

MINISTÈRE DE L'ENSEIGNEMENT SUPÉRIEUR ET DE LA RECHERCHE  
SCIENTIFIQUE

UNIVERSITÉ ABDELHAMID IBN BADIS DE MOSTAGANEM  
FACULTÉ DES SCIENCES EXACTES ET DE L'INFORMATIQUE  
DÉPARTEMENT DE MATHÉMATIQUES ET INFORMATIQUE  
FILIÈRE : MATHÉMATIQUES



MÉMOIRE DE FIN D'ÉTUDE

PRÉSENTÉ POUR L'OBTENTION DE DIPLÔME DE MASTER EN  
MATHÉMATIQUES

*Spécialité "Modélisation, Contrôle et Optimisation"*

*Présenté par : BENYOUSSA Kheira*

ÉTUDE DE LA STABILITÉ DE PHÉNOMÈNES  
D'ÉVOLUTION : LE MODÈLE SIR

*Devant les jurys composé de :*

<b>Président :</b>	KAISSERLI ZINEB	MCB à Université de Mostaganem
<b>Examineur :</b>	GHEZZAR MOHAMMED AMINE	MCB à Université de Mostaganem
<b>Encadreur :</b>	HAMADI YASSAMINA	MCB à ENP D'oran

Année Universitaire :2020/2021

## Dédicaces

*Je dédie ce travail :*

*A mes chers parents dont le rêve était toujours  
de me voir réussir. Qu'ils sachent  
que leur place dans mon cœur et ma pensée,  
reste et demeure immense.*

*Aussi, Pour toute personne qui a choisi le chemin des  
mathématiques, ce travail est dédié à vous.*

*Je prie que ce  
modeste projet de fin d'étude soit à votre aide.*

## Remerciements

*Je tiens à exprimer mes vifs remerciements à Mon  
encadreur Docteur HAMADI Yassamina*

*qui a consacré son temps à l'encadrement de mon  
mémoire de master,  
un temps considérable et qui m'a accordé une grande  
disponibilité.*

*De même je veux exprimer mes remerciements aux  
membres de jury de mon mémoire Docteur Ghezzer  
Mohammed Amine et Docteur Kaïsserli Zineb qui  
ont bien voulu examiner ce travail.*

*Sans oublier Professeur BOUAGADA Djillali pour  
ces conseils qu'il n'a cessé de me prodiguer.*

*Enfin, pour tout ceux qui m'ont aidée, à mes  
enseignants, mes amies,  
collègues merci pour vos soutiens et encouragements.*

## Résumé

L'objectif de ce mémoire est d'étudier la stabilité globale d'un modèle SIR, en utilisant la méthode de la matrice de la prochaine génération et le théorème de Lyapunov et le principe d'invariance de LaSalle.

# Table des matières

<b>Dédicaces</b>	<b>2</b>
<b>Remerciements</b>	<b>3</b>
<b>Résumé</b>	<b>4</b>
<b>Introduction</b>	<b>6</b>
<b>1 Préliminaire</b>	<b>9</b>
1.1 Généralités sur les systèmes dynamiques . . . . .	9
1.2 Systèmes autonomes . . . . .	10
1.3 Notions de stabilité et point d'équilibre . . . . .	12
1.4 Méthode de calcul de $\mathfrak{R}_0$ . . . . .	14
1.5 Méthode de Lyapunov . . . . .	16
1.6 Le principe d'invariance de LaSalle . . . . .	17
<b>2 Étude la stabilité globale du modèle SIR</b>	<b>19</b>
2.1 Formulation du modèle . . . . .	20
2.2 Détermination des points d'équilibres : . . . . .	22
2.3 Calcul de $\mathfrak{R}_0$ : . . . . .	23
2.4 Stabilité globale du DFE : . . . . .	25
2.5 Stabilité globale de l'équilibre endémique : . . . . .	27
<b>Conclusion</b>	<b>29</b>
Bibliographie . . . . .	30

---

# Introduction

L'objectif de ce mémoire est de comprendre le comportement d'un modèle SIR. La stabilité d'un modèle classique SIR en épidémiologie est considérée dans ce cadre. L'épidémiologie est l'étude des épidémies. Comprendre et analyser le développement d'une épidémie est une tâche difficile, mais indispensable pour prédire ce développement, et agir pour le freiner voir l'empêcher. Ces études permettent aussi de prévoir les conséquences pour la population d'actions que la vaccination, la mise en quarantaine ou la distribution de tests de dépistage. Les mathématiques sont au cœur de ces études épidémiologiques. Le modèle SIR a été présenté pour la première fois par KERMACK et MCKENDRICK [1] à Londres et Cambridge en 1927 pour expliquer a posteriori l'évolution de l'épidémie de peste à Bombay en 1905-1906 . A.G Mckendrick était un médecin écossais militaire de l'armée britannique, qui s'est spécialisé ensuite en épidémiologie et W.O. Kermarck écossais lui aussi, était mathématicien de formation et a beaucoup travaillé dans le domaine de la chimie. Pour étudier une situation réelle, on commence par extraire de la situation ses caractéristiques principales. Les hypothèses et simplifications faites permettent alors de décrire la situation mathématiquement : on crée alors un modèle. On substitue ainsi au monde réel le monde idéal et simplificateur des mathématiques . Ensuite on utilise des techniques mathématiques connues pour analyser, étudier le modèle . Les conclusions obtenues sont ensuite retraduites dans le langage du monde réel. Par définition un modèle est faux , puisqu'incomplet et imparfait. Par confrontation à l'expérience et au réel les modèles peuvent être affinés.

La population de modèle SIR est divisée en trois catégories (qu'on appelle "compartiments" dans le langage de l'épidémiologie) :

- Les individus "Susceptibles" ou "Sains" (S) : ceux qui n'ont jamais eu la maladie, et peuvent la contacter ;
- Les individus "infectés" (I) : les malades, ce sont aussi les contagieux (c'est une hypothèse de modèle) ;
- Les individus "Rétablis" (R, comme "Recovered" en anglais) : ceux qui ont déjà eu la maladie et sont désormais immunisés contre ce maladie (c'est une hypothèse de ce modèle). On inclut dans ce groupe les personnes décédés (puisque'elle ne peuvent plus contacter la maladie, et parce que c'est pratique).

Il paraît plus naturel de travailler avec le nombre de personnes dans chaque catégorie, mais certains calculs seront plus simples si on utilise plutôt la proportion de personnes dans chaque catégorie, ce qui nous permet de connaître tout aussi bien la progression de

---

l'épidémie.

On note donc :

$S(t)$ ,  $I(t)$  et  $R(t)$  la proportion d'individus de chacune des catégories( les sains, les infectés, les rétablis) à l'instant  $t$ .

notre objectif est de connaître l'évolution de  $S(t)$ ,  $I(t)$  et  $R(t)$  au cours de temps.

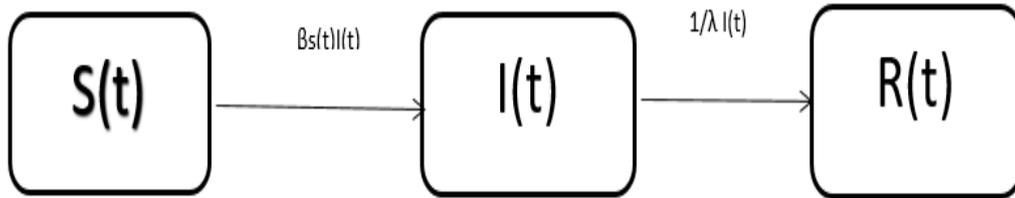
pour cela on cherche dans un premier temps à déterminer les règles qui régissent les variations de ces variable.

Pour ce modèle les règles retenues sont les suivantes :

- ▶ La maladie est une maladie assez brève : on néglige les phénomènes démographiques (naissance, décès, immigration). La taille de la population étudiée peut donc être considérée comme fixe.
- ▶ La seule façon pour qu'un individu quitte le groupe des sains est une devant infecté. Il est raisonnable de penser que le nombre de nouveaux cas sur une durée donnée est proportionnel au nombre de contacts sur cette durée entre les individus susceptibles et les individus infectés  $S(t)$   $I(t)$ . On note ce coefficient de proportionnalité  $\beta$ .
- ▶ Les personnes malades (infectés) sont toutes infectieuses : elles peuvent transmettre la maladie.
- ▶ Chaque personne qui a guéri de cette maladie est immunisée pour toujours contre cette maladie : la personne ne peut plus retomber malade.
- ▶ Nous faisons aussi l'hypothèse que toutes les personnes tombées malades finissent par guère (ou mourir, selon la maladie, mais on ne fera pas la différence ici : dans les deux cas les individus ne peuvent plus retomber malade). Ainsi qu'une proportion  $\gamma$  des individus infectés passe dans le groupe des individus rétablis tous les jours. Par exemple si la durée moyenne d'infection est de  $\lambda = 4$  jours, en moyenne chaque jour  $\gamma = 1/4$  de la population infectée se rétablit (ou meurt).

Vocabulaire :

- $\beta$  est appelé taux de transmission.
- $\lambda$  est la durée moyenne d'infection.
- $\gamma$  est appelé taux de guérison, il est égal à l'inverse de  $\lambda$ .



A noter  $\beta$  et  $\lambda$  caractéristiques non seulement de la maladie, mais aussi de la population considérée pour une même maladie, ces valeurs peuvent varier en fonction de la population touchée.

Ce mémoire est organisé de la façon suivante : Dans le premier chapitre, nous exposons quelques définitions et outils mathématiques pour étudier la stabilité d'un modèle SIR. Dans le deuxième chapitre on étudie la stabilité globale du modèle SIR en utilisant la méthode de Lyapunov.

# Chapitre 1

## Préliminaire

### 1.1 Généralités sur les systèmes dynamiques

L'analyse mathématique des systèmes dynamiques résultant de la modélisation en épidémiologie . Les systèmes différentiels étudiés dans ce mémoire sont non linéaires. Nous allons présenter la plupart des résultats qui ont été utilisés dans ce travail. Ces résultats sont classiques, ainsi les notions de système dynamique, de stabilité des solutions d'un système dynamique, de système dynamique monotone. Enfin nous allons présenter la méthode de calcul du nombre de reproduction de base  $\mathfrak{R}_0$ . Nous aurons par la suite besoin des définitions et notations suivantes.

**Définition 1.1.1.** Soit  $x = (x_1, x_2, \dots, x_n)$ ,  $A = (a_{ij}) \in \mathbb{M}_n(\mathbb{R})$ .

*On dit que le vecteur  $x$ , (respectivement la matrice  $A$ ) est strictement positif, et on note  $x \gg 0$  (respectivement  $A \gg 0$ ), si pour tout  $i, 1 \leq i \leq n, x_i > 0$ ; (respectivement pour tout  $i, j, 1 \leq i \leq n, 1 \leq j \leq n, a_{ij} > 0$ ).*

*On dit que le vecteur  $x$ , (respectivement la matrice  $A$ ) est positif, et on note  $x > 0$  (respectivement  $A > 0$ ), si pour tout  $i, 1 \leq i \leq n, x_i \geq 0$ ; et il existe au moins un  $i$  tel que  $x_i > 0$  (respectivement pour tout  $i, j, 1 \leq i, j \leq n, a_{ij} \geq 0$ ), et pour au moins un couple  $(i, j), a_{i,j} > 0$*

*On dit que le vecteur  $x$ , (respectivement la matrice  $A$ ) est positif (largement), et on note  $x \geq 0$  (respectivement  $A \geq 0$ ), si  $x > 0$  ou  $x = 0$ ; (respectivement  $A > 0$  ou  $A = 0$ ).[2]*

**Définition 1.1.2.** *:(Système dynamique à temps continu)*

*On appelle système dynamique à temps continu sur un ensemble  $\Omega$ , une famille d'application  $\Phi_t, t \in \mathbb{R}_+$ , paramétrée soit par l'ensemble  $\mathbb{R}_+$ , des réels positifs ou nuls, soit par l'ensemble  $\mathbb{R}$  de tout les réels, et vérifiant les propriétés suivantes :*

1. Chaque application  $\Phi_t$  est définie sur un partie  $U_t$  de  $\Omega$  et à valeurs dans  $\Omega$  ;
2. L'application  $\Phi_0$  définie sur  $\Omega$  tout entier est l'application identité sur  $id_\Omega$  ;
3. Si  $0 \leq t_1 \leq t_2$ , alors  $U_{t_2} \subset U_{t_1}$  ;
4. Soient  $t$  et  $s$  deux éléments de l'ensemble  $\mathbb{R}_+$  ou  $(\mathbb{R})$  qui paramètre la famille des applications considérées.  
Soit  $x \in U_s$  ; alors  $\Phi_s(x)$  est un élément de  $U_t$  si et seulement si  $x$  est un élément de  $U_{s+t}$  et, lorsque c'est le cas, on a

$$\Phi_t(\Phi_s(x)) = \Phi_{s+t}(x)$$

L'ensemble  $\Omega$  est appelé espace de phases du système dynamique.

## 1.2 Systèmes autonomes

Soit  $\Omega$  un sous ensemble de  $\mathbb{R}^n$ . Considérons l'équation différentielle autonome définie par :

$$\dot{x} = X(x) \tag{1.1}$$

On suppose que  $X : \Omega \subset \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$  est continue et satisfait les conditions telles qu'une solution du système (1.1) existe en tout point, est unique et dépend de manière continue des conditions initiales.

Les états stationnaires ou point d'équilibre du système (1.1) sont les points  $x_0 \in \Omega$  satisfaisant  $X(x_0) = 0$ . Pour chaque  $x \in \Omega$ , nous notons par  $X_t(x)$  la solution du système (1.1) satisfaisant  $X_0(x) = x$ . Nous supposons que  $X$  satisfait des conditions telles que  $X_t(x)$  est continue en  $(t, x)$ . [2]

**Définition 1.2.1.** : (Trajectoire, orbite)

On appelle trajectoire d'un point  $x$  de  $\Omega$  l'application  $X_x : t \rightarrow X_t(x)$  ;

on appelle orbite d'un point  $x$  de  $\Omega$  la partie  $\gamma_x = \{X_t(x), t \in \mathbb{R}\}$  de l'espace des phases ;

l'orbite d'un point  $x$  de  $\Omega$  est dite périodique si  $x$  n'est pas un point d'équilibre et s'il existe  $T \in \mathbb{R}_+$  tel que  $X_T(x) = x$ .

On dit alors que  $T$  est une période de l'orbite périodique considérée.

**Définition 1.2.2.** On appelle orbite positive  $\gamma^+(x_0)$  issue de  $x_0$  l'ensemble  $\{x(t, x_0); t \geq 0\}$  [2].

**Définition 1.2.3.** : (Ensembles limites)

Les hypothèses et les notations sont celles de la définition précédente, nous supposons que  $\Omega$  est un espace topologique séparé. soit  $x$  un point de  $\Omega$  ;

soit  $I_x = \{X_t(x) \text{ est définie}\}$  ;

On suppose que  $I_x$  est borné à droite.

On appelle ensemble  $\omega$ -limite de  $x$  et on note  $\omega(x)$  l'ensemble des valeurs d'adhérence de la trajectoire

$t \rightarrow X_t(x)$  de  $x$ , lorsque  $t$  tend vers  $+\infty$ .

On suppose que  $I_x$  non borné à gauche . On appelle ensemble  $\alpha$ -limite de  $x$  et on note  $\alpha(x)$  l'ensemble des valeurs des valeurs d'adhérence de la trajectoire  $t \rightarrow X_t(x)$ , lorsque  $t$  tend vers  $-\infty$ . [2]

**Définition 1.2.4.** : ( Bassin d'attraction d'un point d'équilibre) [2]

Soit  $x_0 \in \Omega$  un point d'équilibre du système (1.1).

On appelle bassin d'attraction du point  $x_0 \in \Omega$  l'ensemble des éléments  $x \in \Omega$  tels que pour tout  $t \in \mathbb{R}_+$ ,  $X_t(x)$  soit définie et que

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} X_t(x) = x_0$$

On appelle bassin de répulsion du point  $x_0 \in \Omega$  ; l'ensemble des éléments  $x \in \Omega$  tels que pour tout  $t \in \mathbb{R}_-$ ,  $X_t(x)$  soit défini et que

$$\lim_{t \rightarrow -\infty} X_t(x) = x_0.$$

**Définition 1.2.5.** (Ensemble absorbant)

Supposons le système (1.1) et tel que  $X$  est de classe  $\mathbb{C}^1$  et que  $\Omega$  est un ouvert de  $\mathbb{R}^n$  .

Supposons de plus que cette équation admet des solutions quel que soit  $t \geq 0$ . un sous-ensemble  $D$  de  $\Omega$  est dit absorbant suivant (1.1) si tout sous-ensemble borné  $K$  de  $\Omega$  satisfait  $x(t, K) \subset D$  pour tout temps  $t$  suffisamment grand. De même,  $D$  est dit absorbant lorsque pour toute condition initiale  $x_0$ , il existe  $t > 0$  tel que  $X_t(x_0) \in D$ . [2]

**Définition 1.2.6.** : (Ensemble invariant)

Un sous-ensemble  $K$  de  $\Omega$  est dit positivement (resp. négativement) invariant relativement à (1.1) si  $x(t, K) \subset K$  pour tout  $t \geq 0$  (resp  $t \leq 0$ ),  $K$  est dit invariant si  $x(t, K) = K$  pour tout  $t$ .

On considère le système non autonome

$$\dot{x} = f(x, t), t \in \mathbb{R}^n \tag{1.2}$$

Où la fonction  $f$  peut dépendre de la variable  $t$ .

Les ensembles  $\alpha$ -limite et  $\omega$ -limite sont des exemples d'ensembles invariants et absorbants.[3]

**Définition 1.2.7.** Un point  $\bar{x} \in \mathbb{R}^n$  est appelé un point d'équilibre (également point critique, solution stable, ...) de système (1.1) si  $f(\bar{x})=0$ .

Un point d'équilibre  $\bar{x}$  est appelé point d'équilibre hyperbolique de (1.1) si aucune des valeurs propres de la matrice  $Df(\bar{x})$  n'a pas une partie réelle nulle.

On considère le système linéaire

$$\dot{x} = Ax \tag{1.3}$$

avec  $A = Df(\bar{x})$  alors  $Ax$  est appelé linéaire de (1.1) au point  $\bar{x}$ . [3]

**Théorème 1.** Supposons que toutes les valeurs propres de  $Df(\bar{x})$  ont parties réelles négatives alors le point d'équilibre  $\bar{x}$  du système (1.1) est localement asymptotiquement stable, et instable si au moins une des valeurs propres a une partie réelle positive.

**Définition 1.2.8.** :(Système singuliers)

Les système singuliers sont des problèmes à données manquants ou des problèmes mal posés.

**Théorème 2.** :(Lions-Magenes)[3]

Soit  $V$  un espace de Banach,  $\mathcal{A}$  une forme bilinéaire, continue et coercitive sur  $V$  et  $L$  une forme linéaire continue sur  $V$ .

Alors, il existe un unique élément  $\bar{u}$  de  $V$  solution du problème variationnel suivant :

$$\mathcal{A}(\bar{u}, v) = L(v) \forall v \in V. \tag{1.4}$$

## 1.3 Notions de stabilité et point d'équilibre

**Définition 1.3.1.** (Stabilité d'un point d'équilibre)

Soit  $x_0 \in \Omega$  un point d'équilibre du système (1.1)

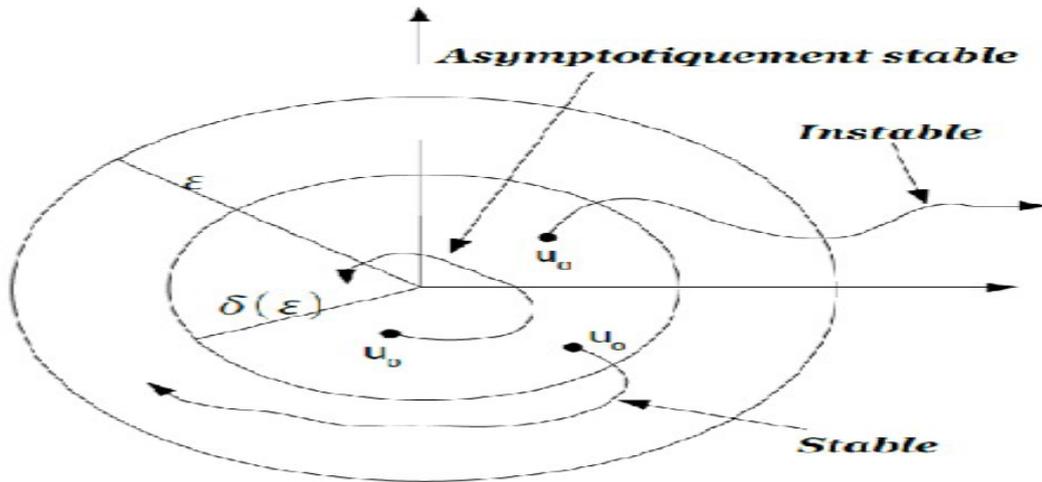
On dit que  $x_0$  est un point d'équilibre stable pour (1.1) ou que le système (1.1) est stable en  $x_0$  si pour tout  $\epsilon$  positif, il existe un nombre réel positif  $\delta$  tel que pour tout  $x \in \Omega$  avec  $\|x(0) - x_0\| < \delta$ , la solution  $X_t(x(0)) = x(t)$

Si de plus il existe  $\delta_0$  tel que  $0 < \delta_0 < \delta$  et

$$\|x(0) - x_0\| \leq \delta_0 \Rightarrow \lim_{t \rightarrow -\infty} x(t) = x_0$$

$x_0$  est dit asymptotiquement stable.

Le système est dit instable en  $x_0$  s'il n'est pas stable en  $x_0$ . [2]



**Définition 1.3.2.** (Point d'équilibre attractif)

Le point d'équilibre  $x_0$  est dit attractif (on dira aussi que le système (1.1) est attractif en  $x_0$ ) s'il existe un voisinage  $D \subset \Omega$  de  $x_0$  tel que pour tout condition initiale  $x$  commençant dans  $D$ , la solution correspondante  $X_t(x)$  du système (1.1) est définie pour toute  $t \geq 0$  et tend vers  $x_0$  lorsque  $t$  tend vers l'infini. En d'autre termes,

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} X_t(x) = x_0$$

Pour toute condition initiale  $x \in D$  ;

Le point  $x_0$  est dit globalement attractif si  $\lim_{t \rightarrow +\infty} X_t(x) = x_0$  pour toute condition initiale  $x \in \Omega$ . [2]

**Définition 1.3.3.**  $x_0$  est un point asymptotiquement stable pour le système (1.1) s'il est stable et attractif.

**Définition 1.3.4.** (Équilibre globalement asymptotiquement stable)

Soit  $x_0 \in \Omega$  un point d'équilibre du système (1.1).

Ce système est globalement asymptotiquement stable  $x_0 \in \Omega$  si il est à la fois stable, attractif et son bassin d'attraction est  $\Omega$  tout entier.[2]

## 1.4 Méthode de calcul de $\mathfrak{R}_0$

Cette technique a été élaborée d'abord par "Diekman" et puis reprise par "Van den Driesache" et "Watmough" pour les systèmes de dimension finie.

On considère un modèle épidémiologique comportant  $n$  compartiments

$$\dot{x}_i = f_i(x) = \mathcal{F}_i(x) + \mathcal{V}_i^+(x) - \mathcal{V}_i^-(x) \quad (1.5)$$

$x_i$ ,  $i \in \{1, \dots, n\}$  est le nombre d'individus dans les compartiments qui sont ordonnés de tel sorte que les  $m$  premiers compartiments sont correspondants à des états infectés (latents, infectieux,...) et les derniers sont correspondant à des individus libres d'infection (susceptible,...).[4]

**Définition 1.4.1.** Soit  $\Omega = \{x \geq 0 \text{ telle que } x_i = 0, i \in \{1, \dots, m\}\}$  l'ensemble de tous les états sans maladie.

**Remarque 1.4.1.** Les fonction  $\mathcal{F}_i(x)$  désignent le taux d'apparition des nouveaux infectés dans le compartiment  $i$ .

Les fonctions  $\mathcal{V}_i^+(x)$  désignent le taux de transfert (entrant) des individus dans le compartiment  $i$  par tout autre cause.

Les fonctions  $\mathcal{V}_i^-(x)$  désignent le taux de transfert (sortant) des individus hors compartiment  $i$ . Pour des raisons biologiques les fonctions  $\mathcal{F}_i(x), \mathcal{V}_i^+(x), \mathcal{V}_i^-(x)$  sont supposées vérifiant les hypothèses  $(\mathcal{A}_1, \dots, \mathcal{A}_5)$  suivantes :

$\mathcal{A}_1$  : Si  $x \geq 0$ , alors  $\mathcal{F}_i(x), \mathcal{V}_i^+(x), \mathcal{V}_i^-(x) \geq 0$  pour tout  $i \in \{1, \dots, n\}$ .

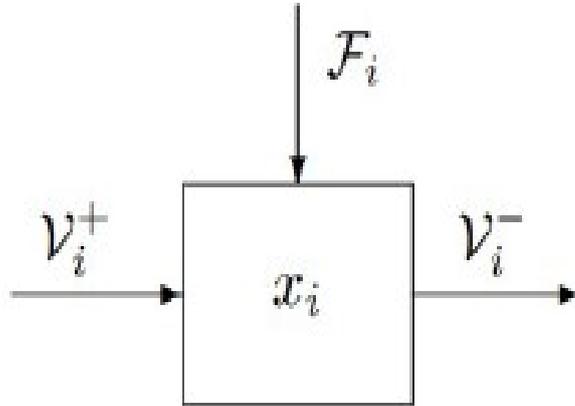
$\mathcal{A}_2$  : Si  $x_i = 0$ , alors  $\mathcal{V}_i^-(x) = 0$  en particulier si  $x \in \Omega$  alors  $\mathcal{V}_i^-(x) = 0$  pour tout  $i \in \{1, \dots, m\}$ .

$\mathcal{A}_3$  : Si  $i > m$ , alors  $\mathcal{F}_i(x) = 0$ .

$\mathcal{A}_4$  : Si  $x \in \Omega$ , alors  $\mathcal{F}_i(x) = \mathcal{V}_i^+(x) = 0$  pour  $i \in \{1, \dots, m\}$ .

$\mathcal{A}_5$  : Si  $\mathcal{F}_i(x) = 0$ , le système admet un point d'équilibre  $\bar{x}$  localement asymptotiquement stable c'est à dire  $D(\mathcal{V}_i^+ - \mathcal{V}_i^-)(\bar{x})$  possède des valeurs propres à parties réelles strictement négatives.

Les fonctions  $\mathcal{F}_i(x), \mathcal{V}_i^+(x), \mathcal{V}_i^-(x)$  sont supposées être au moins deux fois différentiables. On introduit le Lemme suivant pour utilité et pour ce faire, on se base de la référence suivante[4]



Variable d'état, flux entrant et sortant liés au compartiment  $i$

**Définition 1.4.2.** :

Un état du système  $x_0$  est sans maladie, si les compartiments des infectés sont vides . C'est l'équilibre de mortalité : Disease Free Equilibrium (DFE).

**Lemme 1.4.1.** :[3] Soit  $\bar{x}$  est un DFE c'est à dire point d'équilibre sans maladie du système (1.2) et les fonctions  $f_i(x)$  vérifiant  $\mathcal{A}_1, \dots, \mathcal{A}_5$ , alors les matrices

$$D\mathcal{F}(\bar{x}) = \begin{bmatrix} F & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix}, D\mathcal{V}(\bar{x}) = \begin{bmatrix} V & 0 \\ J_1 & J_1 \end{bmatrix}$$

se décomposant en blocs.

Où  $F \geq 0$  est une matrice définie positive et  $V$  c'est une matrice inversible

$$F = \left[ \frac{\sigma F(\bar{x})}{\sigma x_i} \right], V = \left[ \frac{\sigma \mathcal{V}_i(\bar{x})}{\sigma x_i} \right] \text{ avec } i, j = 1, \dots, n$$

**Définition 1.4.3.** :(Le nombre de reproduction de base  $\mathfrak{R}_0$ )

Le nombre de reproduction de base  $\mathfrak{R}_0$  est le rayon spectral c'est à dire le grand module des valeurs propres de la matrice de prochaine génération est définie par :

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

L'interprétation suivante est donnée à la matrice  $-FV^{-1}$  :

Considérons un individu infecté introduit dans un compartiment  $k > m$  d'une population sans maladie.

L'entrée  $(i, k)$  de la matrice  $-V^{-1}$  est le temps moyen que l'individu passera dans le compartiment  $i$  au cours de sa vie en supposant que l'on a bloqué la ré-infection. L'entrée  $(j, i)$  de la matrice  $F$  est la vitesse à laquelle un infecté au compartiment  $i$  produit des infections dans le compartiment  $j$ , ainsi l'entrée  $(j, k)$  de  $-FV^{-1}$  est le nombre espéré de nouvelle infection dans le compartiment  $j$  produit par un individu infecté introduit originellement dans le compartiment  $k$ . Le rayon spectral de la matrice  $-FV^{-1}$  est le nombre de reproduction de base, c'est à dire  $\mathfrak{R}_0 = \rho(-FV^{-1})$ . [5]

**Théorème 3. :**

Soit le modèle de transmission de la maladie (1.2) avec  $f_i(x)$  satisfaisant  $\mathcal{A}_1 \dots \mathcal{A}_5$  si  $\bar{x}$  est un DFE du modèle (1.2) alors  $\bar{x}$  est globalement asymptotiquement stable si  $\mathfrak{R}_0 < 1$  et instable si  $\mathfrak{R}_0 > 1$ .

## 1.5 Méthode de Lyapunov

Les fonctions de Lyapunov jouent un grand rôle dans l'étude de la stabilité des systèmes dynamique .

Cette section est consacrée à quelques résultats dus à Lyapunov. Soit  $V : \Omega \subset \mathbb{R}_n \rightarrow \mathbb{R}$  une fonction continue. -La fonction  $V$  est dit définie positive si  $V(x_0) = 0$  et  $V(x) > 0$  dans un voisinage  $\Omega_0$  de  $x_0$  pour tout  $x \neq x_0$  dans ce voisinage

-La fonction  $V$  est dit définie négative si  $-V$  est définie positive ;

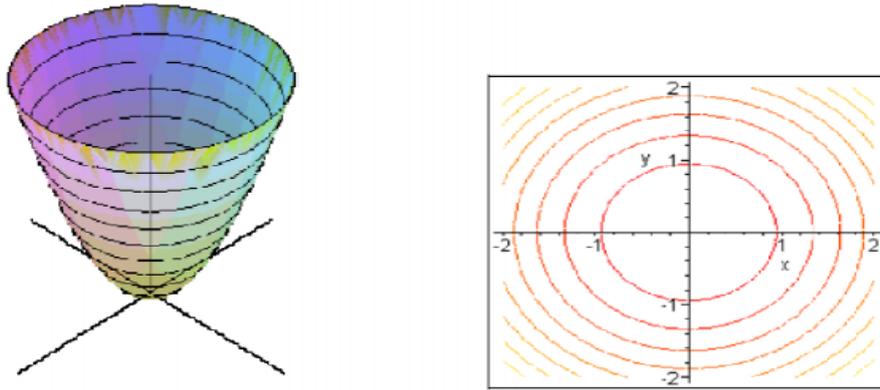
-La fonction  $V$  est dit semi-positive si  $V(x_0) = 0$  et  $V(x) \geq 0$  dans un voisinage  $\Omega_0$  de  $x_0$ . [6]

**Définition 1.5.1.** (Fonction de Lyapunov)

Un fonction  $V : \Omega \rightarrow \mathbb{R}$  est une fonction de Lyapunov pour le système (1.1) si elle décroissante le long des trajectoires du système. Si  $V$  est de classe  $\mathbb{C}^1$ , cela revient à dire que sa dérivée  $\dot{V}$  par rapport au système (1.1) est négative sur  $\Omega$ , c-à-d  $\dot{V}(x) \leq 0$  pour tout  $x \in \Omega$ .

**Théorème 4.** (Fonction de Lyapunov)

Si la fonction  $V$  est définie positive et  $V$  semi-définie négative sur  $\Omega$  alors le point d'équilibre  $x_0$  est stable pour la système (1.1).



Courbes d'une fonction de Lyapunov [3]

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

Ce théorème affirme que pour montrer qu'un point d'équilibre  $x_0$  est stable, il suffit de trouver une fonction de Lyapunov en ce point. Part ailleurs, pour utiliser le théorème original de Lyapunov pour montrer la stabilité asymptotique d'un système donné, nous devons déterminer une fonction  $V$  définie positive dont la dérivée  $\dot{V}$  est définie négative. Dans le cas général, ceci n'est pas évident. La condition sur la dérivée  $\dot{V}$  peut être allégée en utilisant la principe de la salle qui sera énoncé dans la section suivante[2]

## 1.6 Le principe d'invariance de LaSalle

**Théorème 5.** (principe d'invariance de La Salle)

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

1.  $\dot{V} \leq 0$  sur  $\Omega$ .
2. Soient  $\{E = x \in \Omega | \dot{V}(x) = 0\}$  et  $L$  le plus grand ensemble invariant par  $X$  et continu dans  $E$ .

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

Ce théorème est un outil très important pour l'analyse des systèmes ; à la différence de Lyapunov, il n'exige ni de la fonction  $V$  d'être finie positive, ni de sa dérivée  $\dot{V}$  d'être

*négligée. Cependant il fournit seulement des informations sur l'attractivité du système considéré au point d'équilibre  $x_0$ . Par exemple, il ne peut être utilisé pour prouver que les solutions tendent vers un point d'équilibre que lorsque l'ensemble  $L$  réduit à ce point d'équilibre. Il n'indique pas si ce point d'équilibre est stable ou pas. Lorsqu'on veut établir la stabilité asymptotique d'un point d'équilibre  $x_0$  de  $\Omega$ . [10]*

## Chapitre 2

# Étude la stabilité globale du modèle SIR

*Le modèle SIR est un classique épidémiologie mathématique. Plus particulièrement, Kermack et Mckendrick ont utilisé un modèle SIR pour prouver l'existence d'un seuil. Le modèle de Kermack et Mckendrick est sans démographie, i.e .sans dynamique vitale. Les modèles SIR classiques sont aussi importants comme modèle conceptuels (similaires aux modèles proie-prédateur et espèces compétitives en écologie). Lorsqu' une dynamique vitale y est a ajoutée, le comportement asymptotique change. Quand le taux de mortalité est égal dans chaque compartiment  $S, I$  et  $R$  et un taux de natalité égal, la stabilité globale des équilibre a été complètement étudiée dans [7],[8] En fait, la population totale est constante, donc le système se réduit a un système plan. Ainsi, les méthodes de plan de phase(Poincaré- Birkhoff) et fonction de Lyapunov pour la stabilité globale ont été obtenues. Les modèles avec une population totale de taille variable sont souvent difficiles pour une analyse mathématique parce que la taille de la population est une variable additionnelle qui est gouvernée par une équation différentielle. La stabilité globale des équilibre d'un modèle SIR avec une population totale constante, en utilisant les fonctions de Lyapunov. Cependant, dans ce modèle, les taux de mortalité dans  $S$  et  $I$  sont égaux et celui dans  $R$  est ajusté relativement au taux de mortalité de  $S$  et au taux de natalité. Cet ajustement est juste fait pour obtenir une population totale constante. Ceci est un peu artificiel. Le modèle avec une population constante se simplifie le système devient plan. Dans ce chapitre, nous proposons un modèle plus réaliste avec une population constante. Nous supposons, lequel est plus au moins observable, que la natalité compense la mortalité. Notre modèle traite avec des mortalités différentes, en particulier avec sur mortalité due à la maladie. On note  $\mathfrak{R}_0$  le nombre de reproduction de base. Il est défini comme le nombre de nouveaux cas d'infection causé des par un individu infecté dans une popu-*

lacion susceptible. Nous prouvons dans ce chapitre la globale stabilité de l'équilibre sans maladie DFE situation non épidémique si  $\mathfrak{R}_0 \leq 1$  et nous prouvons qu'il existe un unique équilibre endémique DFE situation épidémique  $\mathfrak{R}_0 \geq 1$ , qui est globalement asymptotiquement stable sur le domaine privé de la variété stable du DFE. L'analyse de la stabilité des modèles SIR classiques est connue depuis 1976 [9],[7]. La raison en est que l'étude de la stabilité de ces modèles se réduit aux systèmes plans, et donc les méthodes de plan des phases peuvent être utilisées : le théorème de Poincaré- Birkhoff. Les orbites périodiques peuvent être exhibées en utilisant le critère de Dulac ou le critère de Busenberg et van den Driessche. Dans la littérature récente, la méthode de Lyapunov a été utilisée avec succès pour prouver la stabilité globale de l'équilibre endémique. La méthode consiste à trouver une fonction, souvent notée  $V$ , définie positive telle que sa dérivée le long des trajectoires est définie négative. Si la dérivée  $\dot{V}$  est seulement négative, le principe d'invariance de Lasalle étend la méthode de Lyapunov dans certains cas. Cette fonction est très difficile à trouver. Cependant, la classe de fonctions

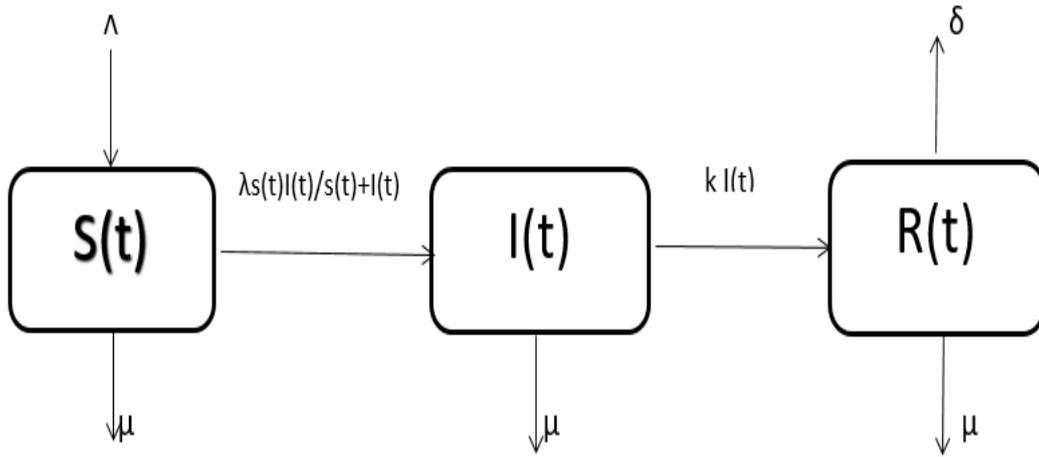
$$V = \sum_{i=1}^n a_i(x_i - \bar{x}_i \log x_i)$$

est utilisée. Cette fonction a une longue histoire dans l'application des modèle du type Lotka- Volterra et a été découverte par Volterra lui-même, cependant il n'a pas utilisé le vocabulaire et la théorie des fonction de Lyapunov. En 2002, Korobeinikov et Wake ont utilisé ce type de fonction pour prouver la stabilité de modèle SIR en 2004. Dans la première section, nous formulons le modèle et étudions la stabilité globale du DFE quand  $\mathfrak{R}_0 \leq 1$ . En deuxième section, nous étudions la stabilité globale de l'équilibre endémique si  $\mathfrak{R}_0 > 1$ . Nous déduisons des résultats pour les modèles SIR.

## 2.1 Formulation du modèle

Nous considérons un population  $N$  divisée en classes des individus susceptibles infectieux et guéris (ou retirés), avec  $S(t), I(t)$  et  $R(t)$  leurs nombres au temps  $t$ , c'est-à-dire  $N(t) = S(t) + I(t) + R(t)$ . Nous supposons qu'il n'y pas de transmission verticale, donc tous les nouveaux nés sont susceptibles. Nous supposons aussi que la natalité  $\Lambda$  compense les mortalités. Donc  $\Lambda = \mu S + \mu I + \mu R$ . Le paramètre  $K$  est le taux de guérison. Notons que, dans notre modèle, la maladie confère une immunité permanente. Le paramètre  $\lambda$  est le (per capita) taux de contact effectif des infectieux. Nous modélisons le contact par la loi d'action de masse.

La dynamique de ce modèle est donne par le système[11] suivant :



$$\begin{cases} \dot{S} = -\frac{\lambda SI}{S+I} - \mu S + \Lambda \\ \dot{I} = \frac{\lambda SI}{S+I} - (K + \mu)I \\ \dot{R} = KI - (\mu + \delta)R \end{cases} \quad (2.1)$$

où

$N$  : la population totale

$S$  : les susceptibles

$I$  : les infectés

$R$  : les récupérés

$\Lambda$  : représente la natalité

$\lambda$  : représente le taux d'infection

$K$  : représente le taux de guérison

$\mu$  : représente le taux de natalité et de mortalité

$\delta$  : représente le taux de désinfection

La taille de la population est constante i.e :  $S + R + I = N$ .

**Théorème 6. :**

Soit  $\Omega = \{(S, I, R) \in \mathbb{R}_+^3 / S + I + R \leq N, S(0) > 0, I(0) > 0, R(0) > 0\}$ , alors les solutions  $\{S(t), I(t), R(t)\}$  du ce système sont positive pour  $t \geq 0$ .

**preuve :**

$$\dot{S} = -\frac{\lambda SI}{S+I} - \mu S + \Lambda > 0 \text{ donc } S(t) \text{ croissante } \forall t \text{ donc } S(t) \geq S(0) > 0, \forall t \geq 0$$

De même pour

$$\dot{I} = \frac{\lambda SI}{S+I} - (K + \mu)I > 0 \text{ donc } I(t) \text{ croissante } \forall t \text{ donc } I(t) \geq I(0) > 0, \forall t \geq 0$$

$$\dot{R} = KI - (\mu + \delta)R > 0 \text{ donc } R(t) \text{ croissante } \forall t \text{ donc } R(t) \geq R(0) > 0, \forall t \geq 0$$

**Remarque 2.1.1.** On suppose que le taux de natalité est égal au taux de mortalité.

## 2.2 Détermination des points d'équilibres :

La recherche de points d'équilibres est très importante, car dans tout les cas les trajectoires ensemble de compartiments  $\{S(t), I(t), R(t), t > 0\}$  du système vont tendre asymptotiquement vers l'un des points d'équilibres quand  $t \rightarrow +\infty$  et celui-ci sera dit asymptotiquement stable. Ces points sont obtenus en posant

$$\begin{aligned} & \begin{cases} \dot{S} = 0 \\ \dot{I} = 0 \\ \dot{R} = 0 \end{cases} \\ \Rightarrow & \begin{cases} -\frac{\lambda SI}{S+I} - \mu S + \Lambda = 0 \\ \frac{\lambda SI}{S+I} - (K + \mu)I = 0 \\ KI - (\mu + \delta)R = 0 \end{cases} \\ \Rightarrow & \begin{cases} -\frac{\lambda SI}{S+I} - \mu S = -\Lambda \\ (\frac{\lambda S}{S+I} - (K + \mu))I = 0 \\ R = \frac{KI}{\mu + \delta} \end{cases} \end{aligned}$$

D'après on trouve :  $I = 0$  ou  $I = (\frac{\lambda - (K + \mu)}{K + \mu})S$

1<sup>ere</sup> cas : Pour  $I = 0$

le point sans maladie est  $E_0 = (\frac{\Lambda}{\mu}, 0, 0)$

2<sup>eme</sup> cas : Pour  $I = (\frac{\lambda - (K + \mu)}{K + \mu})S$

le point endémique (avec maladie) est  $E_1 = (\frac{\Lambda}{\lambda + \mu - (K + \mu)}, (\frac{\lambda - (K + \mu)}{K + \mu})S, \frac{K}{\mu + \delta}(\frac{\lambda - (K + \mu)}{K + \mu})S)$

### 2.3 Calcul de $\mathfrak{R}_0$ :

Pour calculer la valeur de  $\mathfrak{R}_0$ , nous allons utiliser les techniques de Van den Driessche et Watmough[4].

Le nombre de reproduction de base  $\mathfrak{R}_0$  est donné par :

$\mathfrak{R}_0 = \rho(-FV^{-1})$  est le rayon spectral de la matrice de la prochaine génération.

$$F = \begin{pmatrix} 0 & 0 \\ \frac{\lambda}{N}I & \frac{\lambda}{N}S \end{pmatrix}$$

$$V = \begin{pmatrix} \frac{\lambda}{N}I + \mu & 0 \\ 0 & k + \mu \end{pmatrix}$$

$F$  est non négative,  $V$  est non singulière.

On écrit les matrices jacobiennes  $F$  et  $V$  en point  $E_0 = \left(\frac{\Lambda}{\mu}, 0, 0\right)$  sans maladie :

$$V_{E_0} = \begin{pmatrix} +\mu & 0 \\ 0 & k + \mu \end{pmatrix}$$

$$\det(V_{E_0}) = \mu(k + \mu) \geq 0$$

$$\begin{aligned} V_{E_0}^{-1} &= \frac{1}{\det V_{E_0}} (\text{com} V_{E_0})^t \\ &= \frac{1}{\mu(k + \mu)} \begin{pmatrix} k + \mu & 0 \\ 0 & \mu \end{pmatrix} \end{aligned}$$

Donc,

$$V_{E_0}^{-1} = \begin{pmatrix} \frac{1}{\mu} & 0 \\ 0 & \frac{1}{k+\mu} \end{pmatrix}$$

$$F_{E_0} = \begin{pmatrix} 0 & 0 \\ 0 & \frac{\lambda\Lambda}{N\mu} \end{pmatrix}$$

Afin d'obtenir la matrice de prochaine génération :

$$FV^{-1} = \begin{pmatrix} 0 & 0 \\ 0 & \frac{\lambda\Lambda}{N\mu} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \frac{1}{\mu} & 0 \\ 0 & \frac{1}{k+\mu} \end{pmatrix}$$

$$\Rightarrow \begin{pmatrix} 0 & 0 \\ 0 & \frac{\lambda\Lambda}{N\mu(k+\mu)} \end{pmatrix}$$

$$\det(FV^{-1} - \alpha I) = 0$$

$$\Rightarrow \begin{vmatrix} 0 - \alpha & 0 \\ 0 & \frac{\lambda\Lambda}{N\mu(k+\mu)} - \alpha \end{vmatrix} = 0$$

$$\Rightarrow \begin{cases} \alpha = 0 \\ \alpha = \frac{\lambda\Lambda}{N\mu(k+\mu)} \end{cases}$$

alors, on obtient

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

$$= \max \left\{ 0, \frac{\lambda\Lambda}{N\mu(k+\mu)} \right\}$$

$$= \frac{\lambda\Lambda}{N\mu(k+\mu)}$$

## 2.4 Stabilité globale du DFE :

Notons que les système dynamiques sont très répandus en modélisation biologique, et en particulier en épidémiologie. Dans beaucoup de modèle épidémiologique l'équilibre sans maladie est stable lorsque'une quantité seuil, en l'occurrence le taux de reproduction de base, est inférieure à 1. Lorsque cette même quantité dépasse 1 l'équilibre sans maladie perd sa stabilité au profit d'un équilibre endémique.

Pour le point sans maladie  $E_0 = \left(\frac{\lambda}{\mu}, 0, 0\right)$  de modèle SIR est :

- globalement asymptotique stable si  $\mathfrak{R}_0 = \frac{\lambda\Lambda}{N\mu(k+\mu)} < 1$
- instable si  $\mathfrak{R}_0 = \frac{\lambda\Lambda}{N\mu(k+\mu)} > 1$

**Théorème 7.** Si  $\mathfrak{R}_0 = \frac{\lambda\Lambda}{N\mu(k+\mu)} < 1$  alors le DFE est globalement asymptotiquement stable sur  $\Omega$ .

$$\Omega = \{(S, T, R) \in \mathbb{R}_+^3 / S + I + R \leq N, S(0) > 0, I(0) > 0, R(0) > 0\}$$

*Démonstration.* On considère la fonction de Lyapunov

$$\begin{aligned} V(S, I) &= I, \\ \dot{V} &= \dot{I} \\ &= \frac{\lambda}{N}IS - (k + \mu)I \end{aligned}$$

On remplace  $\lambda = \frac{\mathfrak{R}_0 N \mu (k + \mu)}{\Lambda}$ .

on trouve,

$$\begin{aligned}
 \dot{V} &= \frac{\mathfrak{R}_0\mu(k+\mu)}{\Lambda}IS - (k+\mu)I \\
 &= \left( \frac{\mathfrak{R}_0\mu(k+\mu)}{\Lambda}S - (k+\mu) \right) I \\
 &= (k+\mu) \left( \frac{\mathfrak{R}_0\mu}{\Lambda}S - 1 \right) I \\
 &= (k+\mu) \left( \frac{\mathfrak{R}_0\mu}{\Lambda}S - 1 \right) I \leq 0
 \end{aligned}$$

$$\dot{V} = 0 \text{ si } \begin{cases} I = 0 \\ S = \frac{\Lambda}{\mu} \text{ et } \mathfrak{R}_0 = 1 \end{cases}$$

Donc, le plus grand ensemble invariant contenu dans l'ensemble est

$$L = \left\{ (S, I) \in \Omega / \frac{dV}{dt} \right\} = 0$$

qui est réduit au DFE. Puisque nous sommes dans un compact positivement invariant, Par le principe d'invariance de Lasalle, le DFE est globalement asymptotiquement stable dans  $\Omega$ .

**Remarque 2.4.1.** *Contrairement aux théorèmes de Lyapunov, le principe d'invariance de Lasalle ne requiert pas que la fonction  $V(x(t))$  soit définie positive. Si le plus grand ensemble invariant  $M$ , contenu dans l'ensemble  $E$  des points où  $\dot{V}$  est nulle, est réduit au point d'équilibre, i.e si  $M = \{x_0\}$ , le principe d'invariance de Lasalle permet de conclure que l'équilibre est attractif. Mais l'inconvénient du principe de Lasalle, est qu'il prouve seulement l'attractivité du point d'équilibre. Il est bien connu que dans les cas non linéaires, l'attractivité n'implique pas la stabilité. Mais quand la fonction  $V(x(t))$  n'est pas définie positive, la stabilité de Lyapunov peut être prouvée. C'est pourquoi le principe de Lasalle est souvent maladroitement cité. Des conditions additionnelles permettent, avec le principe de Lasalle, de vérifier la stabilité asymptotique. Pour obtenir la stabilité du principe de Lasalle, un travail supplémentaire est nécessaire. Le résultat le plus complet, dans le but de l'utilisation du principe de Lasalle pour prouver la stabilité asymptotique, a été obtenu*

par Lasalle lui-même (Lasalle en 1968 complété dans 1976).

## 2.5 Stabilité globale de l'équilibre endémique :

On considère dans cette sous section le système suivant :

$$\begin{cases} \dot{S} = -\frac{\lambda SI}{S+I} - \mu S + \Lambda \\ \dot{I} = \frac{\lambda SI}{S+I} - (K + \mu)I \end{cases}$$

Un équilibre pour système différent de DFE  $E_1 = (\bar{S}, \bar{I})$  tel que :

où

$$\begin{aligned} \bar{S} &= \frac{\Lambda}{\lambda - k}, \\ \bar{I} &= \left(\frac{\lambda}{k + \mu} - 1\right)S \end{aligned}$$

On remplace  $\lambda = \frac{\mathfrak{R}_0 N \mu (k + \mu)}{\Lambda}$

Alors,

$$\begin{aligned} \bar{S} &= \frac{1}{\mathfrak{R}_0 N \mu (k + \mu) - \Lambda k} \\ \bar{I} &= \frac{\mathfrak{R}_0 N \mu - \Lambda}{\Lambda}. \end{aligned}$$

Donc,  $E_1 = (\bar{S}, \bar{I})$  ce point d'équilibre est dans le simplexe

c-à-d :  $\bar{S} \geq 0$ ,  $\bar{I} \geq 0$ , et  $\bar{S} + \bar{I} \leq N$

Si seulement si  $\mathfrak{R}_0 > 1$  clairement  $\bar{I} \geq 0 \iff \mathfrak{R}_0 \geq 1$ , tel que

$$\begin{aligned} \bar{I} &\geq 0 \\ \implies \frac{\mathfrak{R}_0 N \mu - \Lambda}{\Lambda} &\geq 0 \\ \implies \frac{\mathfrak{R}_0 N \mu}{\Lambda} - 1 &\geq 0 \\ \implies \frac{\mathfrak{R}_0 N \mu}{\Lambda} &\geq 1 \\ \implies \mathfrak{R}_0 &\geq \frac{\Lambda}{N \mu} = 1 \\ \implies \mathfrak{R}_0 &\geq 1. \end{aligned}$$

2.5. STABILITÉ GLOBALE DE L'ÉQUILIBRE ENDÉMIQUE :

---

Quand  $\mathfrak{R}_0 = 1$  cet équilibre coïncide avec le DFE, Alors il existe un unique équilibre dans l'intérieur du simplexe si seulement  $\mathfrak{R}_0 > 1$ . □

**Théorème 8.** Si  $\mathfrak{R}_0 = \frac{\lambda\Lambda}{(N\mu(k+\mu))} > 1$ , le DFE est instable et il existe un unique équilibre,

alors le point d'équilibre  $E_1 = (\bar{S}, \bar{I})$  est globalement asymptotiquement stable .

*Démonstration.* On pose la fonction candidat de Lyapunov

$$V(S, I) = (S - \bar{S} \ln S) + (I - \bar{I} \ln I)$$

qui vérifie les condition imposées :

$$\begin{aligned} V(S, I) &\geq 0 \\ \frac{dV}{dt} &= \left( \frac{S - \bar{S}}{S} \right) \frac{ds}{dt} + \left( \frac{I - \bar{I}}{I} \right) \frac{dI}{dt} \\ &= \left( \frac{S - \bar{S}}{S} \right) \left( \frac{-\lambda IS}{S+I} - \mu S + \Lambda \right) + \left( \frac{I - \bar{I}}{I} \right) \left( \frac{\lambda IS}{S+I} S - (k + \mu)I \right) \\ &= B - A \end{aligned}$$

□

Tel que  $B = \Lambda + \lambda I \bar{S} + \mu \bar{S} + (k + \mu) \bar{I}$ ,  
 $A = \mu \bar{S} + \Lambda \frac{\bar{S}}{S} + (k + \mu)I + \frac{\lambda S \bar{I}}{S + I}$ ,  
 On conclut que si  $B < A$  alors  $\frac{dV}{dt} \leq 0$  et  $\frac{dV}{dt} = 0$  si  $S = \bar{S}$ ,  $I = \bar{I}$ , donc le plus grand ensemble invariant contenu dans

$$L = \left\{ (S, I) \in \Omega / \frac{dV}{dt} \right\} = 0$$

est réduit à l'équilibre endémique ainsi d'après le principe d'invariant La salle  $E_1 = (\bar{S}, \bar{I})$  le point endémique est globalement asymptotiquement stable dans  $\Omega$  si  $B < A$ .

## Conclusion

Notre objectif dans ce travail est d'étudier les propriétés de stabilité globale des états d'équilibres maladie -libre et endémique sous la dynamique du système (2.1) qui sont entièrement déterminées par le taux de reproduction de base  $\mathfrak{R}_0$ .

La stabilité globale asymptotique de l'équilibre maladie-libre est facilement obtenue au moyen de fonction de Lyapunov et du Principe d'Invariance de Lasalle pour  $\mathfrak{R}_0 \leq 1$ .

On a obtenu des formules pour lesquelles l'équilibre endémique est unique et le même résultat de stabilité est obtenu pour cet état d'équilibre pour  $\mathfrak{R}_0 > 1$ .

# Bibliographie

- [1] **Kermack W.O, MCKENDRICK A.G** *A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics. Proc. Roy Soc. Lond. A, 115,(1927)*
- [2] **DERDEI BICHARA** *Étude de modèle épidémiologiques :Stabilité observation et estimation de paramètres,tel.archives-ouvertes.fr/tel-01749335v2,(2013)*
- [3] **YASSAMINA HAMADI** *Analyse et contrôle de quelques problèmes non linéaires singuliers en épidémiologie,e-biblio.univ-mosta.dz,(2019)*
- [4] **VAN DEN DRIESSCHE P,WATMOUGH J** *Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental modele of disease transmission,Math.Biosci,(2002)*
- [5] **DIEKMANN O** *A beginner's guide to adaptive dynamics,in Mathematical modelling of population dynamics.Vol.63,Banach Center Publ.,Polish Acad.Sci., Warsaw,(2004)*
- [6] **KOROBENIKOVA, WAKE G** *Lyapunov functions and global stability for SIR and SIRS and SIS epidemiological modeles, Appl. Math. Lett. 15,(2002)*
- [7] **H.W.HETHCOTE** *Qualitative analyse of communicable disease models.,Math.Biosci.,(1976)*
- [8] *Three basic epidemiological models,in Applied mathematical ecology(Trieste,1986),vol.18 of Biomathematics,Springer,Berlin,(1989)*
- [9] *The mathematics of infectious diseases, SIAM Rev.,42(2000)*
- [10] **J.P.LASALLE** *The stability of dynamical systems,Society for Industrail and Applied Mathematics, Philadelphia,Pa.,(1976)*
- [11] **VINCENZO CAPASSO** *Mathematical Structures of Epidemic Systems.Springer.com(2008)*