cdot \\ 6\alpha^3(1-\alpha)^3 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}} \right\} \theta \begin{pmatrix} 1 \\ \alpha \\ \alpha^2 \\ \alpha^3 \end{pmatrix}$$

Ou $\Pr(T=1) = \alpha^3$, $\Pr(T=2) = (1-\alpha)^3 + 3\alpha^2(1-\alpha)^2 + 3\alpha^4(1-\alpha)$,

$\Pr(T=3) = 3\alpha(1+\alpha)(1-\alpha)^3 + 6\alpha^4(1-\alpha)^2$,

$\Pr(T=4) = 6\alpha^3(1-\alpha)^3$.

La somme de ces probabilités est égale a 1.

Pour trouver la p,g,f de la taille de l'épidémie W , en tenant compte qu'a tout temps le nombre X_t décroît ,le nombre d'infectieux croit, pour une période de transition ou X_t croit , la matrice $\tilde{P}(\varphi)$ des p,g,f pour les nouveaux infectieux est égale a :

$$\begin{bmatrix} 0 & \cdot & \cdots & \cdot & \cdot & \cdot \\ (1-\alpha)\varphi & 0 & \cdots & \cdot & \cdot & \cdot \\ ((1-\alpha)\varphi)^2 & 2\alpha(1-\alpha)\varphi & \cdots & \cdot & \cdot & \cdot \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \vdots \\ ((1-\alpha)\varphi)^{x_0} & \binom{x_0}{1}\alpha((1-\alpha)\varphi)^{x_0-1} & \cdots & \binom{x_0}{1}\alpha^{x_0-1}(1-\alpha)\varphi & 0 & \end{bmatrix}.$$

Ou la n^{eme} sous-diagonale est l'ensemble des probabilités équivalentes dans \tilde{P} multiplier par φ^n pour $n=1, \dots, x_0$. De la même manière $\tilde{P}^2(\varphi)$ a pour éléments $\Pr(X_{t+2} = j / X_t = i)$ multiplier par φ^{i-j} qui reflète le total des (i-j) infectieux au temps t+1 et t+2 . en utilisant les mêmes arguments et utilisant la relation (5) , on montre que la p,g,f jointe de (W,T), ou W est la taille totale de l'épidémie , est donnée par

$$\Psi_{W,T}(\varphi, \theta) = A'(I - \theta\tilde{P}(\varphi))^{-1}\theta QE \quad (|\varphi| \leq 1, |\theta| \leq 1).$$

Exemple 2

Pour le même exemple que précédemment on explicitera la p,g,f jointe .

III propriétés du Modèle de Reed-Frost

Dans le modèle de Reed Frost avec $X_0 = x_0 \geq y_0 = Y_0$, la matrice de transition a pour élément (3) .tan disque dans le modèle de Green Wood il suffit de connaître X_t pour chaque instant.

Ce qui nous oblige a connaître X_t et Y_t en même temps , ou de la même manière a connaître $X_{t-1} = X_t + Y_t$ pour $\{(X_t, X_{t-1}), t = 1, 2, \dots\}$ qui est une chaîne de Markov ;si on suppose que $X_{-1} = X_0 + Y_0 = x_0 + y_0$ on aura une chaîne de Markov bivariée .

La matrice des probabilités de transitions de $P_{(x,y)_t, (x,y)_{t+1}}$ s'écrit comme une matrice de partition P d'ordre $(x_0 + 1)^2 \times (x_0 + 1)^2$ donnée par :

$$P = \begin{bmatrix} P_{00} & 0 & \dots & 0 \\ P_{10} & P_{11} & \dots & P_{1x_0} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ P_{x_0 0} & P_{x_0 1} & \dots & P_{x_0 x_0} \end{bmatrix} \dots \dots \dots (6)$$

Ou chaque sous- matrice P_{ij} est carré d'ordre $(x_0 + 1)$ avec $P_{ij} = (P(k, i), (l, j))$ pour

$$P_{(k,i),(l,j)} = P[(X, Y)_{t+1} = (l, j) / (X, Y)_t = (k, i)] = \binom{k}{l} (1 - \alpha^i)^j \alpha^{il} ,$$

Et $P_{(k,i),(l,j)} = 0$ ailleurs

Pour $j \leq k \leq x_0 + 1 - j$ on a P_{ij} égales a :

$$\begin{bmatrix} 0 & 0 & \dots & 0 & \dots & 0 \\ 0 & 0 & \dots & 0 & \dots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \ddots & \vdots \\ (1 - \alpha^i)^j & 0 & \dots & 0 & \dots & 0 \\ 0 & (j + 1)\alpha^i (1 - \alpha^i)^j & \dots & 0 & \dots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & 0 & \dots & 0 \\ 0 & 0 & \dots & \binom{x_0}{x_0 - j} \alpha^{i(x_0 - j)} (1 - \alpha^i)^j & \dots & 0 \end{bmatrix} .$$

Posons $A' = (0, \dots, 0, 1, 0, \dots, 0)$ ou 1 vient a la place de $(x, y)_0$, il vient que la durée T de l'épidémie a

$\Pr(T=t) = A' \tilde{P}^{t-1} Q E$, avec $E' = (1, 1, 1, \dots, 1)$ et $P = Q + \tilde{P}$ ou Q est une matrice carré d'ordre $(x_0 + 1)^2$ ie constitué des premiers $(x_0 + 1)$ colonnes de P dans (6) et le reste sont égaux a zéro. T a pour fonction génératrice ;

$$\Psi_T(\theta) = A'(I - \theta \tilde{P})^{-1} \theta Q E$$

Et de la même manière la probabilité des fonctions génératrices jointe de (W, T) ou W est la taille totale de l'épidémie et T sa durée est égale a

$$\Psi_{W,T}(\varphi, \theta) = A'(I - \theta \tilde{P}(\varphi))^{-1} \theta Q E$$

Ou $\tilde{P}(\varphi)$ est égale a \tilde{P} modifiée (ie l'élément dans la j'ème sous diagonale des composants de la matrice P_{ij} dans (6) est multiplié par φ^j .

Remarque

Il est clair que l'utilisation des modèles de Greenwood et Reed-Frost est similaire ou identique malgré que le dernier demande plus de calculs.

IV chaîne avec une probabilité d'infection qui varie entre les sous-groupes

Abbey(1952), Bailey(1955), Becker(1989) ont utilisés les chaînes de modèles binomiales, mais une question s'est poser, si tous les individus ont la même susceptibilité d'infection.

Ou l'introduction du taux de non infection α qui varie entre les sous-groupes.

Remarque :

Si α suit une loi gamma les calculs mathématiques sont plus faciles.

Soit P : probabilité de contact entre les x_0 individus par unité de temps.

β : Probabilité de transmission conditionnellement au contact.

Soit $P\beta$: Probabilité d'infection.

$\alpha = 1 - P\beta$: Probabilité de non infection.

On assure que α varie d'un sous groupe à un autre.

$f(\alpha)$: Fonction densité de la v.a α .

Notons $P(\alpha) = P[(X, Y)_{(0, T)} / \alpha]$ ou $(X, Y)_{(0, T)} = \{(X, Y)_t; t = 0, 1, \dots, T\}$.

On souhaite atteindre la moyenne $P(\alpha)$ pour toute valeur de α dans $(0, 1)$.

On donne $\int_{\alpha=0}^1 P(\alpha).f(\alpha).d\alpha$

Ou $f(\cdot)$: fonction bêta de la forme $(1 - \alpha)^{a-1} \alpha^{b-1} / B(a, b)$ pour $a, b > 0$.

On illustre la procédure des deux modèles de Greenwood et Reed-Frost avec les probabilités de transitions données dans (1) et (2).

Dans le cas précédent ces probabilités sont de la forme binomiales :

$$P_{ij}(\alpha) = P[X_{t+1} = j / X_t = i] = \binom{i}{j} (1 - \alpha)^{i+j} \alpha^j .$$

Supposons que α suit une loi bêta, en intégrant sur i et j pour tout entier a et b on obtient :

$$\int_0^1 P_{ij}(\alpha) f(\alpha) d\alpha = \int_0^1 \binom{i}{j} \frac{(1 - \alpha)^{a+i-j-1} \alpha^{b+j-1}}{B(a, b)} d\alpha$$

$$= \binom{i}{j} \frac{B(a+i-j, b+j)}{B(a, b)}$$

$$= \frac{i!}{j!(i-j)!} \times \frac{(a+i-j-1)...a(b+j-1)...b}{(a+b+i-1)...(a+b)}.$$

a) Cas de la chaîne de Greenwood

En tenant compte que $X_t = x_t$ pour $t=0, \dots, T$.

La probabilité $P(\alpha)$ de tels réalisation est égale a :

$$\binom{x_0}{x_1} (1-\alpha)^{x_0-x_1} \alpha^{x_1} \dots \binom{x_{T-1}}{x_T} (1-\alpha)^{x_{T-1}-x_T} \alpha^{x_T}$$

$$= \left[\prod_{t=1}^T \binom{x_{t-1}}{x_t} \right] (1-\alpha)^{x_0-x_T} \alpha^{\sum_{t=1}^T x_t}.$$

Moyennant sur toutes les valeurs de α on obtient

$$\int_0^1 P(\alpha) f(\alpha) d\alpha = \left[\prod_{t=1}^T \binom{x_{t-1}}{x_t} \right] \cdot \frac{B(a+x_0-x_T, b+\sum_{t=1}^T x_t)}{B(a, b)}.$$

b) Cas du modèle de Reed-Frost

Si la réalisation $(X_t, Y_t) = (x_t, y_t)$ pour $t=0, \dots, T$ alors

$$P(\alpha) = \left[\prod_{t=1}^T \binom{x_{t-1}}{x_t} \right] \cdot (1-\alpha^{y_{t-1}})^{x_{t-1}-x_t} \cdot (\alpha^{y_{t-1}})^{x_t}$$

$$= \left[\prod_{t=1}^T \binom{x_{t-1}}{x_t} \right] \cdot (1-\alpha^{y_{t-1}})^{x_{t-1}-x_t} \cdot \alpha^{\sum_{t=1}^T y_{t-1}x_t}$$

$$= \left[\prod_{t=1}^T \binom{x_{t-1}}{x_t} \right] \cdot \sum_{k=0}^{x_{t-1}-x_t} \binom{x_{t-1}-x_t}{k} \cdot (-1)^k \alpha^{ky_{t-1}} \cdot \alpha^{\sum_{t=1}^T y_{t-1}x_t}$$

$$= \sum_j A_j \alpha^j.$$

En intégrant sur les valeurs de α on trouve

$$\sum_j A_j \int_0^1 \frac{(1-\alpha)^{a-1} \alpha^{j+b-1}}{B(a,b)} d\alpha = \sum_j A_j \frac{B(a, j+b)}{B(a,b)} = \sum_j A_j \frac{(b+j-1)\dots\dots b}{(a+b+j-1)\dots\dots(a+b)}.$$

V : Taille finale de l'épidémie

(avec une période d'infection arbitraire)

En comparant la structure mathématique de la chaîne binomiale du modèle de Reed-Frost avec le modèle de Kermack-McKendrick , et la possibilité d'observer l'épidémie comme « un processus de branchement de la population finale » on propose une examination (fermée) des probabilités caractéristiques des deux modèles.

Ces modèles peuvent être considérés comme des ensembles généraux et étudier leurs spécificités caractéristiques comme des ensembles de larges classes.

Soient pour chaque instant t

- X_t : Ensemble des susceptibles.
- T_t : Ensemble des infectieux.
- Z_t : Retirés (morts ou guéris ...).

Et soit la distribution binomiale jointe

$$P[\nu(X) = k] = \int_0^\infty \binom{X}{k} (1 - e^{-\beta s})^k e^{-\beta s(X-k)} \beta \gamma e^{-\gamma s} ds . \dots\dots\dots(V,1)$$

Où

- $\nu(X)$: Nombre de nouveaux infectés
- s : Période d'infection v.a suit une loi $\exp(\frac{1}{\gamma})$

Remarque

Chaque susceptible X devient infectieux avec une probabilité égale a $(1 - e^{-\beta s})$.

Sachant que $Y_t \geq 1$ on a :

$$Y_{t+1} = Y_t - 1 + \nu(X_t), \quad X_{t+1} = X_t - \nu(X_t) \quad \dots\dots\dots(V,2)$$

Ou les v.a $\{\nu(X_t) : t = 0,1,\dots\}$ sont indépendantes de p probabilité (V, 1).

On peut aisément trouver la distribution de X_t .posons

$$P_i^t = \Pr\{X_t = i\}, \quad P_k(i) = \Pr\{\nu(X_t) = k / X_t = i\}$$

Quand $Y_t \geq 1$ on a

$$P_j^{t+1} = \sum_{i=j}^{N-t} P_i^t P_{i-j}(i) \quad (t=0,\dots, N) \quad \dots\dots\dots(V,3)$$

Où $P_i^0 = \delta_{Ni}$.

Exemple

a) soit un modèle stochastique de propagation d'une épidémie, et $\{P_k\}$ la P_{nb} distribution de la taille totale, ou $P_k = P_{n-k,0}$, sous les conditions initiales $P_{nb} = 1$, les quantités $P_{ij} = \Pr(\text{ pour t ou il y'a i susceptibles et j infectés})$ sont définies récursivement par :

$$\begin{aligned}
 P_{ib} &= p_{ib} P_{i+1,b} && (i=n-1, \dots, 0) \\
 P_{nj} &= q_n P_{n,j+1} && (j=b-1, \dots, 0) \\
 P_{ij} &= p_{i+1} P_{i+1,j} + q_i P_{i,j+1} && (i=n-1, \dots, 1 ; j=b-1, \dots, 1) \\
 P_{i0} &= q_i P_{i1} && (i=n, \dots, 1).
 \end{aligned}$$

Où $p_i = \frac{i}{i+\rho} = 1 - q$.

Définissons $T = \inf \{t : X_{t+1} > N\}$, de (V,2) on montre que T est la taille totale de l'épidémie (avec les infectieux initiaux) ; ie

$$T = N + 1 - X_t = Z_t \dots\dots\dots(V,4).$$

De (V, 3et4) la distribution de T est donnée par :

$$P(T = k) = P_k = P_{N+1-k}^k = P_{N+1-k}^{k-1} P_0(N+1-k) \dots\dots\dots(V,5).$$

On voit qu'on peut remplacer la distribution exponentielle de S par une distribution arbitraire, pour la période d'infection, avec une fonction densité $F(\cdot)$

Ce qui nous conduit à différentes distributions binomiales jointes pour $k=0, \dots, X$. on a

$$P[V(X) = k] = \int_0^\infty \binom{X}{k} (1 - e^{-\beta s})^k e^{-\beta s(X-k)} dF(s) \dots\dots\dots(V,6).$$

Baley (1990) utilise (V,2) pour montrer que la distribution de la période d'infection S croit dans le sens stochastique, ou décroît dans le sens convexe, la distribution de taille totale croit dans le sens du même ordre.

Exemple

Cet exemple indique comment utiliser une approche pour calculer la distribution de la taille totale $\{P_k\}$.

Supposons qu'on a $P_k = p_{n-k}^{(0)}$ ou $p_i^{(b)} = \delta_{ni}$ et pour $j=b, \dots, 1$ et $i=n, \dots, 0$,

$$\begin{aligned} p_i^{(j-1)} &= \sum_{r=0}^{n-i} (p_{i+r} \dots p_{i+1} q_i) p_{i+r}^{(j)} \\ &= q_i (p_i^{(j)} + p_{i+1} (p_{i+1}^{(j)} + p_{i+2} (p_{i+2}^{(j)} + \dots (p_{n-1}^{(j)} + p_n p_n^{(j)}) \dots))), \\ &= q_i (p_i^{(j)} + \frac{p_{i+1}}{q_{i+1}} p_{i+1}^{(j-1)}) \quad (i \leq n-1). \end{aligned}$$

Ces calculs sont numériquement stables.

Partie III : Perturbation d'un modèle épidémiologique SIR

I Introduction

L'étude théorique de la dynamique d'une population conduite a des modèles complexes dus à la complexité intrinsèque du phénomène, grâce aux interactions et à l'état de la dimension.

Dans notre étude on va présenter un modèle décrivant la dynamique d'une épidémie du VIH/SIDA dans quatre communes de la wilaya de Tamanrasset (sud d'Algérie) ; ce choix est du a plusieurs facteurs :

- Position géostratégique
- Flux migratoire (brassage nationaux, étrangers-nationaux)
- 1200Km de frontières entre le Niger et le Mali pour les wilayas de Tamanrasset d'où le programme spécifique pour Tamanrasset et le Sud Algérien.
- Possibilité de faire des prélèvements de sang dans le cadre d'un examen de routine (FNS, Glycémie

Cette étude est basée sur le « Rapport sur l'enquête de sero surveillance sentinelle du VIH dans 4 communes de Tamanrasset ».

II Modèle épidémiologique

On va présenter dans cette section un modèle mathématique, en considérant les différents processus épidémiologiques et démographiques et à la fin on introduira un modèle d'équilibre.

II.1 description du modèle :

Notons « S » : les susceptibles classés en trois groupes notés « S_i ».

Tel que S_1 : PS (professionnels du sexe)

S_2 : HSH (hommes ayant des relations avec des hommes)

S_3 : CPN (consultation prénatale).

Δ_{S_i} : Migrants dans chaque groupe S_i .

Et chaque groupe « i » est formé de « j » sous groupes avec $j=1, \dots, 6$.

Pour $j=1$: « âge » classé en $k_1=1, \dots, 7$.

$j=2$: « NI : niveau d'instruction » classé en $k_2=1, \dots, 6$.

$j=3$: « SM : situation maritale » classé en $k_3=1,\dots,4$.

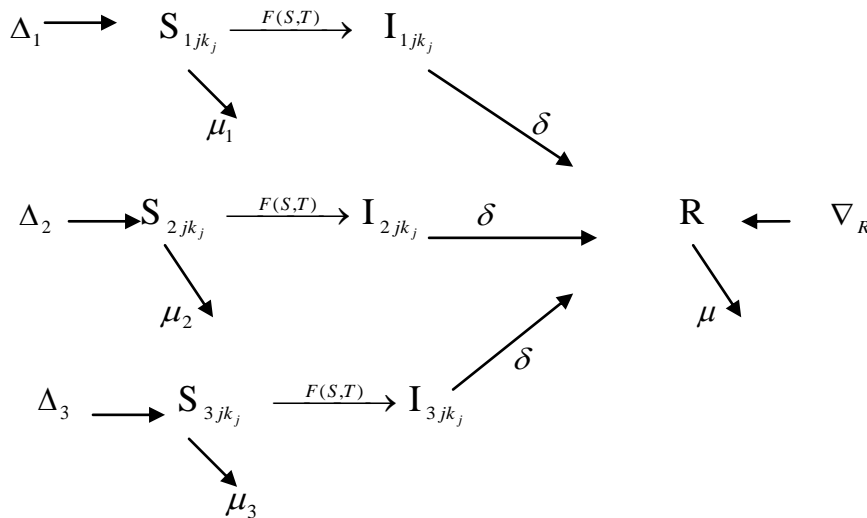
$j=4$: « Sexe » classé en $k_4=1,\dots,2$.

$j=5$: « classe socio professionnelle » classé en $k_5=1,\dots,2$.

$j=6$: « nationalité » en $k_6=1,\dots,2$.

Où k_j : nombre de classes dans chaque sous groupe.

Le modèle est présenté par le diagramme suivant :



Où δ : taux de passage d'un infectieux vers un sidéen.

μ_i : Taux de mortalité de la classe i .

Ce qui nous conduit à écrire le système d'équations différentielles suivant :

$$\dot{S}_{1jk_j} = \Delta_{S_1} - \mu_1 S_{1jk_j} - F(S, I) S_{1jk_j} .$$

$$\dot{S}_{2jk_j} = \Delta_{S_2} - \mu_2 S_{2jk_j} - F(S, I) S_{2jk_j} .$$

$$\dot{S}_{3jk_j} = \Delta_{S_3} - \mu_3 S_{3jk_j} - F(S, I) S_{3jk_j} .$$

$$\dot{I}_{1jk_j} = F(S, I) S_{1jk_j} - (\mu_1 + \delta) I_{1jk_j} .$$

$$\dot{I}_{2jk_j} = F(S, I) S_{2jk_j} - (\mu_2 + \delta) I_{2jk_j} .$$

$$\dot{I}_{3jk_j} = F(S, I) S_{3jk_j} - (\mu_3 + \delta) I_{3jk_j} .$$

$$\dot{R} = \delta (\dot{I}_{3jk_j} + \dot{I}_{2jk_j} + \dot{I}_{1jk_j}) - \mu R + \Delta_R .$$

Où

$F(S, I)$: force de l'infection ; définie par : $F(S, I) = \alpha_S S + \alpha_I I + \alpha$

Avec $S = \sum_{i=1}^3 S_i$; $I = \sum_{j=1}^3 I_j$; et α : paramètre d'infection extérieur.

Remarque :

Tous les paramètres dans ce système sont positifs, car ils représentent des quantités positives avec une signification biologique.

Soit le vecteur $w = (S_{1jk_j}, S_{2jk_j}, S_{3jk_j}, I_{1jk_j}, I_{2jk_j}, I_{3jk_j}, R)$ sous les condition initiales $w(0)$, les états de cette variable représentent la taille de la population , on suppose que $w(0) \geq 0$.

La structure du modèle assure que l'état des variables demeure non négatif dans le temps.

II.2 échelle de temps

Dans cette épidémie les paramètres épidémiologiques sont plus rapides que les paramètres démographiques, ce qui nous amante a introduire un paramètre temps (scalling parametre) ε tel que :

$$\alpha_s = \frac{\alpha'_s}{\varepsilon} ; \alpha_I = \frac{\alpha'_I}{\varepsilon} ; \delta = \frac{\delta'}{\varepsilon}. \text{ Avec } 0 < \varepsilon \ll 1.$$

Considérant une population de taille N_m , on assure que $N_m \alpha'_s$, $N_m \alpha'_I$ sont des paramètres de même ordre que les paramètres du modèle .

Le paramètre α est très petit par rapport aux autres paramètres épidémiologiques et son ordre est inférieur à l'ordre des paramètres démographiques.

Finalement on assure que δ a le plus petit ordre.

Dans ce cas le système précédent a deux échelles de temps.*il est raisonnable de prendre en compte que les individus passent plus de temps dans la classe des susceptibles que dans celle des infectés, pendant ce temps le processus de retrait se propage plus rapidement que l'infection, ce qui implique que δ a le plus grand ordre que $N_m \alpha'_s$, $N_m \alpha'_I$ et les paramètres qui restent dans le modèle.

Dans ce cas on introduit un second paramètre de temps ε' tel que

$$\delta = \frac{\delta''}{\varepsilon'} \text{ avec } 0 < \varepsilon' \ll \varepsilon \ll 1.$$

Et dans ce cas on peut obtenir trois échelles de temps.

Remarque

Toutes ces suppositions de l'ordre de magnétiseur des paramètres seront vérifiées par leurs valeurs numériques qui assurent une échelle de temps qui assurent une échelle de temps qui seront distingués par des simulations numériques.

II.3 Equilibre

Le modèle épidémiologique propose deux équilibres ;

Un équilibre trivial, qui correspond à l'extinction de la population (disease-free equilibrium) ceci va être le point endémique stable.

Notre système a un seul état endémique, qui provient du fait que tous les paramètres sont positifs.

Dans le système (1), il n'existe pas d'extinction de la population, et le point zéro n'est pas un équilibre.

Si on considère $\alpha = 0$ (il n'ya pas d'infection extérieure), l'équilibre est donné par :

$$w^* = (S^*_{1jk_j}, S^*_{2jk_j}, S^*_{3jk_j}, 0, 0, 0, R^*)$$

Et on peut facilement trouver w^* .

III L'ordre du Modèle réduit

En utilisant les différent paramètres échelle de temps, on peut appliquer la « théorie des perturbations singulières » pour faire une approximation du système initial par un autre système de dimension inférieure.

Considérant un modèle standard de perturbation singulière

$$\begin{aligned} \dot{x} &= f(t, x, z, \varepsilon) ; x \in R^n ; x(t_0) = \xi(\varepsilon) . \\ \varepsilon \dot{z} &= g(t, x, z, \varepsilon) ; z \in R^m ; z(t_0) = \phi(\varepsilon) . \end{aligned} \dots\dots\dots (a)$$

Notons $z=h(t,x)$ le quasi équilibre solution de $g(t,x,z,0)$

$$\text{Le système réduit est } \dot{x} = f(t, x, h(t, x), 0) \dots\dots\dots (b)$$

En prenant $y=z-h(t,x)$, on défini le système couche limite par :

$$\frac{dy}{dv} = g(t, x, y+h(t, x), 0) \dots\dots\dots (c)$$

La théorie de la perturbation singulière nous donne le résultat suivant (KHALIL 1996)

Théorème 1(Approximation pour ε suffisamment petit)

Supposons que les conditions sont satisfaites pour tout

$(t, x, z-h(t, x), \varepsilon) \in [0, \infty[\cdot B_r \cdot B_\rho \cdot [0, \varepsilon_0[$.

-Les fonctions f, g et leurs dérivées partielles respectives $a(x, z, \varepsilon)$ sont continues et bornées.

-la fonction $h(t, x)$ et le Jacobien $(\partial g(t, x, z, \varepsilon) / \partial z)$ a une dérivée partielle bornée.

- le Jacobien $\partial f(t, x, h(t, x), 0) / \partial x$ est borné.

- les conditions initiales $\xi(\varepsilon)$ et $\phi(\varepsilon)$ sont des fonctions réguliers en ε .

-l'origine du système réduit (b), exponentiellement stable.

-origine du système couche limite (c) exponentiellement stable uniformément en (t, x) .

Alors :

\exists des constantes positifs μ_1 et μ_2 et ε^* tq

$\forall \|\xi(0)\| < \mu_1, \|\eta(0) - h(t_0 - \xi(0))\| < \mu_2$ et

$0 < \varepsilon \ll \varepsilon^*$ on a :

La perturbation singulière de (a) a une solution unique

$x(t, \varepsilon); z(t, \varepsilon)$ définie $\forall t \geq t_0 \geq 0$;

et $x(t, \varepsilon) - x^*(t) = \theta(\varepsilon)$

$z(t, \varepsilon) - h(t, x^*(t)) - y'(t/\varepsilon) = \theta(\varepsilon)$.

Uniformément pour tout $t \in [t_0, \infty[$, ou $x^*(t)$ et $y'(t)$ sont solution de (b).

En plus pour tout $t_b > t_0$ et $\varepsilon^{**} \leq \varepsilon^*$ on a :

$z(t, \varepsilon) - h(t, x^*(t)) = \theta(\varepsilon)$ tend uniformément pour $t \in [t_b, \infty[$.

Théorème 2(stabilité pour ε suffisamment petit)

$-f(t, 0, 0, \varepsilon) = g(t, 0, 0, \varepsilon) = 0$

-l'équation $g(t, x, z, 0) = 0$ a une racine isolée $z = h(t, x)$ tq $h(t, 0) = 0$

-les fonctions f, g et h et leurs dérivées partielles du second ordre sont bornées pour $z - h(t, x) \in B_\rho$.

-l'origine de (b) est exponentiellement stable.

-l'origine de (c) exponentiellement stable uniformément en (t, x) .

\Rightarrow l'origine du système initiale (a) exponentiellement stable.

III.1 Deux échelles de temps

Soit le changement de variable :

$$A_1 = S_{1jk_j} + I_{1jk_j} + R.$$

$$A_2 = S_{2jk_j} + I_{2jk_j}.$$

$$A_3 = S_{3jk_j} + I_{3jk_j}.$$

Ce changement nous permet d'identifier les variables lentes et rapides , et chaque variable rapide est exprimée en fonction des variables lentes , pour garder notre système et nous permet de le réduire .

Les variables rapides arrivent plus vite au quasi équilibre, donc notre système peut s'écrire de la manière suivante :

$$A_1 \dot{=} \Delta_1 - \mu_1 A_1 - \delta' (I_{2jk_j} + I_{3jk_j}) - \mu R + \Delta_R$$

$$A_2 \dot{=} \Delta_2 - \mu_2 A_2 - \delta' I_{2jk_j}$$

$$A_3 \dot{=} \Delta_3 - \mu_3 A_3 - \delta' I_{3jk_j}$$

$$\varepsilon I_{1jk_j} \dot{=} \varepsilon F(S, I, \varepsilon) \cdot (A_1 - R - I_1) - \delta' I_1 - \mu_1 \varepsilon I_1$$

$$\varepsilon I_{2jk_j} \dot{=} \varepsilon F(S, I, \varepsilon) \cdot (A_2 - I_2) - \delta' I_2 - \mu_2 \varepsilon I_2$$

$$\varepsilon I_{3jk_j} \dot{=} \varepsilon F(S, I, \varepsilon) \cdot (A_3 - I_3) - \delta' I_3 - \mu_3 \varepsilon I_3$$

$$R \dot{=} \Delta + \delta' (I_1 + I_2 + I_3) - \mu R$$

Ou $\varepsilon F(S, I, \varepsilon) = \alpha'_S S + \alpha'_I I + \varepsilon \alpha$

Posons $X=(A_1, A_2, A_3, R)$ et $Z=(I_1, I_2, I_3)$;

Ce système prend la forme d'un modèle autonome de perturbation singulière :

$$X \dot{=} f(t, x, \varepsilon) ; \dots \dots \dots (a)$$

$$\varepsilon Z \dot{=} g(x, z, \varepsilon) \dots \dots \dots (b).$$

Dans ce cas X et Z sont respectivement les variables lentes et rapides

Le système (b) a un seule non-négatif quasi- équilibre quand $\varepsilon \rightarrow 0$.

$$Z^* = (I_1^*, I_2^*, I_3^*) = h(X) = (0, 0, 0)$$

En substituant ce quasi-équilibre dans le système lent (a) on obtient le système linéaire réduit :

$$A_1 = \Delta_1 - \mu_1 A_1 - \mu R + \Delta_R$$

$$A_2 = \Delta_2 - \mu_2 A_2$$

$$A_3 = \Delta_3 - \mu_3 A_3$$

$$R = \Delta_R - \mu R$$

Qui est un système linéaire plus facile d'étudier sa stabilité.

Et le point d'équilibre n'est pas le point trivial (0,0,0,0) mais un point non nul.

Sous certaines conditions on trouve un état d'équilibre non négatif :

$$X^* = (A_1^*, A_2^*, A_3^*, R^*) \text{ avec}$$

$$A_1^* = \frac{\Delta_1}{\mu_1} ; A_2^* = \frac{\Delta_2}{\mu_2} ; A_3^* = \frac{\Delta_3}{\mu_3} ; R = \frac{\Delta_R}{\mu} .$$

Et après certains calculs matriciels on peut facilement trouver le jacobien de cette matrice.

Conclusion

Théorème 1) le modèle réduit donne une bonne approximation du système initial avec $Z=Z^*=h(X)$

Théorème 2) donne un état endémique du système initial et globalement stable.

Partie VI : simulation d'un modèle SIR avec Matlab (Appliqué à la wilaya de Tamanrasset)

Programme de simulation :

```
%  
% Simulation du modele SIR  
% Integration par la méthode d'Euler  
%  
  
clf;  
hold on  
  
plot([0,0],'+');  
axis([0 10 0 1]);  
  
%  
% Définition du pas de temps et du nombre d'étapes de calcul.  
%  
dt = 0.01;  
Tmax=10;  
%  
% Constantes du système différentiel.  
% On peut discuter l'influence de r et a.  
%  
  
r=4;  
a=2;  
%  
% Nombre d'infectés I a t=0  
%  
  
I=0.1;  
R=0;  
S=1-I;  
  
%  
% La boucle de calcul : méthode d'Euler explicite.  
%  
  
for t=0:dt:Tmax,  
    dS=-r*S*I;  
    dI=r*S*I-a*I;  
    dR=a*I;  
    S=S+dt*dS;  
    I=I+dt*dI;  
    R=R+dt*dR;  
  
pointsS = t+i*S;
```

```
pointR = t + i*R;  
pointI = t + i*I;  
  
plot(pointS, '');  
plot(pointR, 'green');  
plot(pointI, 'red');  
  
end
```

En appliquant un programme Matlab a un modèle SIR et en considérant les différents taux de transfert entre les compartiments, sur une enquête qui a été réalisée sur quatre communes de la wilaya de Tamenrasset : (***Rapport sur l'enquête de séro-surveillance sentinelle du VIH dans 4 commune de Tamenrasset en 2008***) dans le cadre d'un projet de coopération Algero-Belge. Une autre enquête a été menée pendant les années **2000,2004 et 2007**, en se basant sur certaines données et tableaux de ces rapports dont on donnera quelques exemples, et en considérant certains taux on a obtenu une illustration graphique dont voici :

Tableau n° 2: Taille des échantillons prévus pour la surveillance biologique des CPN, des PS, des HSH et des migrants

SITES	Taille de la population de la commune	Taille de l'échantillon CPN	Taille de l'échantillon PS	Taille de l'échantillon HSH	Taille de l'échantillon Migrants
ABALESSA	10203	100	50	40	-
AIN AMGUEL	5700	120	50	-	-
AIN GUEZZAM	10459	140	50	-	50
TAZROUK	15 000	100	50	-	50
TOTAL	37362	460	200	40	100

Tableau 1: Population d'étude de l'enquête de séro-surveillance sentinelle de 2008

Sites	Consultantes prénatales CPN	Professionnelles du sexe PS	Migrants	Hommes ayant des rapports sexuels avec les hommes HSH	Total
Abalessa	100	50	-	10	160
Ain Amguel	113	07	-	-	120
Ain Guezzam	95	23	58	-	176
Tazrouk	125	81	62	-	268
TOTAL	433	161	120	10	724

CONSULTANTES PRENATALES - CPN

Tableau 2: Distribution par tranche d'âge des 433 CPN dans l'enquête de séro-surveillance sentinelle des 4 communes de Tamanrasset en 2008

Age (Années)	Nombre de CPN	Distribution des CPN %	VIH+ Nombre	Prévalence %
15-19	41	9.47	0	0
20-24	104	24.02	0	0
25-29	115	26.56	0	0
30-34	76	17.55	0	0
35-39	61	14.09	0	0
40-44	28	6.46	0	0
45-49	8	1.85	0	0
Total	433	100	0	0

Tableau 3 : Distribution des 433 CPN par tranche d'âge dans les 4 sites de l'enquête de séro-surveillance sentinelle des 4 communes de Tamanrasset en 2008

Sites	Abalessa		Ain Amguel		Ain Guezzam		Tazrouk		Total	
	Nbre de CPN	%	Nbre de CPN	%	Nbre de CPN	%	Nbre de CPN	%	Nbre de CPN	%
15-19	12	12.00	6	5.32	20	21.05	3	2.40	41	9.47
20-24	27	27.00	35	30.97	32	33.68	10	8.00	104	24.02
25-29	26	26.00	32	28.32	20	21.05	37	29.6	115	26.56
30-34	10	10.00	17	15.05	9	9.48	40	32.00	76	17.55
35-39	12	12.00	11	9.73	10	10.53	28	22.40	61	14.09
40-44	9	9.00	9	7.96	4	4.21	6	4.80	28	6.46
45-49	4	4.00	3	2.65	0	0	1	0.80	8	1.85
Total	100	100	113	100	95	100	125	100	433	100

Tableau 4: Distribution du niveau d'instruction chez les 433 CPN de l'enquête de séro-surveillance sentinelle des 4 communes de Tamanrasset en 2008

Niveau d'instruction des CPN	Nombre	%
Analphabète	228	52.7
Primaire	128	29.6
Moyen	46	10.6
Secondaire	28	5.5
Universitaire	2	0.5
Non précisé	1	0.2
Total	433	100

Tableau 5 : Distribution de la classe socio professionnelle des 433 CPN dans l'enquête de séro-surveillance sentinelle des 4 communes de Tamanrasset en 2008

Classe socio professionnelle des CPN	Nombre	%
Sans	420	97.00
Employés	13	3.00
Total	433	100

Tableau 6: Distribution du statut marital chez les 433 CPN de l'enquête de séro-surveillance sentinelle des 4 communes de Tamanrasset en 2008

Statut marital des CPN	Nombre	%
Célibataire	5	1.2
Mariée	495	98.2
Divorcée	3	0.7
Total	433	100

Tableau 7 : Age moyen, médian minimum et maximum des 433 CPN dans l'enquête de séro-surveillance sentinelle des 4 communes de Tamanrasset en 2008

Sites	Nombre de CPN	Age moyen Années ± écart type	Age médian Années	Age minimum Années	Age maximum Années
Abalessa	100	27.87 ± 7.84	26.00	16.00	47.00
Ain Amguel	113	28.49 ± 7.11	27.00	16.00	46.00
Ain Guezzam	95	24.86 ± 6.93	24.00	15.00	43.00
Tazrouk	125	30.54 ± 5.27	30.00	18.00	46.00
Total	433	28.15 ± 7.05	27.00	15.00	47.00

Tableau 8 : Distribution du lieu de résidence des 433 CPN des 4 communes dans l'enquête de séro-surveillance sentinelle de Tamanrasset en 2008

ABALESSA	Nombre	%
Abalessa	64	64
Silet	27	27
Iglen	9	9
Total	100	100

AIN AMGUEL	Nombre	%
Ain Amguel	103	91.2
Ifrakh	6	5.3
Arak	4	3.5
Total	113	100

AIN GUEZZAM	Nombre	%
Ain Guezzam	89	93.7
Ideless	6	6.3
Total	95	100

TAZROUK	Nombre	%
Tazrouk	81	64.8
Ideless	44	35.2
Total	125	100

Tableau 9 : Distribution de la nationalité des 433 CPN par site d'étude dans l'enquête de séro-surveillance sentinelle des 4 communes de Tamanrasset en 2008

Sites	Total des CPN	Nationalité algérienne	Nationalité étrangère	% des nationalités étrangères	Type de nationalité
Abalessa	100	85	15	15.00	13 maliennes 2 nigériennes
Ain Amguel	113	102	10	8.85	9 maliennes 1 nigérienne
Ain Guezzam	95	94	1	1.05	1 nigérienne
Tazrouk	125	125	0	0.00	-
Total	433	406	26	6.00	26

INFECTION VIH CHEZ LES CONSULTANTES PRENATALES

Tableau 10 : Distribution des 433 CPN et prévalence du VIH par site d'étude dans l'enquête de séro-surveillance sentinelle des 4 communes de Tamanrasset en 2008

Sites	Nombre de CPN	Distribution des CPN	VIH+ Nombre	Prévalence du VIH+ %
Abalessa	100	23.09	0	0
Ain Amguel	113	26.09	0	0
Ain Guezzam	95	21.94	0	0
Tazrouk	125	28.88	0	0
Total	433	100	0	0.00

PROFESSIONNELLES DU SEXE - PS

Tableau 13: Distribution par tranche d'âge des 161 PS dans l'enquête de séro-surveillance sentinelle des 4 communes de Tamanrasset en 2008

Age (Années)	Nombre de PS	Distribution des PS %	VIH+ Nombre	Prévalence %
<15 ans	1	0.62	0	0
15-19	21	13.04	0	0
20-24	32	19.88	1	3.13
25-29	31	19.25	1	3.23
30-34	24	14.91	0	0
35-39	24	14.91	0	0
40-44	9	5.59	0	0
45-49	5	3.11	0	0
< 15	14	7.73		
Total	161	100	2	1.24

Tableau 14 : Distribution des PS par tranche d'âge dans les 4 sites dans l'enquête de séro-surveillance sentinelle des 4 communes de Tamanrasset en 2008

Sites	Abalessa		Ain Amguel		Ain Guezam		Tazrouk		Total	
	Nbre de PS	%	Nbre de PS	%	Nbre de PS	%	Nbre de PS	%	Nbre de PS	%
<15	1	2.00	0	0	0		0	0	1	0.62
15-19	7	14.00	0	0	3	21.05	11	13.58	21	13.04
20-24	4	08.00	1	14.29	8	33.68	19	23.46	32	19.88
25-29	6	12.00	0	0	3	21.05	22	27.16	31	19.25
30-34	4	08.00	4	57.14	5	9.48	11	13.58	24	14.90
35-39	4	08.00	2	28.57	2	10.53	16	19.76	24	14.91
40-44	8	16.00	0	0	0		1	1.23	9	5.59
45-49	4	08.00	0	0	1	4.21	0	0	5	3.11
> 49	12	24.00	0	0	1	0	1	1.23	14	8.70
Total	50	100	7	100	23	100	81	100	161	100

Tableau 15: Distribution du statut marital chez les 161 PS de l'enquête de séro-surveillance sentinelle des 4 communes de Tamanrasset en 2008

Statut marital des PS	Nombre	%
Célibataire	90	55.9
Mariée	41	25.5
Divorcée	21	13.0
Veuve	9	5.6
Total	161	100

Tableau 16: Distribution du niveau d'instruction chez les 161 PS de l'enquête de séro-surveillance sentinelle des 4 communes de Tamanrasset en 2008

Niveau d'instruction des PS	Nombre	%
Analphabète	90	55.9
Primaire	43	26.7
Moyen	16	9.9
Secondaire	7	4.3
Universitaire	5	3.1
Total	161	100

Tableau 17 : Distribution de la classe socio professionnelle des 161 PS dans l'enquête de séro-surveillance sentinelle des 4 communes de Tamanrasset en 2008

Classe socio professionnelle	Nombre	%
Sans	135	83.85
Femmes de ménage	12	7.45
Employés	10	6.21
Elèves et étudiantes	4	2.48
Total	161	100

Tableau 18 : Age moyen, médian minimum et maximum des 161 PS dans l'enquête de séro-surveillance sentinelle des 4 communes de Tamanrasset en 2008

Sites	Nombre de PS	Age moyen Années ± écart type	Age médian Années	Age minimum Années	Age maximum Années
Abalessa	50	36.74 ± 14.45	38.50	14.00	65.00
Ain Amguel	7	32.00 ± 5.45	34.00	20.00	36.00
Ain Guezzam	23	27.26 ± 8.66	27.00	15.00	50.00
Tazrouk	81	27.28 ± 6.97	26.00	16.00	55.00
Total	161	30.42 ± 10.89	29.00	14.00	65.00

Tableau 19: Distribution par sexe des 161 PS dans l'enquête de séro-surveillance sentinelle des 4 communes de Tamanrasset en 2008

Sites	Abalessa	Ain Amguel	Ain Guezzam	Tazrouk	Total
Féminin	50	7	21	81	159
Masculin	0	0	2	0	2
Total	50	7	23	81	161

Tableau 20: Distribution de la nationalité des 161 PS par site d'étude dans l'enquête de séro-surveillance sentinelle des 4 communes de Tamanrasset en 2008

Sites	Total des PS	Nationalité algérienne	Nationalité étrangère	% des nationalités étrangères	Type de nationalité
Abalessa	50	49	1	2.00	malienn
Ain Amguel	7	6	1	14.28	malienn
Ain Guezzam	23	23	0	0	
Tazrouk	81	91	0	0	-
Total	161	159	2	1.24	2

INFECTION VIH CHEZ LES PROFESSIONNELLES DU SEXE

Tableau 21: Distribution des 161 PS et prévalence du VIH par site d'étude dans l'enquête de séro-surveillance sentinelle des 4 communes de Tamanrasset en 2008

Sites	Nombre de PS	Distribution des PS	VIH+ Nombre	Prévalence du VIH+ %
Abalessa	50	31.1	0	0
Ain Amguel	7	4.3	0	0
Ain Guezzam	23	14.3	1	4.35
Tazrouk	81	50.3	1	1.23
Total	161	100	2	1.24

Tableau 22: Description des 2 PS séropositifs par sexe, par âge, par nationalité et par site dans l'enquête de séro-surveillance sentinelle des 4 communes de Tamanrasset en 2008

Sites	Masculin	Féminin	Age (Années)	Nationalité
Ain Guezzam	1	0	27	Algérienne
Tazrouk	0	1	24	Algérienne
Total	1	1	-	2

MIGRANTS

Tableau 25: Distribution par tranche d'âge des 120 migrants dans l'enquête de séro-surveillance sentinelle des 2 communes de Tamanrasset en 2008

Age (Années)	Nombre de migrants	Distribution des migrants %	VIH+ Nombre	Prévalence %
15-19	13	10.83	0	0
20-24	39	32.50	1	2.56
25-29	25	20.84	0	0
30-34	18	15.00	0	0
35-39	9	7.50	0	0
40-44	5	4.17	0	0
45-49	7	5.83	0	0
> 49	4	3.33		
Total	120	100	1	0.83

Tableau 26 : Distribution des migrants par tranche d'âge dans les 2 sites dans l'enquête de séro-surveillance sentinelle des 2 communes de Tamanrasset en 2008

Sites	Ain Guezzam		Tazrouk		Total	
	Nbre	%	Nbre	%	Nbre	%
15-19	4	6.90	9	14.52	13	10.83
20-24	17	29.31	22	35.47	39	32.50
25-29	16	27.58	9	14.52	25	20.84
30-34	5	8.63	13	20.96	18	15.00
35-39	6	10.34	3	4.84	9	7.50
40-44	3	5.17	2	3.23	5	4.17
45-49	5	8.62	2	3.23	7	5.83
> 49	2	3.45	2	3.23	4	3.33
Total	58	100	62	100	120	100

Tableau 27: Distribution du statut marital chez les 120 migrants de l'enquête de séro-surveillance sentinelle des 2 communes de Tamanrasset en 2008

Statut marital des migrants	Nombre	%
Célibataire	68	56.7
Mariée	52	43.3
Total	120	100

Tableau 28: Distribution du niveau d'instruction chez les 120 migrants de l'enquête de séro-surveillance sentinelle des 2 communes de Tamanrasset en 2008

Niveau d'instruction des migrants	Nombre	%
Analphabète	60	50.0
Primaire	42	35.0
Moyen	14	11.7
Secondaire	2	1.7
Universitaire	1	0.8
Non précisé	1	0.8
Total	120	100

Tableau 29 : Distribution de la classe socio professionnelle des 120 migrants dans l'enquête de séro-surveillance sentinelle des 2 communes de Tamanrasset en 2008

Classe socio professionnelle des migrants	Nombre	%
Sans	13	10.84
Commerçants	9	7.50
Ouvriers	98	81.66

Tableau 30 : Age moyen, médian minimum et maximum des 120 migrants observées dans l'enquête de séro-surveillance sentinelle des 2 communes de Tamanrasset en 2008

Sites	Nombre de migrants	Age moyen Années ± écart type	Age médian Années	Age minimum Années	Age maximum Années
Ain Guezzam	58	29.74 ± 10.52	27.00	15.00	68.00
Tazrouk	62	27.35 ± 9.10	24.00	17.00	60.00
Total	120	28.51 ± 9.84	26.00	15.00	68.00

Tableau 31: Distribution par sexe des 120 migrants dans l'enquête de séro-surveillance sentinelle des 2 communes de Tamanrasset en 2008

Site Sexe	Ain Guezzam	Tazrouk	Total
Masculin	53	62	115
Féminin	5	0	5
Total	58	62	120

Tableau 32: Distribution de la nationalité des 120 migrants par site d'étude dans l'enquête de séro-surveillance sentinelle des 2 communes de Tamanrasset en 2008

Sites	Ain Guezzam		Tazrouk		Total	
	Nombre	%	Nombre	%	Nombre	%
Malienne	7	12.06	7	11.29	14	11.67
Nigérienne	49	84.48	55	88.71	104	86.67
Mauritanienne	1	1.72	0	0	1	0.83
Nigériane	1	1.72	0	0	1	0.83
Total	58	100	62	100	120	100

Tableau 33: Distribution des 120 migrants et prévalence du VIH par site d'étude dans l'enquête de séro-surveillance sentinelle des 2 communes de Tamanrasset en 2008

Sites	Nombre de migrants	Distribution des migrants	VIH+ Nombre	Prévalence du VIH+ %
Ain Guezzam	58	48.33	1	1.74
Tazrouk	62	51.67	0	0
Total	120	100	1	0.83

Tableau 34: Description du migrant séropositif au VIH par sexe, par âge, par nationalité et par site dans l'enquête de séro surveillance sentinelle des 4 communes de Tamanrasset en 2008

Sites	Masculin	Féminin	Age (Années)	Nationalité
Ain Guezzam	0	1	22	Malienne
Tazrouk	0	0	-	-
Total	0	1	-	1

Tableau 39 : Distribution du niveau d'instruction chez les 10 HSH de l'enquête de séro-surveillance sentinelle du site d'Abalessa en 2008

Niveau d'instruction des HSH	Nombre	%
Analphabète	3	30.0
Primaire	3	30.0
Moyen	3	30.7
Secondaire	1	1.0
Total	10	100

Tableau 38: Distribution du statut marital chez les 10 HSH de l'enquête de séro-surveillance sentinelle du site d'Abalessa en 2008

Statut marital des HSH	Nombre	%
Célibataire	6	60.0
Mariée	3	30.0
Veuf	1	10
Total	10	100

Tableau 37: Distribution par tranche d'âge des 10 HSH dans l'enquête de séro-surveillance sentinelle du site d'Abalessa en 2008

Age (Années)	Nombre de HSH	Distribution des HSH	VIH+ Nombre	Prévalence %
25-29	1	10.0	0	0
30-34	4	40.0	1	25
35-39	1	10.0	0	0
40-44	2	20.0	0	0
45-49	0	0	0	0
60-65	2	20.0		
Total	10	100	1	10

Tableau 40 : Distribution de la classe socio professionnelle des 10 HSH dans l'enquête de séro-surveillance sentinelle du site d'Abalessa en 2008

Classe socio professionnelle des HSH	Nombre	%
Sans	3	3.0
Ouvriers	5	50.0
Employés	1	10.0
Retraité	1	10.0
Total	10	100

Illustration graphique

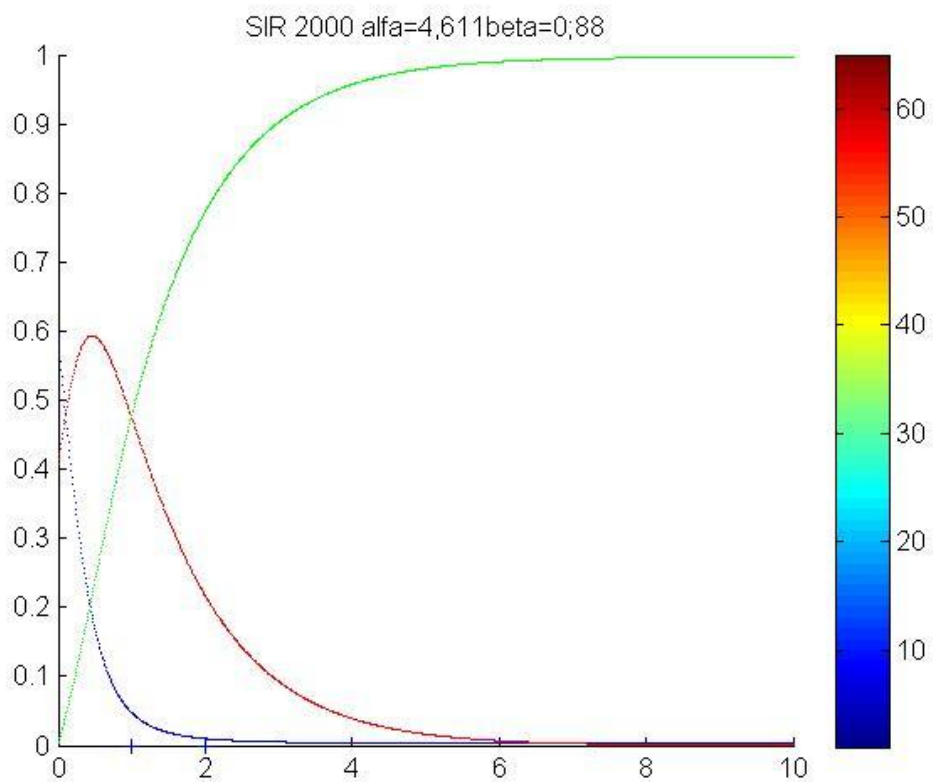


Fig 1: graphe montrant le comportement de chaque compartiment pour l'année 2000, $\alpha=4,611$, $\beta=0,88$.

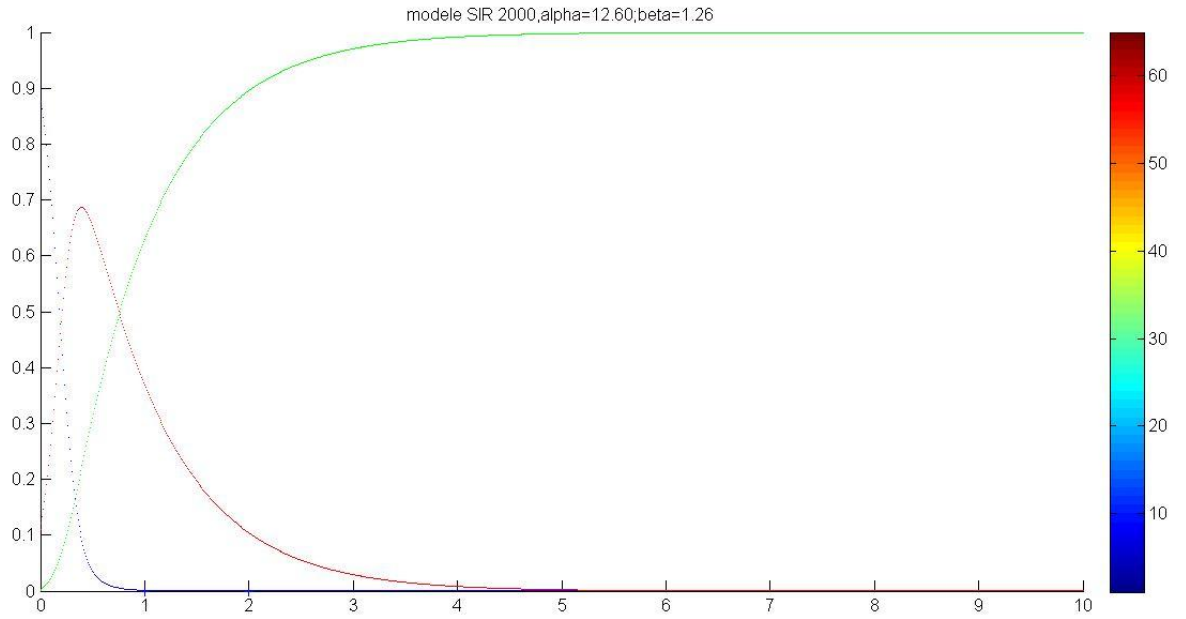


Fig 2: graphe montrant le comportement de chaque compartiment pour l'année 2000 ; $\alpha=12,60$; $\beta=1,26$.

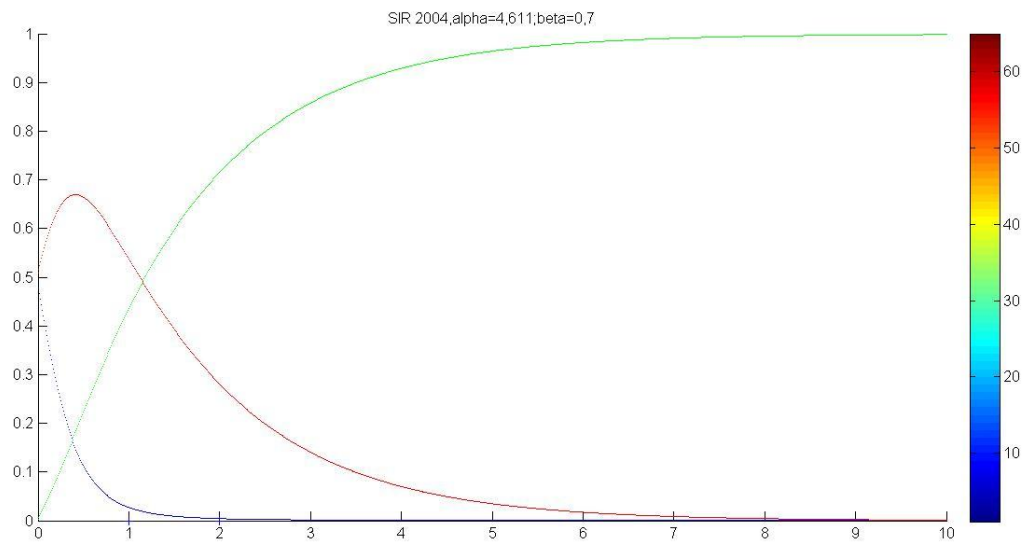


Fig 3: année 2004 ; $\alpha=4,6$; $\beta=0,7$.

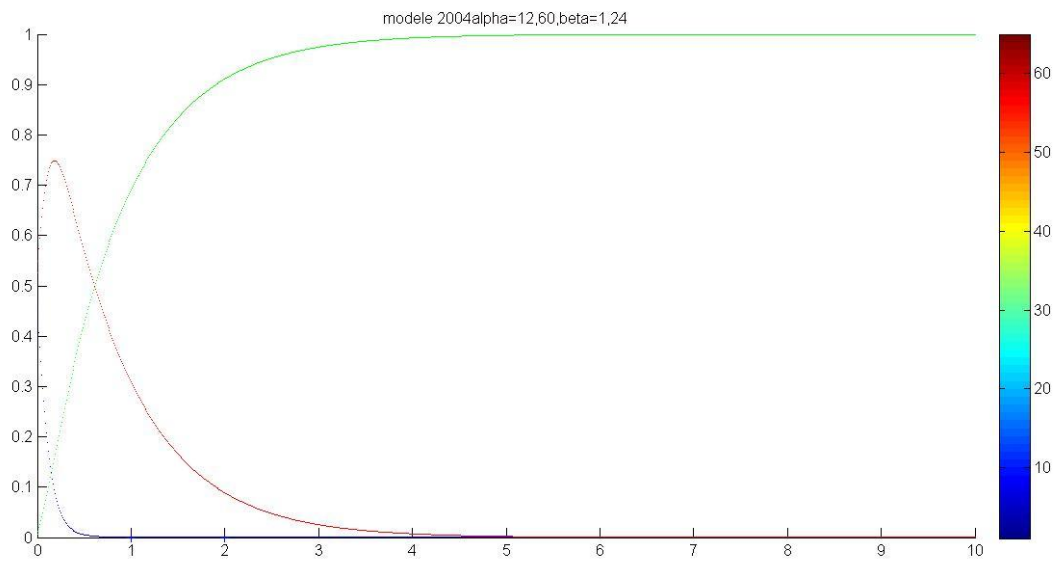


Fig 4: année 2004 ; $\alpha=12,80$; $\beta=1,24$.

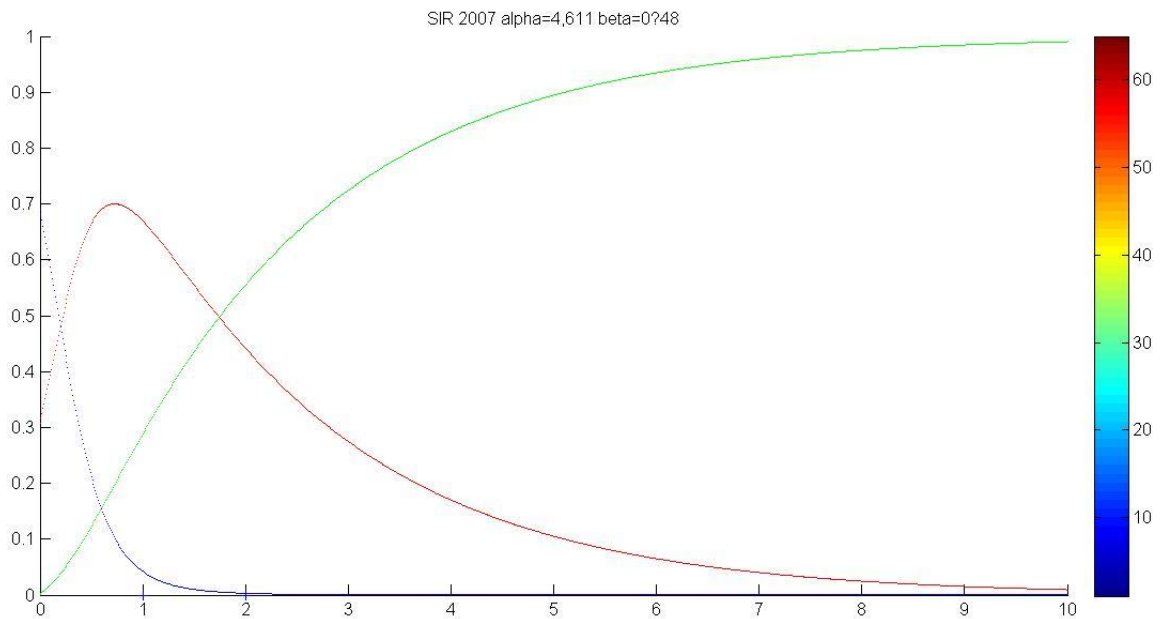


Fig 5:année 2007 ; $\alpha=4,611$; $\beta=0,48$.

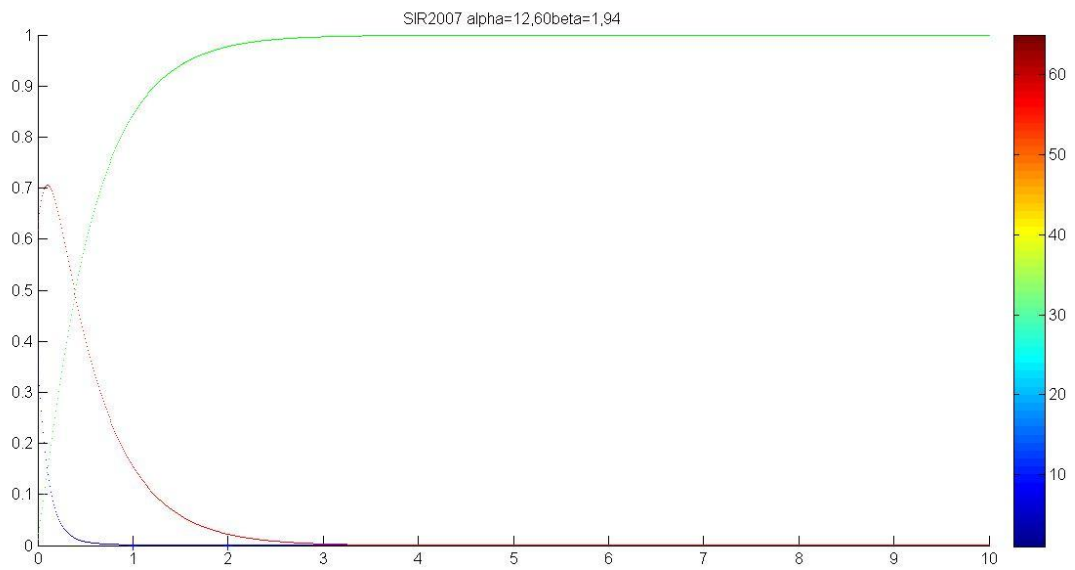


Fig 6: année 2007 ; $\alpha=12,8$; $\beta=1,94$.

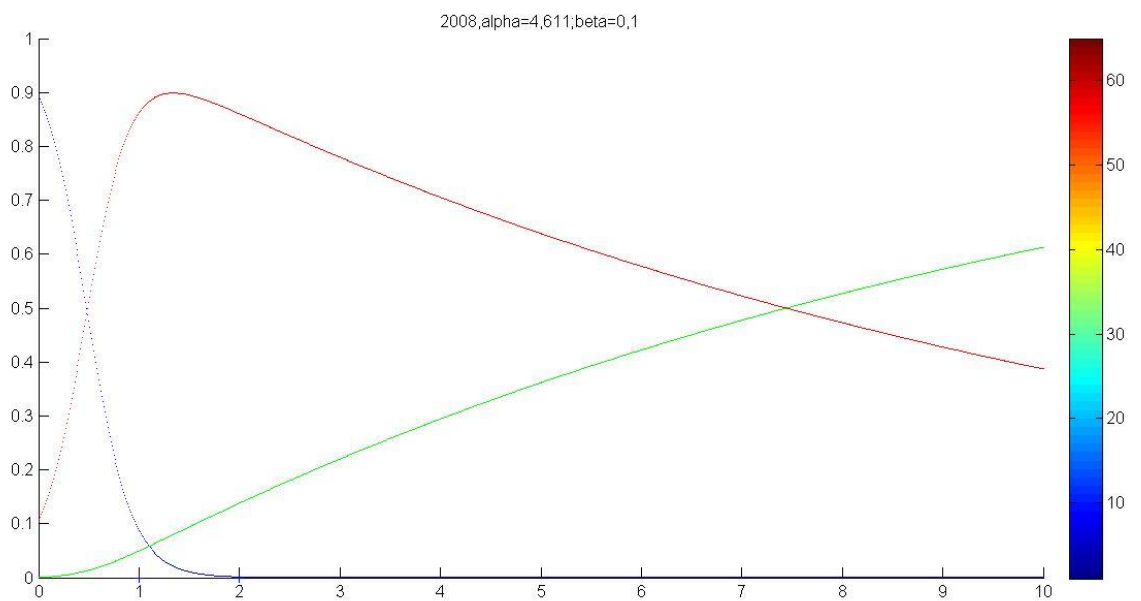


Fig 7: année 2008 ; $\alpha=4,611$; $\beta=0,1$.

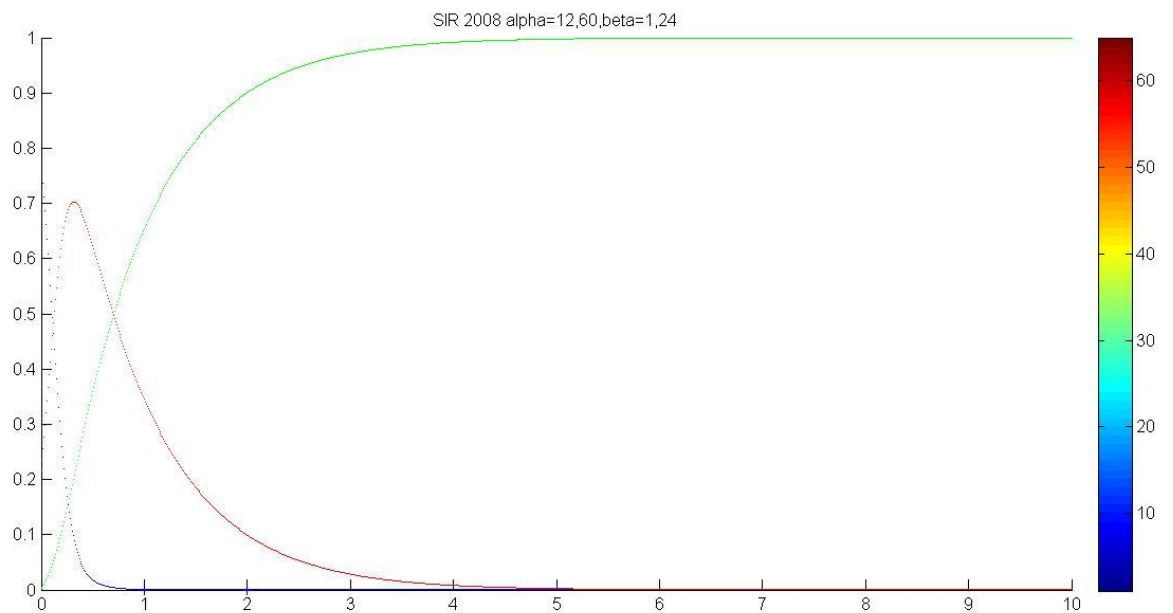


Fig 8 :graphe pour l'année 2008 ; alpha=12,8; beta=1,24.

Conclusion

Nous avons vu dans la partie ci-dessus, le résultat de simulations informatiques par Matlab des équations du modèle SIR en utilisant les différentes valeurs des paramètres appliqué dans des situations réelles pour l'enquête effectuée sur les quatre communes de Tamanrasset pendant les années 2000,2004,2007 et 2008 ; ces paramètres alpha et beta ont été calculés à partir des tableaux données pour les différentes classes de susceptibles et d'infectieux (S_1 =CPN ; S_2 =PS ; S_3 =IST ou HSH).

Nous avons vu aussi des figures ci-dessus, avec notre modèle et les conditions imposées, que le choix de notre modèle confirme bien des résultats déjà obtenus par d'autres méthodes telles que la méthode d'Euler. On confirme bien qu'il y a une épidémie quand le taux de reproduction de base $R_0 > 1$.

D'après ces figures, nous constatons une augmentation du taux des retirés pour chaque année et pour différentes valeurs de alpha et beta, ce qui est tout a fait logique, car ceux *retirés* (sidéens) le reste.

Ainsi le taux (nombre) des *infectieux* augmente pendant une certaine période puis diminue, ce qui est compréhensible, car après une certaine période d'inféctiosité, les infectieux(HIV) deviennent sidéens et le reste, et bien évidemment le nombre des *susceptibles* diminue.

Synthèse

Les mathématiciens et les experts médicaux devraient intensifier leurs efforts à trouver un remède pour le SIDA. Par conséquent, nous concluons avec les recommandations suivantes:

- Nous recommandons que les organismes gouvernementaux et autres (ONG) devraient coopérer avec des mathématiciens dans leurs programmes VIH / SIDA.
- Les modèles mathématiques comme ceux étudiés doivent être appliqué dans la résolution de lutte contre les problèmes VIH / sida.
- Les gouvernements, les ONG et les individus devraient financer et encourager les recherches mathématiques pour le VIH / SIDA.
- Les ripostes nationales à l'épidémie de VIH / SIDA doivent être renforcés et élargis pour assurer l'équilibre dans les interventions entre les zones urbaines et rurales, ainsi que dans les stratégies d'intervention - prévention, au traitement et aux soins pour les individus vivants avec le VIH / SIDA.
- l'intervention préventive devrait être conçue pour cibler les jeunes personnes au niveau des classes primaire et secondaire en particulier en utilisant des campagnes médiatiques de sensibilisation
- continuer a se concentrer sur la jeunesse (information) pour assurer une tendance à la baisse des nouvelles infections.

Parti III : Modèles épidémiologiques du SIDA

Résumé

L'objectif de cet article est de présenter la modélisation mathématique de la propagation de l'infection dans le contexte de la transmission du virus de l'immunodéficience humaine (VIH) et du syndrome d'immunodéficience acquise (SIDA).

Ces modèles sont basés en partie sur les modèles proposés dans le domaine de la modélisation mathématique du SIDA.

ملخص

الهدف من هذا المقال هو إعطاء نمذجة رياضية لنشر وباء فيروس الايدس في إطار نقل فيروس نقص المناعة البشرية (VIH) و متلازمة نقص المناعة المكتسبة (AIDS). هذه النماذج تستند في جزء منها على النماذج المقترحة في مجال النمذجة الرياضية للإيدز التي ابلغ عنها [6] ISHAM.

Abstract

The aim of this paper is to present mathematical modeling of the spread of infection in the context of the transmission of the human immunodeficiency virus (HIV) and the acquired immunodeficiency syndrome (AIDS).

These models are based in part on the models suggested in the field of the AIDS mathematical modeling as reported by ISHAM [11]

Keyword: HIV-AIDS-Mathematical model, Birth-Death process 2000
mathematics Subject Classification :60J20 ,60J75,60J80.

Introduction

Une population de taille n fixé comprend deux sous-populations notées X et Y . La population X représente les individus susceptibles (ou à risque) et Y est la population des infectieux. On s'intéresse à l'évolution de l'infection déclarée dans la population totale supposée fermée. Ceci définit deux processus stochastiques $(x(t); t > 0)$ et $(y(t); t > 0)$ où à chaque instant t ($t > 0$): $x(t)$ (resp. $y(t)$) représente la taille de la population X (resp. Y).

La diffusion de l'épidémie aux susceptibles est naturellement dépendante des contacts possibles entre susceptibles et infectieux. Si on suppose que dans un intervalle de temps relativement petit $[t, t + \Delta t]$, un infectieux ne peut avoir au plus qu'un seul contact (cette hypothèse de contamination est réaliste dans le cas par exemple de l'épidémie du SIDA), alors il est légitime de penser que le nombre de contacts est proportionnel au produit $X(t) \cdot Y(t) \cdot \Delta t$. Le nombre d'apparition de nouveaux cas infectés pendant cet intervalle de temps Δt ne peut-être que proportionnel au nombre de contacts possibles et est mesuré par $\alpha \cdot X(t) \cdot Y(t) \cdot \Delta t$ où α est le taux d'infection.

Le taux d'infection α dépend de multiples facteurs de contamination et ce taux peut prendre une forme expressive selon le mode de contamination actif.

On présente ci-dessous quelques modèles équivalents à des modèles suggérés dans le cadre de la modélisation mathématique de l'épidémie du SIDA introduits par ISHAM [1].

I Présentation des modèles épidémiologiques du SIDA

Il s'agit d'une population subdivisée en deux sous-populations X et Y des susceptibles et des infectieux. Ces sous - populations se comportent en général comme deux populations pouvant avoir des dynamiques d'évolution distinctes. Lorsque la population globale est fermée (ni émigration, ni immigration), alors la dynamique de l'une des deux sous-populations explique entièrement la dynamique de la population totale.

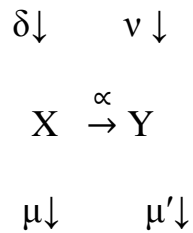
Les modèles épidémiologiques du SIDA

On suppose la population globale composée d'individus susceptibles et d'individus infectieux. On désigne par X la population des susceptibles et par Y celle des infectieux. Le caractère complexe de cette dernière population conduit à la subdiviser en différentes classes "homogènes". Cette caractérisation est basée sur la nécessité de contrôler les infectieux.

Entre ces différentes populations, on peut observer une dynamique caractérisée par des mouvements intra et inter populations susceptibles de l'expliquer.

Le modèle simple à une population à deux types

Un modèle simple décrivant la diffusion de l'épidémie dépend des contacts possibles entre susceptibles et infectieux, sous l'hypothèse que dans un intervalle de temps relativement petit $[t, t+\Delta t]$, un infectieux ne peut avoir au plus qu'un seul contact; et de fluctuations intra population résultant d'immigration ou d'émigration . Le modèle simple peut être illustré par le diagramme suivant :



où

α : est le taux d'apparition de nouveaux infectieux (séropositifs),

μ : est le taux de retrait (ou individus retirés) de la population X

μ' : est le taux de retrait (ou individus retirés) de la population Y

δ :est le taux de naissance dans la population X

v : est le taux d'immigration dans la population Y.

Le nombre d'apparitions de nouveaux cas infectés pendant cet intervalle de temps Δt est alors mesuré par $\alpha.X(t).Y(t).\Delta t+v.\Delta t-\mu'.Y(t).\Delta t$.

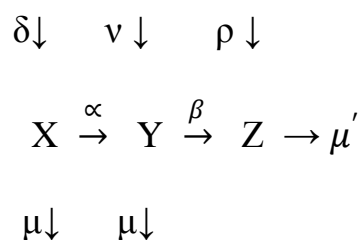
Le modèle à trois types

Un modèle devant tenir compte d'une politique de sante basée sur le contrôle devant entrainer l'isolement des infectieux (séropositifs et sidéens declares), fait que l'apparition de nouveaux infectieux ne devrait résulter que de contacts entres susceptibles et infectieux qui s'ignorent. Ceci conduit à décomposer la population des infectieux en deux classes :

* Les individus infectieux (séropositifs) qui s'ignorent, notée Y.

* Les individus infectieux (séropositifs et sidéens) qui le savent, notée Z.

Ce modèle dit à trois types est décrit par le diagramme



où

α est le taux d'apparition de nouveaux infectieux (séropositifs) qui s'ignorent.

κ est le taux d'apparition de nouveaux séropositifs détectés.

β est le taux d'apparition de nouveaux sidéens.

μ est le taux de retrait (ou individus retirés) de la population X ou Y ou Z_1 .

μ' :est le taux de retrait (ou individus retirés) de la population Z_2 .

δ :est le taux de naissance dans la population X.

v :est le taux d'immigration dans la population Y.

ρ :est le taux d'immigration dans la population Z_2 .

Dans ce modèle, le nombre d'apparitions de nouveaux cas infectés pendant cet intervalle de temps Δt est ici mesuré par

$$\alpha \cdot X(t) \cdot Y(t) \cdot \Delta t + v \cdot \Delta t - (\kappa + \mu + \beta) \cdot Y(t) \cdot \Delta t.$$

On se propose de développer l'étude de chaque modèle en considérant d'abord la version déterministe de ces modèles et ensuite la version stochastique. Suivant alors Isham, cette étude sera menée d'abord dans le cadre d'une population fermée et ensuite dans le cadre plus général d'une population où la taille de la population est sensible à des facteurs externes (mort, émigration et immigration), auquel cas la variable $n(t) = X(t) + Y(t)$ (la taille de la population à l'instant t) est une variable aléatoire dynamique.

II Le modèle simple à deux types

Il s'agit du modèle simple à une seule sous-population d'individus infectieux. Ce modèle est décrit par le diagramme (1).

Le modèle déterministe

Dans un intervalle de temps $[t, t + \Delta t]$ la taille de la population X des susceptibles subit une variation égale

$$X(t + \Delta t) - X(t) = -\alpha \cdot X(t) \cdot Y(t) \cdot \Delta t + \delta \cdot \Delta t - \mu \cdot X(t) \cdot \Delta t$$

et celle des infectieux une variation égale à

$$Y(t + \Delta t) - X(t) = \alpha \cdot X(t) \cdot Y(t) \cdot \Delta t + v \cdot \Delta t - \mu' \cdot Y(t) \cdot \Delta t$$

Et par suite, les équations différentielles régissant ce modèle s'écrivent

$$(1) \begin{cases} \frac{dx(t)}{dt} = -\alpha x(t)y(t) - \mu x(t) + \delta \\ \frac{dy(t)}{dt} = \alpha x(t)y(t) - \mu' y(t) + v \end{cases}$$

sous la condition initiale $y(0)=m$ et $x(0)+y(0)=n$. Ce système est non linéaire et on peut, sous la condition qu'à tout instant $t>0$: $x(t)+y(t)=n(t)$, le réécrire sous la forme :

$$\begin{cases} \frac{dx(t)}{dt} = -\alpha x(t)(n(t) - x(t)) - \mu x(t) + \delta \\ \frac{dy(t)}{dt} = \alpha x(t)y(t) - \mu' y(t) + \nu \end{cases}$$

On commence par examiner le cas particulier où la population est isolée (i.e. $\mu=\mu'=\delta=\nu=0$), et le modèle est illustré par le schéma

$$X \xrightarrow{\alpha} Y$$

Cette hypothèse valide au début de l'épidémie, assure qu'en tout instant $t>0$, on a $x(t)+y(t) = n(t) = n$. Dans ce cas, le système d'équations différentielles ci-dessus se réduit à un signe près à une seule équation différentielle non linéaire et nous prenons par exemple l'équation :

$$\frac{dy(t)}{dt} = \alpha[n - y(t)]y(t) . \quad (2)$$

Admettant pour solution particulière $y(t)=n$. En considérant ensuite le changement de variable $w(t) = n + \frac{1}{w(t)}$, l'équation (2) se ramène à une équation différentielle linéaire :

$$\frac{dw(t)}{dt} = \alpha n w(t) + \alpha$$

dont les solutions sont fournies par

$$w(t) = c_0 \exp(\alpha n t) - \frac{1}{n} = \frac{y(0)}{n[y(0)-n]} \exp(\alpha n t) - \frac{1}{n}$$

D'où nous déduisons la solution en $y(t)$:

$$y(t) = \frac{ny(0)}{y(0) - (y(0) - n)\exp(\alpha n t)}$$

Au début de l'épidémie, on peut admettre que $x(0)\approx n$, aussi la solution précédente peut-être approchée par

$$y(t)\approx y(0).\exp(\alpha n t).$$

Si maintenant on suppose que la population des susceptibles est fermé et celle des infectieux est soumise à des départs seulement (mort ou émigration), situation reflétée par le diagramme

$$\begin{array}{ccc} X & \xrightarrow{\alpha} & Y \\ & & \downarrow \mu' \end{array}$$

Alors le système d'équations différentielles régissant ce modèle devient dans ce cas

$$(1) \quad \begin{cases} \frac{dx(t)}{dt} = -\alpha x(t)y(t) \\ \frac{dy(t)}{dt} = \alpha x(t)y(t) - \mu' y(t) \end{cases}$$

sous la condition initiale $x(0)+y(0)=n(0)=n$.

Ce système est non linéaire et peut-être réécrit sous la forme :

$$\begin{cases} \frac{dx(t)}{dt} = -\alpha x(t)(n(t) - x(t)) \\ \frac{dy(t)}{dt} = \alpha (n(t) - y(t))y(t) - \mu' y(t) \end{cases}$$

où $n(t) = x(t)+y(t)$

proposition1 En tout instant $t>0$, on a

$$n(t) = n - \mu' \int_0^t y(u)du .$$

Et en particulier, si t est petit, on a

$$n(t) = n - \mu' ty(0).$$

L'expression analytique de $n(t)$ ne nous facilite pas pour autant la résolution de notre système d'équations différentielles. Cependant au tout début de l'épidémie, on peut admettre que $x(0) \simeq n$, et dans ce cas, on peut produire une solution explicite du système

$$\begin{cases} x(t) \cong x(0) \exp \left[\frac{y(0)}{n - \rho} (1 - \exp \alpha (n - \rho) t) \right] \\ y(t) \cong y(0) \exp [\alpha (n - \rho) t] \end{cases}$$

Dans la situation où l'épidémie est au delà de ses premiers stades d'évolution, la dynamique de celle-ci peut-être expliqué par l'introduction d'une variable

auxiliaire $Z(t)$. La variable auxiliaire Z compte le nombre d'individus retirés de la population des infectieux à tout instant t ($t > 0$). Avec ces notations, on a

$$n(t) = n - z(t)$$

Où $z(t)$ est le nombre d'individus retirés de la population Y . Si on note Z la population des infectieux retirés, le système précédent peut être complété par une troisième équation

$$\frac{dz(t)}{dt} = \mu' y(t).$$

Avec la condition initiale $z(0)=0$, et on note $\rho = \frac{\mu'}{\alpha}$ le taux relatif d'inactivité. La première équation montre que la fonction $x(\cdot)$ est une fonction décroissante de t , et la seconde équation qui s'écrit

$$\frac{dy(t)}{dt} = \alpha y(t)[x(t) - \rho] \quad (2')$$

montre que si $x(0) \leq \rho$, alors la populations des infectieux décroît et nous assistons à une extinction rapide de l'épidémie; et si $x(0) > \rho$, nous assistons au début de la propagation de l'épidémie. Aussi, le nombre minimal de susceptibles permettant la propagation de l'épidémie est $x(0)=\rho$ et ce nombre est appelé seuil de propagation.

Le rapport des équation 1) et 3) de ce système, nous fournit une solution en x fonction de z :

$$x(t) = x(0) \exp\left(-\frac{z(t)}{\rho}\right)$$

D'autre part, compte tenu de la relation $n(t)=n-z(t)$, la dernière équation de ce système devient

$$\frac{dz(t)}{dt} = \mu' \left[n - z(t) - x(0) \exp\left(-\frac{z(t)}{\rho}\right) \right] \quad (3)$$

Proposition 2 : Si $\frac{z(t)}{\rho}$ est petit, on obtient pour solution de l'équation (3) :

$$z(t) = \frac{\rho^2}{x(0)} \left[\frac{x(0)}{\rho} - 1 + \lambda \tanh\left(\frac{1}{2} \lambda \mu' t - \Phi\right) \right]$$

où

$$\lambda = \sqrt{\left(\left(\frac{x(0)}{\rho}\right) - 1\right)^2 + \left(\frac{2x(0)y(0)}{\rho^2}\right)} \text{ et } \varnothing = \operatorname{arctanh} \left[\left(\frac{1}{\lambda}\right) \left(\left(\frac{x(0)}{\rho}\right) - 1\right) \right]$$

A l'aide de cette solution on peut réécrire $\left(\frac{dz(t)}{dt}\right)$ sous la forme :

$$\left(\frac{dz(t)}{dt}\right) = \left(\frac{\mu' \rho^2 \lambda^2}{2x(0)}\right) \cdot \left(\frac{1}{\cosh^2\left(\left(\frac{1}{2}\right)\lambda \mu' t - \varnothing\right)}\right) \quad (3')$$

ce qui montre que le graphe de $\left(\frac{dz(t)}{dt}\right)$ est symétrique par rapport à $t = \left(\frac{2\varnothing}{\lambda \mu'}\right)$.
Et nous déduisons directement de (3) et (3') une solution de $y(t)$:

$$y(t) = ((\rho^2 \lambda^2)/(2x(0)))(1/(\cosh^2((1/2)\lambda \mu' t - \varnothing))$$

et aussi une solution en $x(t)$:

$$x(t) = x(0) \cdot \exp \left[- \left(\frac{1}{\rho}\right) \left(\frac{\rho^2}{x(0)}\right) \left(\left(\frac{x(0)}{\rho}\right) - 1 + \lambda \cdot \tanh \left(\left(\frac{1}{2}\right) \mu' t - \varnothing\right)\right) \right].$$

En conclusion, la variable axillaire apporte une information certaine sur l'évolution de l'épidémie à travers les individus inactifs. Ce résultat est conforté par le fait que les solutions trouvées sont fonctions des taux d'infection et de retrait α et μ' . D'autre part, à la limite quand $t \rightarrow +\infty$, la variable

$$Z(t) \rightarrow \left(\frac{\rho^2}{(x(0)) \left(\frac{x(0)}{\rho}\right)} - 1 + \lambda \right)$$

et si $\left(\frac{2x(0)y(0)}{\rho^2}\right) \ll \left(\left(\frac{x(0)}{\rho}\right) - 1\right)^2$ et si l'épidémie se développe

(i.e. $x(0) > \rho$), alors $z(t) \rightarrow 2\rho \left(1 - \left(\frac{\rho}{x(0)}\right)\right)$, et si on pose $x(0) = \rho + \sigma$ avec (σ/ρ)

petit, alors $z(t) \rightarrow 2\sigma$ et $x(t) \rightarrow \rho - \sigma$ lorsque $t \rightarrow +\infty$. En d'autres termes, la dynamique de l'épidémie est traduite à la limite, par 2σ susceptibles devenus infectieux auxquels correspondent 2σ infectieux retirés.

On considère maintenant la situation où il y a immigration vers la population des infectieux. Le modèle est représenté par le schéma

$$\begin{array}{c} v \downarrow \\ X \xrightarrow{\alpha} Y \\ \mu' \downarrow \end{array}$$

Les équations régissant ce modèle sont dans ce cas :

$$\begin{cases} \frac{dx(t)}{dt} = -\alpha x(t)y(t) \\ \frac{dy(t)}{dt} = \alpha x(t)y(t) - \mu' y(t) + v \end{cases}$$

avec la condition initiale $x(0)+y(0)=n(0)=n$. Là également, la taille de la population fluctue en fonction du taux de retrait μ' et du taux d'immigration v . Et suivant le développement ci-dessus, au début de l'épidémie on peut exhiber des solutions du système et on trouve

$$\begin{cases} x(t) \cong x(0) \exp\left(-\frac{v}{\alpha}\right) \exp\left\{\frac{v t}{x(0) - \rho} + \frac{v}{\alpha} \exp[\alpha(x(0) - \rho)t]\right\} \\ y(t) \cong \frac{-v}{\alpha(x(0) - \rho)} + \left[y(0) + \frac{v}{\alpha(x(0) - \rho)}\right] \exp\{\alpha(x(0) - \rho)t\} \end{cases}$$

Lorsque l'épidémie est à un stade d'évolution avancé, nous introduisons de nouveau la variable auxiliaire $Z(t)$. Celle-ci satisfait l'équation

$$\left(\frac{dz(t)}{dt}\right) = \mu' \cdot y(t).$$

Avec la condition initiale $z(0)=0$. Cette fois-ci, on a

$$\left(\frac{dy(t)}{dt}\right) = \alpha y(t) \cdot [x(t) - \rho] + v \quad (2')$$

ce qui montre que l'épidémie a tendance à se propager rapidement si $x(0) > \rho$ et d'ailleurs, elle ne risque pas de s'éteindre si $x(0) \leq \rho$ si bien sûr le taux d'immigration v est important.

Et de la même manière que ci-dessus, en observant cette fois-ci que

$$\left(\frac{dz(t)}{dt}\right) = \mu' \left[n - z(t) + v - x(0) \exp\left(-\left(\frac{z(t)}{\rho}\right)\right) \right]$$

et sous l'hypothèse que $\left(\frac{z(t)}{\rho}\right)$ est petit, on obtient comme équation approchée

$$\frac{dz(t)}{dt} = \mu' \frac{\rho^2 \lambda^2}{2x(0)} \left\{ 1 - \frac{x^2(0)}{\rho^4 \lambda^2} \left[z(t) - \frac{\rho^2}{x(0)} \left(\frac{x(0)}{\rho} - 1 \right) \right]^2 \right\}$$

avec $\lambda = \sqrt{\left(\frac{2x(0)(y(0)+v)}{\rho^2}\right) + \left(\left(\frac{x(0)}{\rho}\right) - 1\right)^2}$ et dont la solution est donnée par

$$z(t) = \left(\frac{\rho^2}{x(0)}\right) \left[\left(\frac{x(0)}{\rho}\right) - 1 + \lambda \cdot \tanh\left(\left(\frac{1}{2}\right) \lambda \mu' t - \emptyset\right) \right]$$

avec la constante \emptyset la même que celle de la proposition 1. De même, on dérive de cette solution des solutions approchées de $x(t)$ et $y(t)$, on trouve

$$x(t) = x(0) \exp\left[-\frac{1}{\rho} \frac{\rho^2}{x(0)} \left(\frac{x(0)}{\rho} - 1 + \lambda \tanh\left(\frac{1}{2} \mu' t - \emptyset\right)\right)\right]$$

$$y(t) = \frac{\rho^2 \lambda^2}{2x(0)} \cdot \frac{1}{\cosh^2\left(\frac{\lambda \mu' t}{2} - \emptyset\right)}$$

avec λ spécifié ci-dessus.

La dépendance de la solution $x(t)$ par rapport a v est confortée par la liaison entre les équations en $x(t)$ et $y(t)$.

References

- [1] Anderson .R.M. (1982) Ed: Population Dynamics of Infections Diseases.London.Chapman and Hall.
- [2] Anderson .R.M. Medley.G.F.May. R.M.and Johnson.A.M. (1986) A preliminary study of the transmission dynamics of the human immunodeficiency virus(HIV), the causative agent of AIDS. I M A J. Math.Med. Bul.3.229-263.
- [3] Anderson R.M , May R.M “infectious diseases of humans” 757 pages,oxford Science Publication,Oxford,1992.
- [4] Arazoza,H et LounesR 1995, A two-sex model for the AIDS-epidemic.
- [5] Arazoza.H et Lounes.R 1998 « a two- type model for the cuban national programme on HIV/SIDA ».
- [6] Bailey.N.T.J. (1975) The mathematical Theory of Infectious Diseases. London :Griffin.
- [7] Bailey.N.T.J. (1988) Statistical Problems in the Modelling and Prediction of HIV/AIDS.
- [8] Bartlett,M.S 1978 An introduction to stochastic Processus , 3rd edn.Cambridge University Press.
- [9] Cairns.Ben and Pollet.P.K. (2004) Extinction Times for a General Birth,Death and Catastrophe Process J.Appl.Prob.41,pp1211-1218.
- [10] G.F. Simmons, Differential Equations with Applications and Historical Notes, McGraw-Hill, 1972.
- [11] Hsieh Y-H, de Arazoza R , Joanes JA , « Class of models for HIV contact tacing in Cuba »
- [12] Isham .V. (1988) Mathematical Modelling of the Transmission Dynamics of HIV Infection and AIDS : a Review J.R. Statist.Soc.A. 151.Part 1.pp 5-30.
- [13] Isham, V. (1991) Assessing the variability of stochastic epidemics. Mathematical Biosciences 107, 209–224.

- [14] Isham, V. (1993a) Stochastic models for epidemics with special reference to AIDS. *Avances in Applied Probability* 3, 1–27.
- [15] Isham, V. (1993b) Statistical aspects of chaos: a review. In *Networks and Chaos*, eds OE Barndorff-Nielsen, DR Cox, JL Jensen and WS Kendall. London: Chapman and Hall.
- [16] Isham, V. (1995) Stochastic models of host-macroparasite interaction. *Advances in Applied Probability* 5, 720–740
- [17] Isham, V. and Medley, G. (eds) (1996) *Models for Infectious Human Diseases: their Structure and Relation to Data*. Cambridge: Cambridge University Press.
- [18] J. Biazar, R. Montazeri, A computation method for solution of the prey predator problem, *Appl. Math. Comput.* 163 (2) (2005) 841–847.
- [19] Kermack, WO and McKendrick, AG (1927) Contributions to the mathematical theory of epidemics, part I. *Proceedings of the Royal Society of London A* 115, 700–721.
- [20] Lounes R, 1989 « A two-type population epidemic problem » *IMA.J.Math.Appl.Med.Bio.* 6 , 205-208.
- [21] Lounes,R et Arazoza,H “ A two-type model for Cuban national programme on HIV/AIDS” *IMA .J.Math.Appl.Med.Biol*,vol.16,p.143-154,1999.
- [22]M.Meraihi 2009; « Modèles épidémiologiques du SIDA » *sciences et technologie A-No 30* pp 31-36.
- [23]M.Meraihi proceeding of Seminario Internacional Sobre Mathematica Aplicada y su Repercusion en las Sociedades Actual ; HMAMS 2008
- [24] McKendrick, AG (1926) Applications of mathematics to medical problems. *Actes de la Edinburgh Mathematical Society* 44, 98–130
- [25] Thierry, H;Fourichon, C et Seegers,H “Modélisation de la transmission horizontale d’un agent pathogène” *texte de la conférence présentée à la journée AEEMA, 20 mai 2005.*