

MINISTÈRE DE L'ENSEIGNEMENT SUPÉRIEUR ET DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE
UNIVERSITÉ ABDELHAMID IBN BADIS - MOSTAGANEM
FACULTÉ DES SCIENCES EXACTES ET DE L'INFORMATIQUE
DÉPARTEMENT DE MATHÉMATIQUES ET INFORMATIQUE
FILÈRE : MATHÉMATIQUES



UNIVERSITE
Abdelhamid Ibn Badis
MOSTAGANEM

MÉMOIRE DE FIN D'ÉTUDES

Pour l'Obtention du Diplôme de Master en Mathématiques délivré par

Université de Mostaganem

Spécialité "Modélisation, Contrôle et Optimisation"

présenté par :

Badra KHAROUB

Etude de la dynamique de la transmission du Zika

soutenu publiquement le 25 Juin 2023 devant le jury composé de :

Président :	Omar BELHAMITI	Professeur	UMAB
Examinatrice :	Houria ALIMERINA	MCB	UMAB
Encadrante :	Maghnia HAMOU-MAAMAR	MCA	UMAB

Année Universitaire : 2022 / 2023

M
A
S
T
E
R

Dédicaces

Je dédie ce travail

À ma chère mère,

Aucune dédicace ne saurait exprimer mon respect, mon amour éternel et ma considération pour les sacrifices que vous avez consentis pour mon instruction et mon bien-être.

Je vous remercie pour tout le soutien et l'amour que vous me portez depuis mon enfance et j'espère que votre bénédiction m'accompagnera toujours.

Que ce modeste travail soit exactement conforme à vos vœux formulés, le fruit de vos innombrables sacrifices.

Puisse Dieu, le Très-Haut, vous accorder santé, bonheur et longue vie.

À mon père,

à la source de mon soutien et à la source de mon bonheur.

À mes chères belles-sœurs,

à ma précieuse Imene.

à mon âme et ma vie, Namira.

à ma petite chérie Ikhles.

À mon cher frère,

à mon héros Ahmed Amine,

À ma chère amie Nesrine,

à ma compagne pendant 5 ans, j'ai la chance de te connaître.

Remerciements

En préambule à ce mémoire, nous tenons tout d'abord à remercier **ALLAH** le tout puissant et miséricordieux, qui nous aide et qui nous a donné la force, le courage et la patience d'accomplir ce Modeste travail.

Je tiens tout d'abord à remercier **Madame Hamou-Maamar Maghnia**, docteur à l'université Abdelhamid Ibn Badis Mostaganem, pour son précieux soutien, sa patience, sa gentillesse et sa présence constante, en particulier pour ses conseils avisés et son soutien moral. Ses conseils ont été extrêmement précieux pour mener à bien ce modeste travail.

Je tiens également à remercier les professeurs de l'université Abdelhamid Ibn Badis Mostaganem pour leurs efforts déployés afin de réaliser ce succès.

J'exprime ma profonde gratitude à **Monsieur Belhamiti Omar** d'avoir accepté d'honorer le comité d'examineurs en tant que président, ainsi qu'à **Madame Ali merina Houria** pour l'honneur qu'elle m'a accordé en examinant ce modeste travail et pour son encouragement.

Je remercie tous ceux qui m'ont soutenu par leurs mots bienveillants.

Enfin, je tiens à remercier mes sœurs, mon petit frère et mon amie qui ont toujours été présents à mes côtés. Et afin de ne pas oublier personne, je tiens à exprimer ma sincère gratitude à tous ceux qui ont contribué à la réalisation de ce travail.

Table des matières

Liste des tableaux	v
Table des figures	1
Introduction	2
1 Maladie à virus Zika	4
1 Introduction	4
2 Épidémiologie du Zika	4
3 Répartition géographique du vecteur	5
4 Symptômes	7
5 Modes de transmission	7
6 Impact de la température sur la transmission du Zika	9
7 Moyens de lutte	11
8 Conclusion	12
2 Quelques modèles mathématiques de la dynamique de Zika	13
1 Modèles mathématiques pour la transmission du Zika	13
2 Modèle de S.E.B. Boret, et al. en 2017	13
3 Modèle de S.K. Biswas, et al. en 2020	16
4 Modèle de C.N. Ngonghala, et al. en 2021	17
5 Modèle de A. Ali, et al. en 2021	19
6 Modèle de R. Prasad, K. Kumar, et R. Dohare, en 2022	20
7 Conclusion	21
3 Étude Mathématique	22
1 Introduction	22
2 Formulation du modèle	22
3 Analyse mathématique	24
4 Simulation Numérique	35
1 Introduction	35
2 Stabilité numérique	35
3 Effet de la température sur l'évolution de la maladie Zika	41
4 Analyse de sensibilité	43
Conclusion	46
Annexe	47
5 Annexe A	47
6 Annexe B	47

Bibliographie

49

Liste des tableaux

1.1	Différentes espèces vectorielles pour le virus Zika [2].	6
4.1	Les paramètres fixes [6].	35
4.2	Les paramètres qui assurent la stabilité de E_{sm}	36
4.3	Les paramètres qui assurent la stabilité de E_{am}	39
4.4	Analyse de sensibilité de R_0	44

Table des figures

1.1	Zones de propagation du virus Zika dans le monde[5].	5
1.2	Symptômes du Zika.	7
1.3	Modes de transmission du Zika.	9
1.4	Proportion de moustiques infectés, disséminés et contagieuses [21].	10
2.1	Schéma du modèle SIR [3].	14
2.2	Structure du modèle SEIR-SEI [3].	15
2.3	Diagramme de la dynamique de Zika [4].	17
2.4	Diagramme de transmission du virus Zika entre les humains et les vecteurs [11].	18
2.5	Diagramme schématique représentant le modèle de de A. Ali, et al. en 2021 [1].	19
3.1	Diagramme du modèle mathématique de la dynamique du virus Zika dans les populations humaines et de moustiques.	23
4.1	Évolution des sous-populations humaines.	37
4.2	Évolution des sous-populations de moustiques.	38
4.3	Évolution des sous-populations humaines.	40
4.4	Évolution des sous-populations de moustiques.	41
4.5	L'évolution de la population des humains infectés.	42
4.6	L'évolution de la population de moustiques infectés.	43
4.7	Les indices de sensibilité normalisés à l'aide d'un histogramme.	45

Introduction

Le virus Zika a été découvert pour la première fois en 1947 chez un singe rhésus, dans la forêt de Zika en Ouganda. Ce virus se transmet principalement par la piqûre d'un moustique de type *Aedes* dans les climats chauds et humides. D'autres modes de transmission existent, tels que la transmission verticale, par le sang et par voie sexuelle [14]. Les symptômes du virus peuvent commencer par un léger mal de tête, suivi d'éruptions cutanées, de fièvre, de fatigue, de douleurs articulaires et de conjonctivite. On peut, également, observer la diarrhée, la constipation, les douleurs abdominales, la perte d'appétit et les étourdissements [7]. Plus de 50% des personnes infectées ne manifestent aucun symptôme, ce qui constitue un facteur de danger et favorise la propagation rapide de la maladie [9].

Le virus peut entraîner différentes complications comme le syndrome de Guillain-Barré, qui provoque une faiblesse musculaire et le syndrome de Zika congénital qui cause des problèmes dans le développement du cerveau tel que la microcéphalie et des retards de croissance chez le fœtus des mamans porteuses du virus [18]. En février 2016, l'OMS a déclaré l'épidémie du Zika comme une urgence de santé publique [5]. Le virus Zika s'est rapidement répandu dans de nombreux pays à travers le monde, avec une prévalence particulièrement élevée en Amérique du Sud, en Asie et dans certains pays d'Afrique. En décembre 2015, le virus a été détecté dans 18 états brésiliens, touchant un nombre estimé de 440 000 à 1 300 000 personnes [20].

L'évolution des maladies vectorielles dépend de l'interaction entre l'agent pathogène, le moustique et l'environnement. Des études récentes ont montré que la température a un impact significatif sur la transmission du virus par les moustiques. Cependant, des variations extrêmes de température peuvent avoir des effets négatifs sur la transmission du virus [11].

La modélisation mathématique joue un rôle très important dans la compréhension et la prédiction des maladies infectieuses et peut aider au développement des stratégies de traitement et de contrôle afin de limiter la propagation de ces maladies. Le terme modéliser consiste à exprimer une situation concrète en utilisant un langage mathématique, cela permet de simplifier la situation complexe et de l'analyser de manière plus précise. Plusieurs modèles mathématiques ont été développés pour comprendre et contrôler l'épidémie de Zika [3], [4], [11], [1], [12].

L'objectif de ce travail est de développer un modèle mathématique afin de mieux comprendre l'impact de la température sur la dynamique du Zika. Le manuscrit est réparti en quatre chapitres : Dans le premier, on va rappeler l'épidémiologie du Zika, les symptômes associés à la maladie, les modes de transmission qui ont une grande importance dans la modélisation, ainsi que les différentes stratégies de lutte contre le virus. Dans le deuxième, on va présenter quelques modèles mathématiques qui décrivent l'évolution du Zika. Dans le troisième chapitre, on va proposer une modélisation mathématique de la dynamique de cette épidémie en prenant en compte l'impact significatif de la température et en nous basant sur les recherches effectuées par les chercheurs. Puis, on va réaliser une analyse

mathématique du modèle proposé. Dans le quatrième chapitre, on va effectuer des simulations numériques pour approfondir notre compréhension de l'impact des variations de température sur la propagation du virus. Le mémoire va se terminer par une conclusion générale qui résume les axes principaux de cette étude et propose des perspectives pour des recherches à venir.

Chapitre 1

Maladie à virus Zika

1 Introduction

Le virus Zika est considéré comme un flavivirus d'origine africaine et qui a été officiellement reconnu dans les années 1960. L'OMS a identifié le virus comme une menace de santé publique et il est classé comme l'un des virus à propagation rapide. Il peut entraîner des complications graves chez les individus infectés, particulièrement chez les nouveau-nés qui peuvent souffrir des malformations congénitales. Malgré les grands efforts de recherche effectués par les spécialistes, aucun vaccin efficace ou traitement spécifique n'a encore été trouvé. Dans ce chapitre, on donne des généralités sur la maladie Zika, y compris l'épidémiologie, les modes de transmissions et les moyens de lutte.

2 Épidémiologie du Zika

Le virus Zika est un arbovirus appartenant au genre *Flavivirus* de la famille des *Flaviviridae*. Il a été découvert en 1947 chez un singe appartenant à la famille des macaques rhésus, dans une forêt en Ouganda. Il a été détecté pour la première fois chez l'homme en 1952 en Ouganda et en Tanzanie [13]. À l'origine, le virus était principalement présent en Asie et en Afrique, où il n'a pas provoqué d'épidémie majeure. Cependant, entre les années 1950 et 1980, l'Asie a été touchée par le virus dans différents pays, tels que l'Inde, l'Indonésie, la Malaisie, le Pakistan, les Philippines, la Thaïlande et le Vietnam [20].

Durant six décennies, le virus est resté confiné en Afrique et en Asie, entraînant une épidémie dispersée [20]. En 2007, la Micronésie a connu une forte propagation du virus Zika, avec plus de 70% de la population infectée en estimant 5000 cas signalés sur une population totale d'environ 6700 habitants [7], certaines études pensent que la souche asiatique du virus Zika est le facteur responsable de l'épidémie [20].

Entre 2013 et 2015, plusieurs régions importantes ont été signalées dans des îles et des archipels de la région du Pacifique, notamment en Polynésie française. L'apparition de cette maladie en Polynésie française a conduit à l'enregistrement de plus de 29000 malades, dont 72 cas présentant des symptômes graves [7]. Dans les mêmes années, le virus est parvenu aux Amériques. Au début décembre 2015, 18 états brésiliens ont signalé l'apparition du virus Zika entraînant 440000 à 1300000 cas présumés [20].

En 2018, au cours de la période de septembre à novembre, la plus grande épidémie du Zika a été annoncée dans les régions Rajasthan et Madhya Pradesh, en Inde [20]. Récemment, 150 cas de virus Zika ont été recensés en Inde, la plupart des patients étant asymptomatiques ou ayant une fièvre légère [5].

La carte géographique (2.1) suivante représente la répartition du Zika dans le monde en 2021.

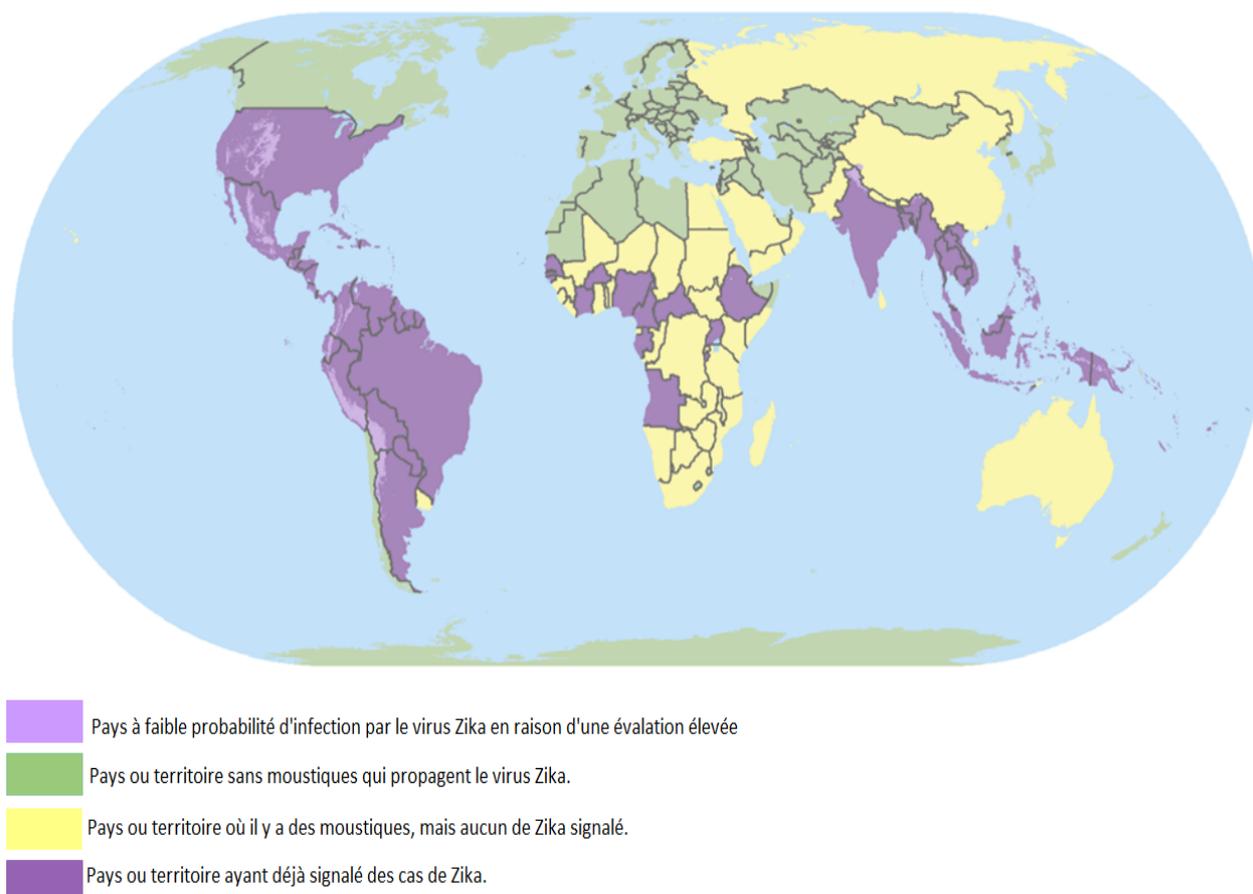


FIGURE 1.1 – Zones de propagation du virus Zika dans le monde[5].

3 Répartition géographique du vecteur

La propagation rapide du Zika dans le monde est due aux différentes espèces de moustiques qui sont répertoriées dans le tableau ci-dessous (1.1), ainsi que leurs caractéristiques en termes de capacité à s'infecter et à transmettre le virus à l'homme [2]. Dans les régions de l'Asie et de l'Afrique, les espèces les plus connues sont : *Ae. aegypti*, *Ae. albopictus*, *Ae. vexans*, *Ae. notoscriptus*, *Ae. camptorhynchus*, *Ae. vittatus*, *Ae. luteocephalus*, et *Culex quinquefasciatus* [5]. Un autre genre de vecteur appelé *Ae. hensilli* a entraîné la transmission du Zika sur l'île de Tahiti. Cependant, le moustique de type *Aedes aegypti* est le principal vecteur responsable de la présence du virus en Polynésie française [2].

3. RÉPARTITION GÉOGRAPHIQUE DU VECTEUR

Continent	Espèces	Pays	Localité	Infection	Transmission	
Afrique	Aedes aegypti	Sénégal	Dakar	+	-	
			Kédougou	+	-	
			Kébémér	+	-	
	Aedes vittatus	Nigeria	Ikeja près de Lagos	+	+	
		Sénégal	Kédougou	+	-	
		Sénégal	Kédougou	+	-	
Aedes unilineatus	Sénégal	Kédougou	+	-		
Asie	Ae. aegypti	Singapour	Singapour	+	+	
	Ae. albopictus	Singapour	Singapour	+	+	
	Cx. quinquefasciatus	Chine	Hainan	+	+	
		Singapour	Singapour	+	-	
Îles du Pacifique	Ae. hensilli	Etat Yap	Japper	+	+	
	Ae. aegypti	Polynésie Française	Tahiti	+	-	
			Australie	Villeville	+	+
	Ae. polynesiensis	Australie	Tahiti	+	-	
	Aé. notoscriptus	Australie	Brisbane	+	-	
	Aé. vigilax	Australie	Brisbane	+	-	
	Aé. procax	Australie	Brisbane	+	-	
	Ae. camptorhynchus	Australie	Gippsland	+	+	
	Ae. albopictus	Australie	Îles du détroit de Torres	+	+	
				Tahiti	+	-
	Cx quinquefasciatus	Polynésie française	Australie	Brisbane	+	-
			Australie	Victoria	-	-
	Cx. annulirostris	Australie	Brisbane	-	-	
			Victoria	-	-	
			Brisbane	-	-	
Cx. sitiens	Australie	Brisbane	-	-		
Amérique	Ae. aegypti	Mexique	Poza Rica	+	+	
			Reynosa	+	+	
			Liverpool	+	+	
		Brésil	Rio	-	-	
			Ferdinand de Noronha	+	+	
			Récife	+	+	
		Ae. albopictus	Etats-Unis	Comté de Suffolk	+	+
				Texas	+	+
				Houston	+	+
	Ae. triseriatus	Etats-Unis	Brésil	Salvador	+	-
			Missouri	+	+	
			Lowa	+	-	
	Ae. taeniorhynchus	Etats-Unis	Côte du golfe	-	-	
			Colorado	+	+	
	Ae. vexans	Etats-Unis	Pennsylvanie	+	-	
				Lowa	-	-
	Cx. pipiens	Etats-Unis	Etats-Unis	Chicago	+	-
				Floride	+	-
				Etats-Unis	-	-
				Houston	-	-
				Etats-Unis	-	-
Floride				+	-	
Brésil				Récife	-	-
Campine				-	-	
Triagem(Rio)				-	-	
Cx. tarsalis				Etats-Unis	California	-
An. gambiae	Etats-Unis	California	-	-		
An. stephensi	Etats-Unis	California	-	-		
Europe	Ae. aegypti	Mexique	Reynosa	+	+	
			Madère	+	+	
			Paulo do Mar	+	-	
	Ae. albopictus	Italie	Calabre	+	+	
			France	Nice	+	-
			Bar-sur-Loup	+	+	

TABLEAU 1.1 – Différentes espèces vectorielles pour le virus Zika [2].

4 Symptômes

La maladie Zika a une période d'incubation qui s'étend généralement de 3 à 14 jours. Elle se caractérise par un léger mal de tête, suivi d'éruptions cutanées, de fièvre, de fatigue, de douleurs articulaires et de conjonctivite. D'autres symptômes peuvent être également observés tels que la diarrhée, la constipation, les douleurs abdominales, la perte d'appétit et les étourdissements (voir figure (1.2)) [7]. Cependant, 50 % à 80 % des personnes infectées ne manifestent aucun symptôme, ce qui favorise une propagation rapide de la maladie. L'absence de symptôme chez une grande proportion de la population infectée rend le contrôle de l'épidémie délicat [5]. Le Brésil a été confronté à une propagation du virus à grande échelle, en particulier dans la région du nord-est du pays. Cette propagation a été accompagnée d'une augmentation des cas de microcéphalie néonatale [19].

Des études récentes ont été menées par des biologistes afin de comprendre le lien existant entre l'infection par Zika et la microcéphalie. Bien que cette relation ne soit pas encore complètement comprise, les chercheurs ont découvert que le virus peut affecter le cerveau [19].

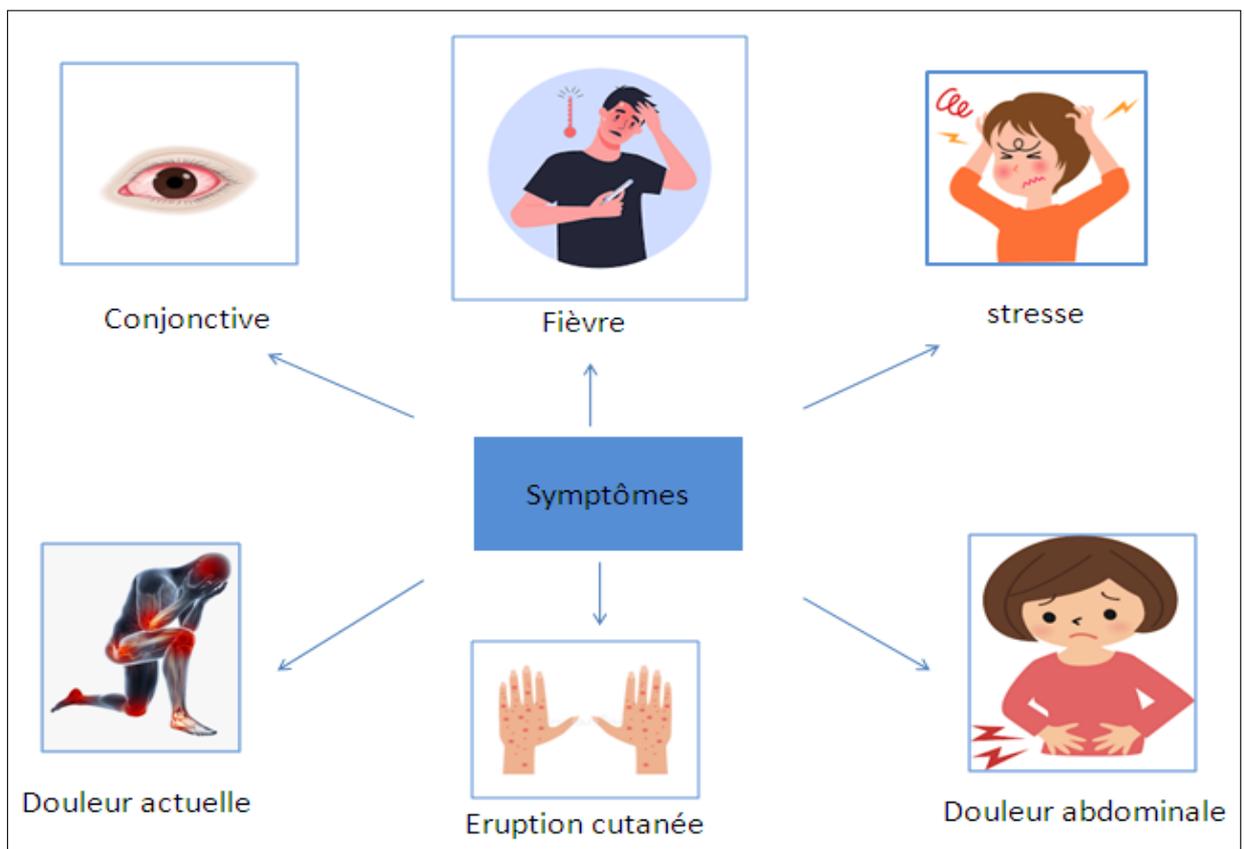


FIGURE 1.2 – Symptômes du Zika.

5 Modes de transmission

En Afrique, le virus a suivi un cycle de transmission sylvatique impliquant différents types de moustiques *Aedes* et de primates non humains, tels que les singes rhésus. En revanche, en Asie, le cycle de transmission du virus n'a pas été clairement défini et a suivi deux voies distinctes : la transmission vectorielle et horizontale [16].

En effet, la propagation de Zika a été caractérisée par plusieurs modes de transmission, qui sont les suivants :

5.1 Transmission sexuelle

La transmission sexuelle du virus Zika a été détectée pour la première fois en 2008 [17], un grand nombre de cas d'infection ont été détectés chez les hommes et les femmes, soulevant des interrogations quant à l'émergence d'un nouveau mode de transmission du virus par le biais de sperme humain [18]. Selon des études réalisées par les chercheurs dans [13], il est possible qu'un homme infecté, même en l'absence de symptômes, puisse transmettre le virus par voie sexuelle.

5.2 Transfusion sanguine

Lors de l'émergence de la maladie en Polynésie française, des études ont révélé que Zika était présent chez environ 3% des donneurs de sang. Cette constatation soulève la possibilité que la transmission du virus par transfusion sanguine puisse constituer une nouvelle voie de propagation [18]. Au Brésil, deux cas infectés ont été identifiés après une transfusion sanguine [13]

Dans de nombreux pays tels que l'Europe, les États-Unis et le Canada, des tests d'ADN ont été réalisés afin de détecter la présence d'ARN du virus Zika dans le sang des donneurs. Des mesures ont été prises pour éviter les dons de sang provenant de régions où le virus était fortement répandu, dans le but de prévenir la transmission [18].

5.3 Transmission verticale

La présence du virus Zika a été identifiée chez les nouveaux-nés atteints d'infections microcéphaliques contractées pendant la période de grossesse, cette maladie a été signalée par certaines régions telles que le Brésil. Des études ont confirmé que le virus peut traverser le placenta, ce qui entraîne une infection du tissu nerveux du fœtus. Cette transmission suscite des inquiétudes dans le monde entier [18].

La figure (1.3) résume les différents modes de transmission.

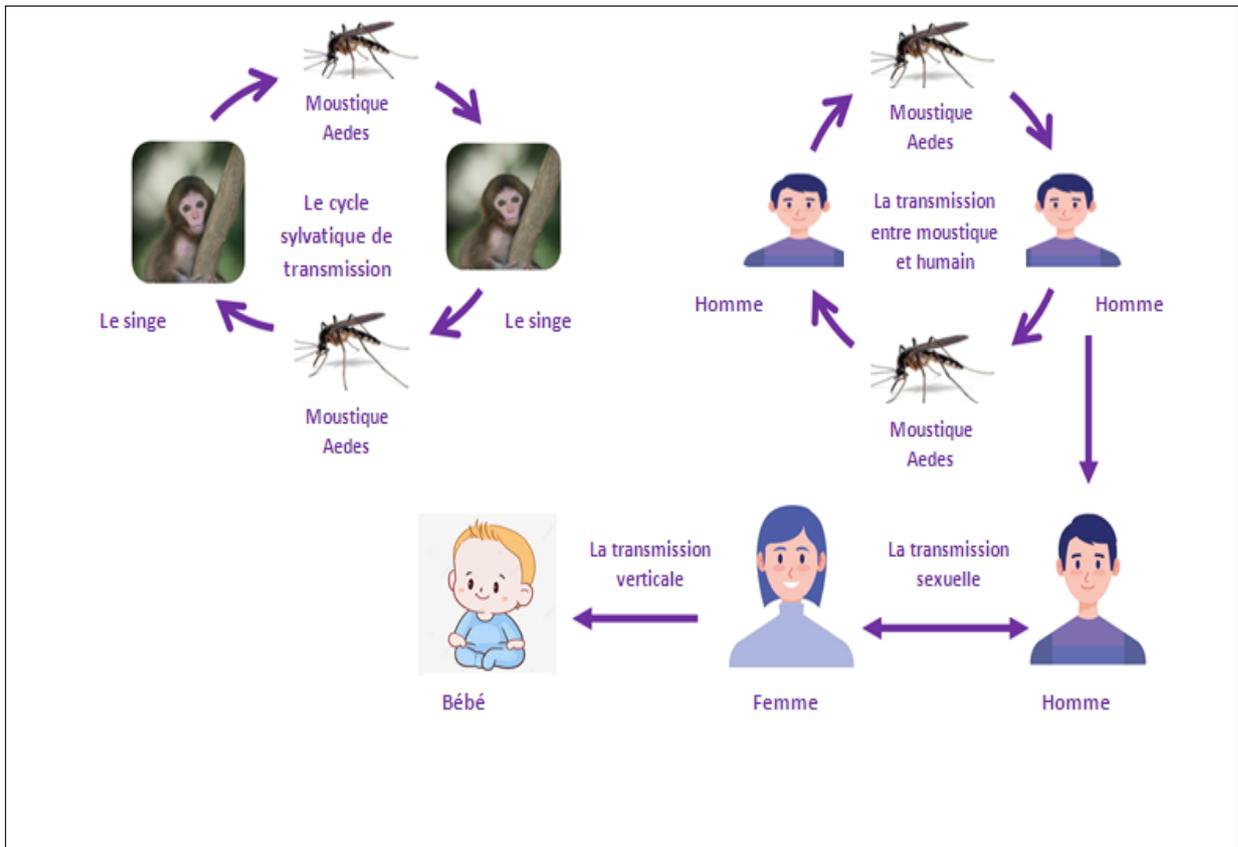


FIGURE 1.3 – Modes de transmission du Zika.

6 Impact de la température sur la transmission du Zika

De nombreuses études ont démontré de manière concluante que les variations de température jouent un rôle clé dans la transmission des maladies vectorielle à travers différents systèmes de pathogènes. Les moustiques, étant de petits insectes incapables de réguler leur température corporelle, réagissent de manière spécifique aux changements de la chaleur, ce qui influe directement la survie pendant la période d'incubation, à devenir contagieux et à piquer de nouveaux hôtes [11, 21].

Les études confirment de manière claire que la température est un facteur déterminant dans la probabilité d'infection des moustiques. Il a été observé que la probabilité qu'un moustique devienne infectieux est minimale à des températures situées entre 16°C et 24°C. Tandis que cette probabilité est plus importante si la température augmente, atteignant son pic à des températures comprises entre 28°C et 34°C (voir figure 1.4) [21]. Cette relation étroite entre la température et la probabilité d'infection des moustiques a des conséquences directes sur le nombre de humaines infectés. Cependant, il convient de noter qu'à des températures encore plus élevées, comprises entre 36°C et 38°C, la probabilité d'infection des moustiques diminue à nouveau. Cette baisse s'explique par une mortalité accrue des moustiques due aux conditions de chaleur extrême [21].

6. IMPACT DE LA TEMPÉRATURE SUR LA TRANSMISSION DU ZIKA

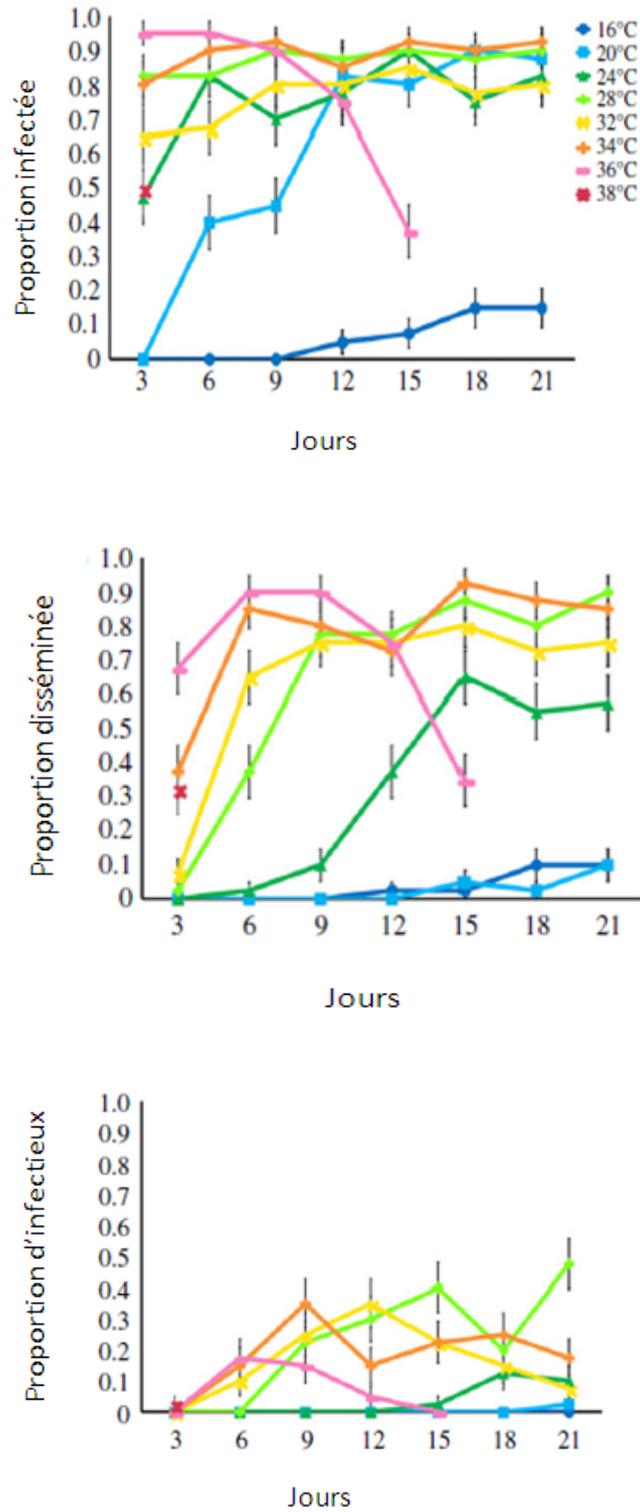


FIGURE 1.4 – Proportion de moustiques infectés, disséminés et contagieux [21].

7 Moyens de lutte

7.1 Traitement

À l'heure actuelle, malheureusement, aucun médicament n'est disponible pour prévenir ou traiter efficacement l'infection causée par Zika [13]. Cependant, les personnes infectées doivent boire suffisamment d'eau, se reposer et traiter la douleur et la fièvre. Bien qu'il n'y a pas de remède ou de vaccin spécifique contre ce virus, il existe des médicaments tels que l'acétaminophène ou le paracétamol qui peuvent soulager la douleur et la fièvre [19].

7.2 Vaccination

L'infection par le virus Zika peut stimuler l'immunité. La réponse immunitaire peut être la première ligne de défense contre ce virus. Les niveaux de réponse immunitaire peuvent varier d'une personne à l'autre en raison de l'impact de plusieurs facteurs tels que : des problèmes de santé, de l'âge et du sexe [5].

En 2016, dans les Amériques, le nombre de cas infectés par le virus a augmenté, entraînant des maladies neurologiques et congénitales, ce qui a amené les experts et les chercheurs à déployer les plus grands efforts pour mettre au point un certain nombre de vaccins efficaces contre le virus Zika dans le cadre d'essais cliniques [14].

7.3 Prévention

La prévention de la transmission sexuelle du virus Zika nécessite l'utilisation de contraceptifs fiables ou l'abstinence sexuelle pendant l'infection [9]. Il est préférable d'éviter la grossesse jusqu'à ce que le virus soit éliminé. Cependant, les femmes enceintes devraient prendre toutes les précautions pour éviter de contracter le virus parce que la microcéphalie est liée à l'infection [19]. Selon les recommandations de l'OMS, les personnes qui ont voyagé dans des zones touchées par le virus Zika devraient utiliser des insectifuges pendant plus de deux semaines afin de se protéger contre les piqûres de moustiques et d'empêcher la propagation du virus à d'autres moustiques non infectés. Il est conseillé aux personnes revenant de régions infectées par le virus Zika d'éviter de donner leur sang pendant environ deux semaines [9].

7.4 Diagnostic

Un diagnostic rapide et précis de l'infection au virus Zika est nécessaire afin de choisir un traitement pour réduire la propagation de l'infection au virus [9]. Cependant, le diagnostic de ce virus peut être difficile en raison de l'absence de symptômes chez plus de 80 % des personnes infectées, ainsi que de la similitude des symptômes du virus Zika avec ceux d'autres virus [5].

À ce jour, cinq tests sérologiques et quatorze tests diagnostiques partiels ont été approuvés pour l'analyse d'échantillons de sérum, de salive et d'urine prélevés chez des patients [5]. Si les symptômes apparaissent chez les gens dans une période de sept jours, le virus Zika peut être diagnostiqué en soumettant le sang ou le sérum à un test connu sous le nom de test d'ADN [5].

8 Conclusion

En raison du nombre élevé de cas d'infections au virus Zika et des complications graves qu'il entraîne, en particulier chez les nouveaux-nés ; il est crucial de prendre des mesures et de développer des stratégies sanitaires afin d'éviter sa propagation à l'avenir. La détection précoce du Zika peut grandement aider à atténuer les effets néfastes de la maladie. C'est pourquoi, il est primordial que les chercheurs, les scientifiques et les responsables de la santé intensifient leurs recherches pour développer un vaccin spécifique et efficace contre ce virus. Parallèlement, il est également important de sensibiliser les gens et de mettre en place des mesures de prévention, telles que l'élimination des lieux propices à la reproduction des moustiques porteurs du virus, ainsi que l'utilisation de moyens de protection individuels. Toutes ces actions sont essentielles pour protéger la santé publique et réduire les conséquences graves du virus Zika.

Chapitre 2

Quelques modèles mathématiques de la dynamique de Zika

La modélisation mathématique des maladies infectieuses est un outil précieux qui nous permet de comprendre comment les maladies se propagent, de prédire les épidémies futures et d'orienter les mesures de santé publique. En utilisant des modèles mathématiques, nous pouvons simuler la propagation de la maladie au sein d'une population, ce qui aide les chercheurs à prévoir le nombre de cas de malades à venir.

L'objectif de ce chapitre est d'introduire quelques modèles mathématiques utilisés pour l'étude de l'évolution du Zika en impliquant plusieurs facteurs.

1 Modèles mathématiques pour la transmission du Zika

Pour simplifier la compréhension des modèles, les données clés communes seront définies de la manière suivante :

La population totale $N_h(t)$ est divisée en quatre compartiments :

- $S_h(t)$: Le nombre des humains susceptibles à l'instant t .
- $E_h(t)$: Le nombre des humains exposés à l'instant t .
- $I_h(t)$: Le nombre des humains infectés à l'instant t .
- $R_h(t)$: Le nombre des humains récupérés à l'instant t .

La population totale des moustiques $N_v(t)$ est divisée en trois compartiments :

- $S_v(t)$: Le nombre des moustiques susceptibles à l'instant t .
- $E_v(t)$: Le nombre des moustiques exposés à l'instant t .
- $I_v(t)$: Le nombre des moustiques infectés à l'instant t .

2 Modèle de S.E.B. Boret, et al. en 2017

Le travail réalisé par S.E.B. Boret, et al. en 2017 a pour objectif de décrire la dynamique du Zika. En utilisant différents modèles épidémiologiques, tels que les modèles SIR et SEIR-SEI, afin de mieux comprendre comment l'épidémie se propage, en tenant compte des interactions entre les individus [3].

Les hypothèses suivantes sont satisfaites pour tous les modèles considérés dans ce travail :

1. La population est homogène.
2. Étant une maladie nouvelle, il n'existe pas encore de vaccin.

3. Il est considéré qu'une personne guérie de la maladie possède une immunité permanente, du moins pendant la période de la maladie.
4. Dans ces modèles, la taille de la population reste constante.

Dans la première partie de ce travail, les auteurs utilisent un modèle mathématique de type SIR pour répondre à deux questions principales : déterminer quelle proportion de la population totale sera affectée par l'infection et pendant combien de temps. De plus, ils expliquent comment cette maladie confère une immunité totale contre les réinfections [3]. La figure (2.1) illustre le schéma du modèle.

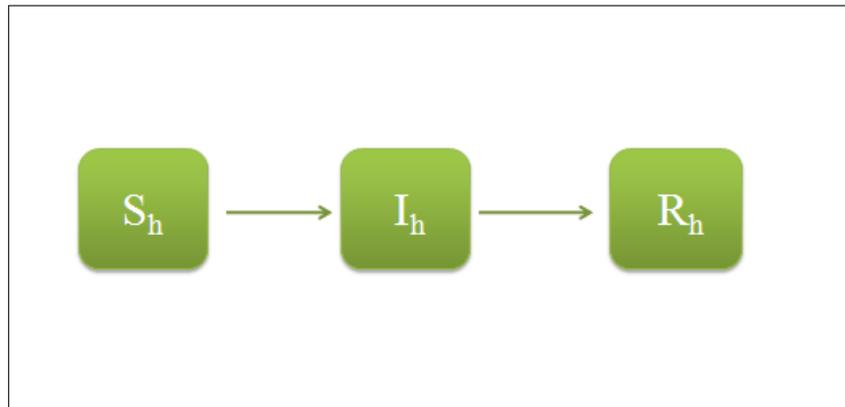


FIGURE 2.1 – Schéma du modèle SIR [3].

Le système d'équations différentielles non linéaires suivant est utilisé pour décrire le modèle :

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS_h}{dt}(t) = \mu N - \beta \frac{S_h(t)I_h(t)}{N} - \mu S_h(t), \\ \frac{dI_h}{dt}(t) = \beta \frac{S_h(t)I_h(t)}{N} - \gamma I_h(t) - \mu I_h(t), \\ \frac{dR_h}{dt}(t) = \gamma I_h(t) - \mu R_h(t), \\ \frac{dC_i}{dt}(t) = p\beta_h S_h I_h, \end{array} \right.$$

avec,

- C_i : Les personnes infectées accumulées dans une période spécifique $[t_0, t]$.
- p : Proportion des personnes infectées qui sont signalées.
- β : Taux de personnes susceptibles qui deviennent infectées.
- γ : Taux de récupération des humains infectés.
- μ : Taux de mortalité des humains.

Dans la deuxième partie du travail, un modèle de type SEIR-SEI a été utilisé pour décrire la dynamique du virus Zika. Ce modèle a permis d'analyser et de comprendre les interactions complexes entre la population humaine et la population de moustiques [3].

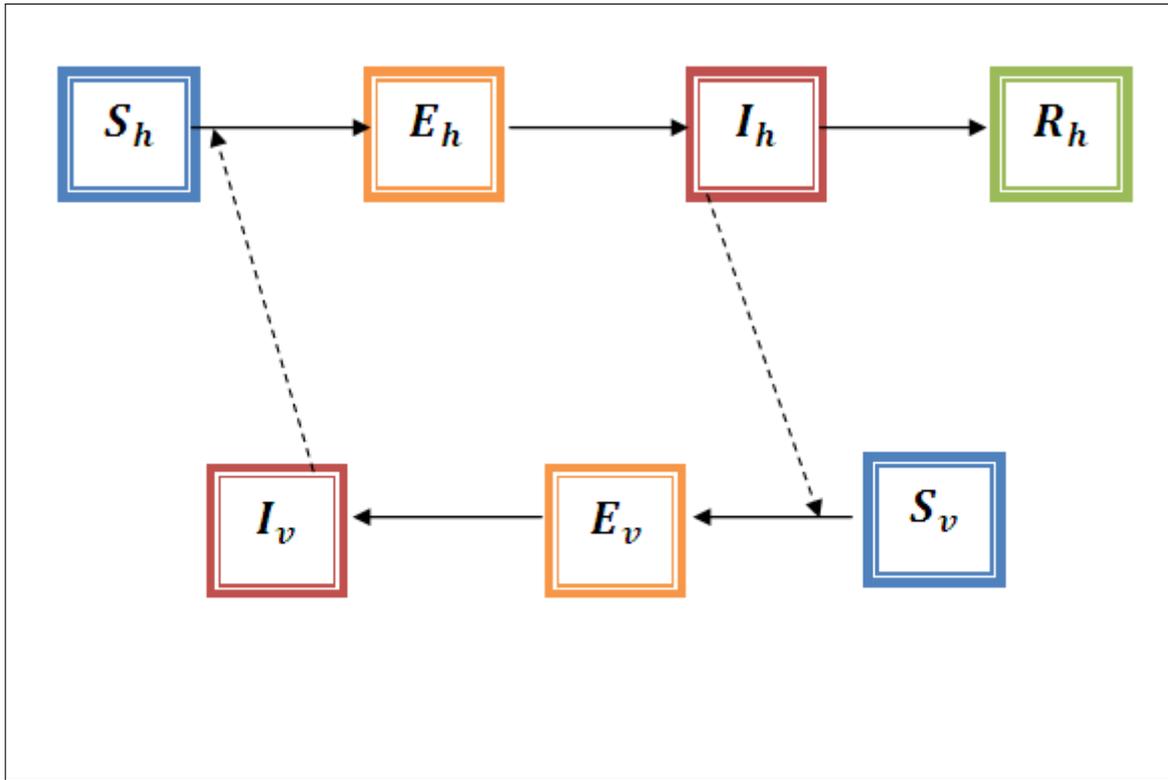


FIGURE 2.2 – Structure du modèle SEIR-SEI [3].

Le modèle est schématisé par le diagramme (2.2) et il est donné par :

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS_h}{dt} = \mu_h N_h - \frac{\beta_h S_h I_v}{N_v} - \mu_h S_h, \\ \frac{dE_h}{dt} = \frac{\beta_h S_h I_v}{N_v} - \gamma_h I_h - k_h E_h - \mu_h E_h, \\ \frac{dI_h}{dt} = k_h E_h - \gamma_h I_h - \mu_h I_h, \\ R_h = N_h - S_h - I_h - E_h, \\ \frac{dE_v}{dt} = \frac{\beta_v S_v I_h}{N_h} - k_v E_v - \mu_v E_v, \\ \frac{dI_v}{dt} = k_v E_v - \mu_v I_v, \\ S_v = N_v - E_v - I_v, \\ \frac{dC_i}{dt} = \frac{p\beta_h S_h I_v}{N_v}. \end{array} \right.$$

Avec,

- β_h : Le taux de transmission d'un moustique infecté à un humain susceptible.
- β_v : Le taux de transmission d'un humain infecté à un moustique susceptible.
- γ_h : Le taux de guérison des humains infectés.
- μ_h : Le taux de mortalité des humains.
- μ_v : Le taux de mortalité des moustiques.
- k_h : Le taux d'humains exposés qui deviennent infectieux.
- k_v : Le taux des moustiques exposés qui deviennent infectieux.

Les simulations numériques effectuées par les chercheurs ont montré l'effet important de la température sur la transmission du Zika. Les résultats obtenus confirment de manière significative que l'épidémie de Zika se propage généralement dans des plages de température allant de 23

à 37°C. En effet, la relation entre la température et la propagation du virus met en évidence l'importance de prendre en compte les conditions climatiques dans les mesures de contrôle de cette maladie [3].

3 Modèle de S.K. Biswas, et al. en 2020

Un autre modèle mathématique de type SEIR-SEI a été élaboré par l'équipe de S. K. Biswas en 2020 pour décrire la dynamique de Zika. Le modèle prend en considération à la fois la transmission vectorielle et sexuelle en tenant compte également de l'impact de la conscience humaine. Des mesures de lutte contre les moustiques sont aussi intégrées [4]. Le modèle représenté par le diagramme (2.3) est donné par le système d'équations différentielles non linéaires suivant :

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS_h(t)}{dt} = \pi - (\lambda_1 + \lambda_2)S_h(t) - (\mu + a)S_h(t), \\ \frac{dE_h(t)}{dt} = (\lambda_1 + \lambda_2)S_h(t) - (\sigma + \mu)E_h(t), \\ \frac{dI_h(t)}{dt} = \sigma E_h(t) - (\gamma + \mu)I_h(t), \\ \frac{dR_h(t)}{dt} = \gamma I_h(t) - \mu R_h(t) + aS_h(t), \\ \frac{dS_v(t)}{dt} = \pi_1 - \lambda_v S_v(t) - (\mu_1 + b)S_v(t), \\ \frac{dE_v(t)}{dt} = \lambda_v S_v(t) - (\sigma_1 + \mu_1 + b)E_v(t), \\ \frac{dI_v(t)}{dt} = \sigma_1 E_v(t) - (\mu_1 + b)I_v(t). \end{array} \right.$$

Avec,

$$\lambda_1 = \frac{b_2 \alpha_1 I_v}{N_h}, \lambda_2 = \frac{c \alpha_2 I_h}{N_h}, \lambda_v = \frac{b_2 \alpha_3 I_h}{N_h}.$$

Où,

- π, π_1 : Taux de recrutement pour les humains et les moustiques, respectivement.
- μ, μ_1 : Taux de mortalité naturelle chez les humains et les moustiques, respectivement.
- b_2 : Taux de piqûres de moustiques.
- α_1 : Probabilité de transmission par la piqûre d'un moustique infecté à un humain susceptible.
- α_2 : Probabilité de transmission par contact sexuel avec un humain infecté.
- α_3 : Probabilité de transmission par un hamain infecté à un moustique susceptible.
- c : Taux de contact sexuel entre un individu susceptible et un individu infecté.
- σ : Taux de transition des personnes exposées vers les personnes infectées.
- γ : Taux de guérison des humains infectés.
- a : Taux de sensibilisation de la population hôte.
- σ_1 : Taux de transition de la classe des moustiques exposés vers les moustiques infectés.
- b : Taux de lutte efficace contre les moustiques.

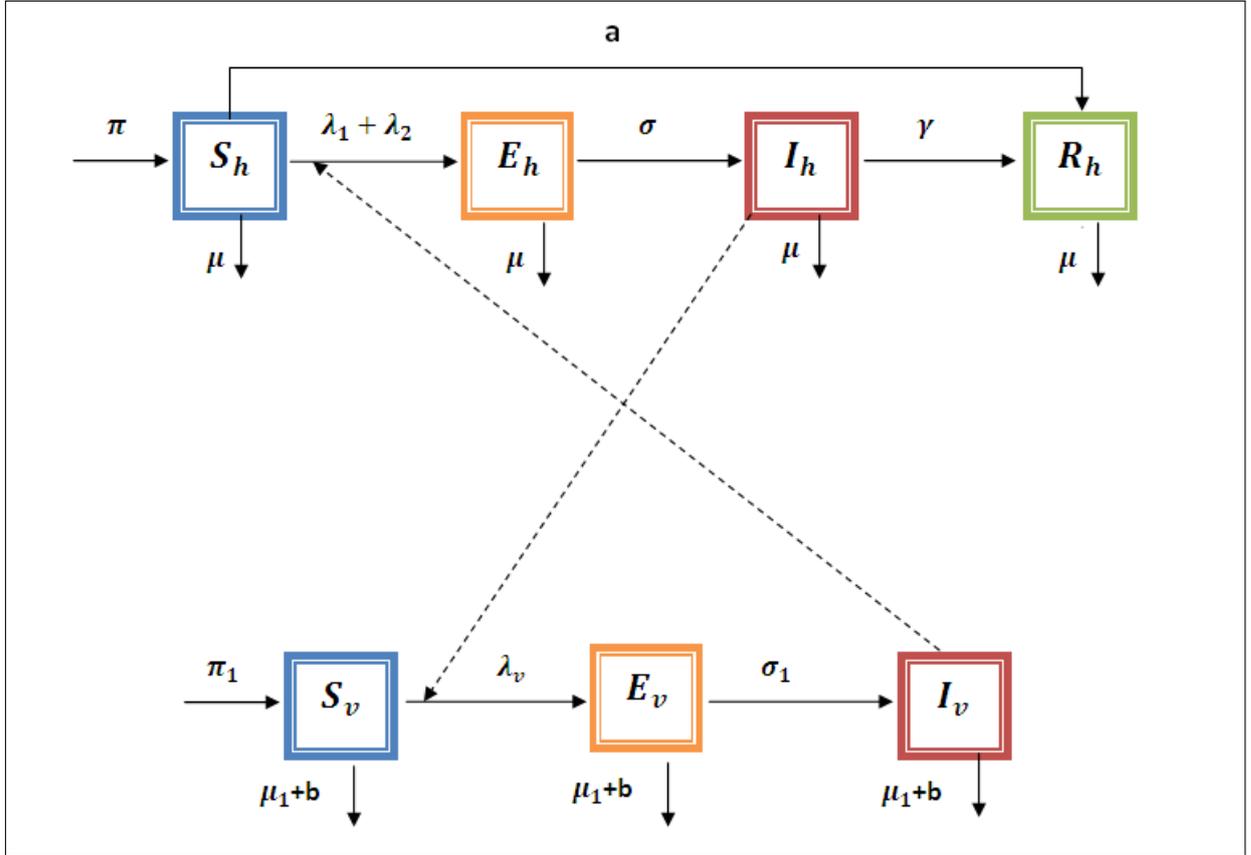


FIGURE 2.3 – Diagramme de la dynamique de Zika [4].

Les résultats de simulations numériques ont montré que les paramètres les plus importants pour contrôler l'infection sont le taux de piqûre des moustiques, le taux de recrutement des moustiques, la probabilité de transmission [4].

4 Modèle de C.N. Ngonghala, et al. en 2021

Une étude récente menée par C.N. Ngonghala et al. en 2021 a introduit un modèle compartimental schématisé par la figure (2.4) qui examine l'impact des facteurs climatiques sur la transmission du Zika [11].

Le modèle suppose que :

- La population humaine est constante, mais la population des moustiques n'est pas constante :

$$N'_h = 0 \text{ et } N'_v = \left(\frac{\theta_v \phi_v \nu_v}{\mu_v} \left(1 - \frac{N_v}{k_v} \right) - \mu_v \right) N_v.$$

- Les humains susceptibles acquièrent le virus à un taux $\lambda_{vh} = \frac{b_v \beta_{vh} I_v}{N_h}$.
- Les moustiques susceptibles acquièrent le virus à un taux $\lambda_{hv} = \frac{b_v \beta_{hv} I_h}{N_h}$.
- b_v : Le nombre moyen de piqûres de moustiques subies par les humains par unité du temps.
- β_{vh} : La probabilité de transmission du virus Zika d'un moustique infecté à un humain susceptible lors de la piqûre.
- β_{hv} : La probabilité de transmission du virus Zika d'un humain infecté à un moustique susceptible lors de la piqûre.
- Les humains exposés deviennent infectieux avec un taux σ_h .
- Les moustiques exposés deviennent infectieux avec un taux σ_v .
- γ_h : Taux de récupération des humains infectés.
- ν_v : La probabilité de survie de l'œuf à l'adulte.

- k_v : Le nombre maximum de moustiques qu'un site de reproduction peut supporter.
- θ_v : Le nombre d'œufs qu'une femelle moustique produit par jour.
- ϕ_v : Le taux auquel un œuf se développe en une moustique adulte.
- $\frac{1}{\mu_v}$: La durée de vie moyenne des moustiques.
- $f(N_v) = \frac{\theta_v \phi_v \nu_v}{\mu_v} \left(1 - \frac{N_v}{k_v}\right)$: Taux de recrutement des moustiques est déterminé en fonction du nombre d'individus présents.

bullet α_v :

Le modèle est défini par :

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS_h}{dt} = -\frac{b_v \beta_{vh} I_v}{N_h} S_h, \\ \frac{dE_h}{dt} = \frac{b_v \beta_{vh} I_v}{N_h} S_h - \sigma_h E_h, \\ \frac{dI_h}{dt} = \sigma_h E_h - \gamma_h I_h, \\ \frac{dR_h}{dt} = \gamma_h I_h, \\ \frac{dS_v}{dt} = \frac{\theta_v \phi_v \nu_v}{\mu_v} N_v \left(1 - \frac{N_v}{k_v}\right) - \left(\frac{b_v \beta_{hv} I_h}{N_h} + \mu_v\right) S_v, \\ \frac{dE_v}{dt} = \frac{b_v \beta_{hv} I_h}{N_h} S_v - (\sigma_v + \mu_v) E_v, \\ \frac{dI_v}{dt} = \sigma_v E_v - \mu_v I_v. \end{array} \right.$$

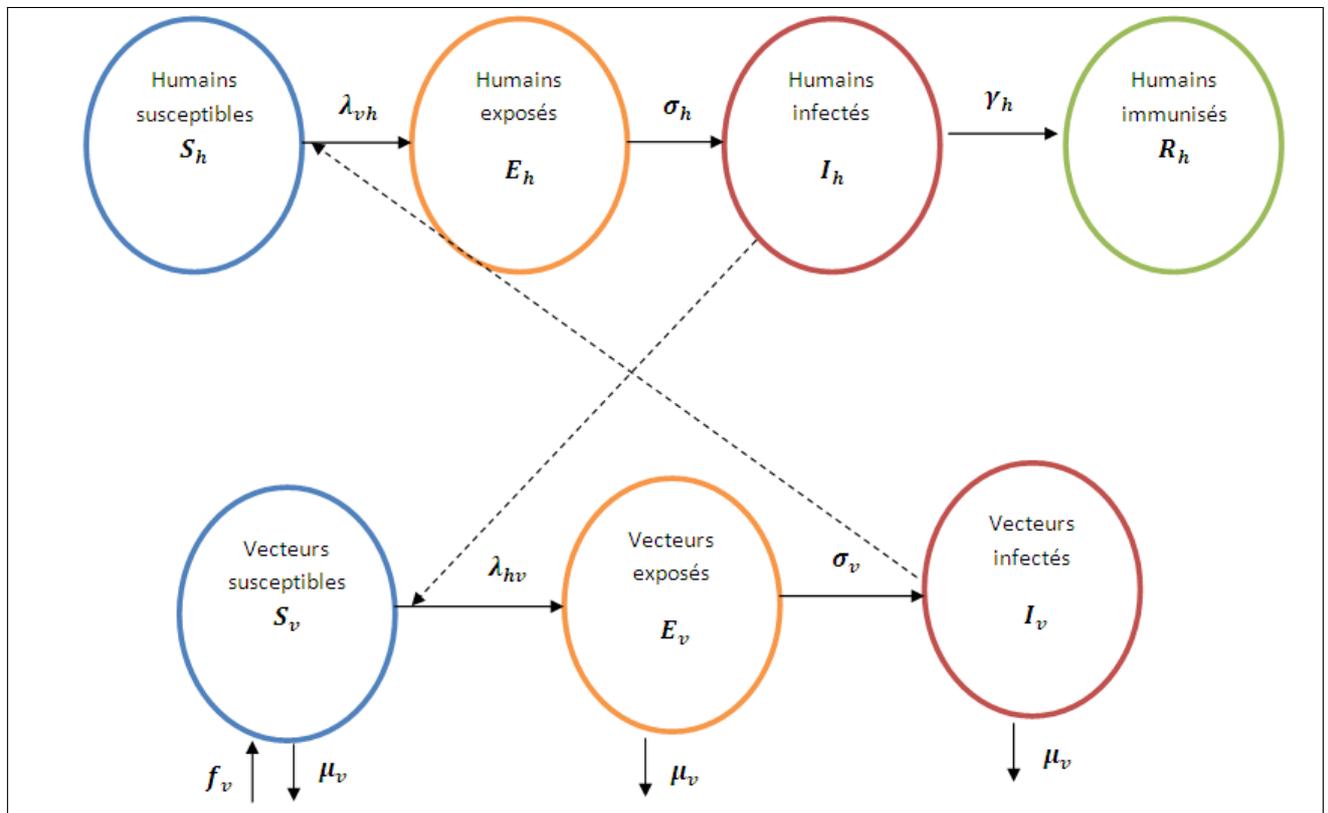


FIGURE 2.4 – Diagramme de transmission du virus Zika entre les humains et les vecteurs [11].

Les résultats des simulations numériques réalisées par ces chercheurs confirment de manière significative l'impact de la température sur le taux de reproduction de base R_0 , qui évalue la ca-

pacité de propagation du Zika. Il est clairement observé que les épidémies de Zika surviennent généralement dans des plages de température élevées [11].

5 Modèle de A. Ali, et al. en 2021

En 2021, A. Ali et al. ont proposé un modèle mathématique pour décrire la dynamique du virus Zika, en prenant en compte l'infection des nourrissons. Dans cette étude, ils ont utilisé des équations différentielles d'ordre fractionnaire au sens de Caputo. L'opérateur fractionnaire a été privilégié en raison de ses nombreux avantages, offrant un comportement biologiquement réaliste et permettant une meilleure gestion de la complexité des modèles [1]. Le modèle est illustré dans la figure (2.5). Le modèle suppose que :

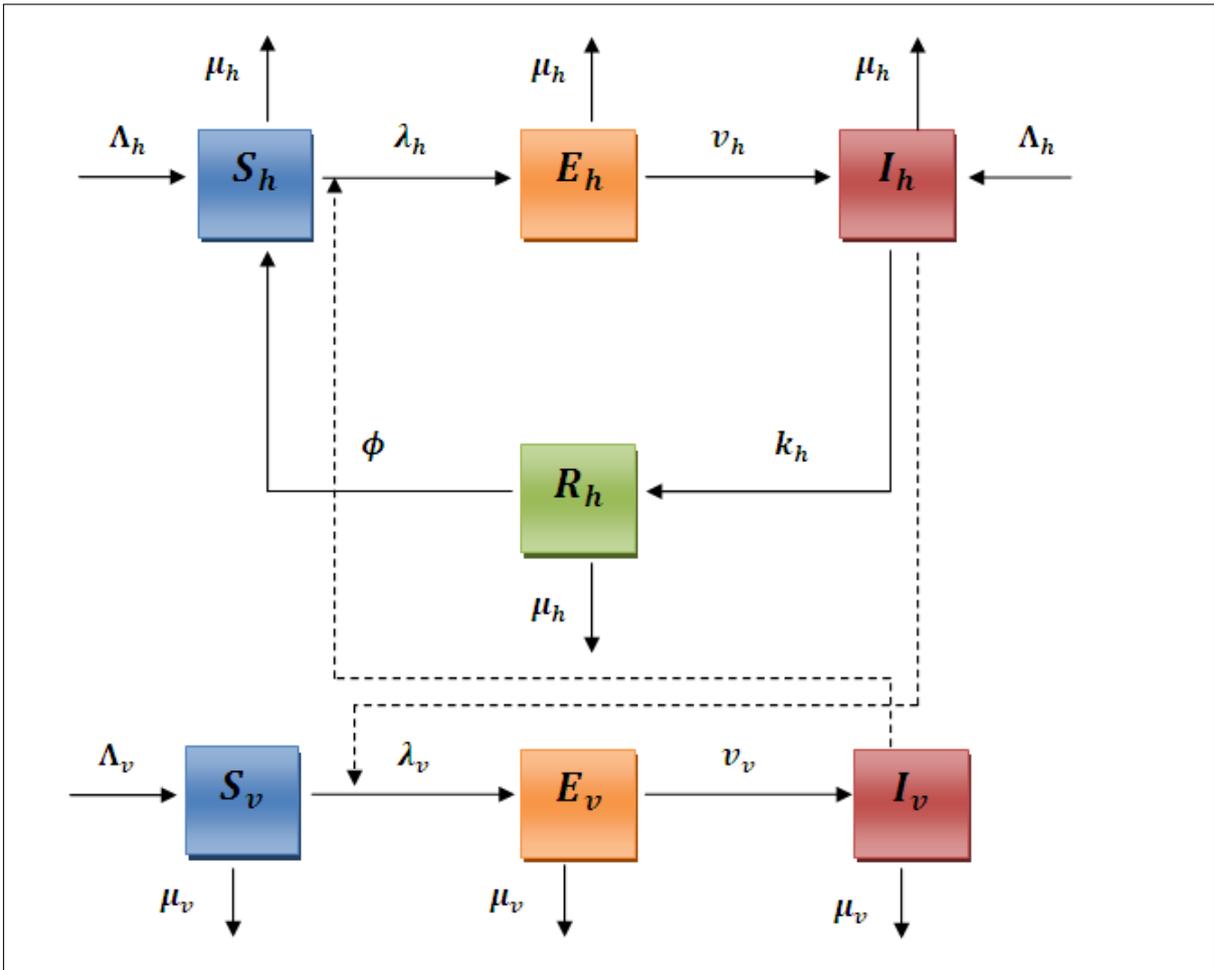


FIGURE 2.5 – Diagramme schématisant le modèle de de A. Ali, et al. en 2021 [1].

- Λ_H : Taux de natalité de la population humaine.
- Λ_M : Taux de natalité de la population vectorielle.
- μ_H : Taux de mortalité de la population humaine.
- μ_M : Taux de mortalité de la population vectorielle.
- Les humains susceptibles acquièrent l'infection à un taux $\lambda_H = \frac{\beta_H I_M}{N_H}$.
- Les moustiques susceptibles acquièrent l'infection à un taux $\lambda_M = \frac{\beta_M I_H}{N_h}$.
- β_H et β_M : Taux de piqûres de moustiques.
- k_H : Taux de récupérations des humains infectés.
- La récupération de l'être humain est temporaire, il redevient donc susceptible à un taux ϕ .
- Les humains exposés deviennent infectieux au taux v_H .

- Les moustiques exposés deviennent infectieux au taux ν_M .
- Les décès causés par Zika n'ont pas été retenus dans cette étude en raison de leur caractère peu fréquent.

Leur modèle a la forme :

$$\begin{cases} {}^c D_t^\alpha S_H = \Lambda_H(S_H + E_H + R_H) + \phi R_H - \lambda_H S_H - \mu_H S_H, \\ {}^c D_t^\alpha E_H = \lambda_H S_H - (\nu_H + \mu_H) E_H, \\ {}^c D_t^\alpha I_H = \Lambda_H I_H + \nu_H E_H - k_H I_H - \mu_H I_H, \\ {}^c D_t^\alpha R_H = k_H I_H - \mu_H R_H - \phi R_H, \\ {}^c D_t^\alpha S_M = \Lambda_M(E_M + I_M + S_M) - \lambda_M S_M - \mu_M S_M, \\ {}^c D_t^\alpha E_M = \lambda_M S_M - (\nu_M + \mu_M) E_M, \\ {}^c D_t^\alpha I_M = \nu_M E_M - \mu_M I_M. \end{cases} \quad (2.5)$$

En effet, il est crucial que les unités soient cohérentes des deux côtés de chaque équation du système afin de garantir la validité des résultats. Cependant, dans ce cas, le modèle ne prend pas en compte l'homogénéité des unités entre le premier membre et le second membre de chaque équation. Il est essentiel d'harmoniser les unités utilisées dans le modèle afin d'obtenir des prédictions et des résultats cohérents.

6 Modèle de R. Prasad, K. Kumar, et R. Dohare, en 2022

En 2022, R. Prasad, K. Kumar et R. Dohare ont introduit un modèle mathématique d'ordre fractionnaire afin de comprendre la propagation du virus Zika [12]. Le modèle est donné comme suit :

$$\begin{cases} {}^c D_t^\alpha S_h = -a^\alpha b m S_h I_v, \\ {}^c D_t^\alpha E_h = a^\alpha b m S_h I_v - \beta_h^\alpha E_h, \\ {}^c D_t^\alpha I_h = \beta_h^\alpha E_h - \gamma_h^\alpha I_h, \\ {}^c D_t^\alpha R_h = \gamma_h^\alpha I_h, \\ {}^c D_t^\beta S_v = \mu_v^\beta - \mu_v^\beta S_v - a^\beta c S_v \frac{I_h}{N_h}, \\ {}^c D_t^\beta E_v = -\mu_v^\beta E_v - \beta_v^\beta E_v + a^\beta c S_v \frac{I_h}{N_h}, \\ {}^c D_t^\beta I_v = -\mu_v^\beta I_v + \beta_v^\beta E_v, \end{cases}$$

où,

- $\alpha_h = a^\alpha b m$: Taux auquel les humains susceptibles sont exposés.
- a : Nombre moyen de piqûres de moustiques qu'une personne subit chaque jour.
- b : Probabilité qu'une piqûre d'un moustique infecté transmette la maladie à un humain susceptible.
- m : Rapport moyen entre le nombre de moustiques et le nombre d'humains.
- Les humains exposés deviennent infectés à un taux β_h .
- γ_h : Taux de rétablissement des personnes infectées.
- $\alpha_v = a^\beta c$: Taux auquel les moustiques susceptibles sont exposés.
- c : Probabilité qu'un moustique soit infecté après avoir piqué un humain infecté.
- β_v : Taux auquel les moustiques exposés deviennent infectés.
- γ_h : Taux de récupération des humains infectés.
- μ_v : Taux de mortalité des moustiques.

Cette approche montre bien l'utilité des dérivées d'ordre fractionnaire pour prédire l'évolution de la maladie [12].

7 Conclusion

Plusieurs approches sont utilisées pour modéliser la dynamique de transmission du virus Zika. Parmi ces approches, on peut mentionner l'étude menée par S.E.B. Boret et al. en 2017 [3], qui prend en compte l'effet de la température sur la propagation du virus. De plus, le modèle proposé par S.K. Biswas et al. en 2020 [4] se concentre sur l'effet de la transmission sexuelle. Le modèle développé par Ngonghala C. N. et al. en 2021 [11] s'appuie également sur l'effet de la température sur la transmission du virus. Enfin, les travaux d'Ali A. et al. en 2021 [1] ainsi que de Prasad R., Kumar K., et Dohare R. en 2022 [12] étudient la propagation de cette maladie en utilisant des équations différentielles fractionnaires de Caputo.

Chapitre 3

Étude Mathématique

1 Introduction

L'objectif de ce chapitre est de présenter un modèle mathématique permettant de décrire l'évolution de la transmission de la maladie Zika selon différentes conditions de température. On commence par établir le modèle en se basant sur des hypothèses réalistes, puis on procède à une analyse mathématique en utilisant le théorème de Cauchy-Lipschitz pour démontrer l'existence et l'unicité de la solution du système. On calcule également les points d'équilibre et le taux de reproduction de base R_0 . Enfin, on étudie la stabilité de ces points à l'aide du théorème de Routh-Hurwitz.

2 Formulation du modèle

Dans le but de décrire la dynamique de la transmission du Zika, on va utiliser le modèle à compartiments SEIR-SEI. On suppose que :

1. La population humaine, notée $N_h(t)$, est divisée en quatre classes :
 - $S_h(t)$: Le nombre des humains susceptibles à l'instant t .
 - $E_h(t)$: Le nombre des humains exposés à l'instant t .
 - $I_h(t)$: Le nombre des humains infectés à l'instant t .
 - $R_h(t)$: Le nombre des humains rétablis à l'instant t .
2. La population totale des moustiques $N_v(t)$ est divisée en trois compartiments :
 - $S_v(t)$: Le nombre des moustiques susceptibles à l'instant t .
 - $E_v(t)$: Le nombre des moustiques exposés à l'instant t .
 - $I_v(t)$: Le nombre des moustiques infectés à l'instant t .
3. Les humains susceptibles acquièrent le virus à un taux λ_1 qui est défini par cette formule,

$$\lambda_1 = B(T)\beta_{vh}(T),$$

où la fonction $B(T)$, dépendante de la température T , représente le nombre moyen de piqûres de moustiques sur les humains par unité de temps. Elle peut être exprimée par l'équation suivante [6],

$$B(T) = 0.0043T + 0.0943,$$

et la fonction $\beta_{vh}(T)$ varie en fonction de la température et exprime la probabilité de transmission du virus Zika par un moustique infecté à un humain susceptible lors d'une piqûre. Elle peut être représentée par la formule suivante [6] :

2. FORMULATION DU MODÈLE

$$\beta_{vh}(T) = \begin{cases} 0.001044T(T - 12.286)\sqrt{32.461 - T} & \text{si } 12.28 < T \leq 32.461, \\ 0 & \text{si non.} \end{cases}$$

4. Les moustiques susceptibles peuvent contracter le virus à un taux λ_2 défini par l'expression suivante,

$$\lambda_2 = B(T)\beta_{hv}(T),$$

où la fonction $\beta_{hv}(T)$ varie en fonction de la température et exprime la probabilité de transmission du virus Zika d'un individu infecté à un moustique susceptible. Cette probabilité peut être représentée à l'aide de la formule suivante [6],

$$\beta_{hv}(T) = \begin{cases} 0.0729T - 0.9037 & \text{si } 12.4 < T \leq 26.1, \\ 1 & \text{si non.} \end{cases}$$

5. Les humains exposés deviennent infectieux avec un taux α_h .
6. Les moustiques exposés deviennent infectieux avec un taux α_v .
7. Le taux de guérison des humains infectés par le virus Zika est exprimé par γ_h .
8. Le taux de natalité et de mortalité de la population humaine est défini par μ_h .
9. Le taux de natalité et de mortalité de la population de moustiques est décrit par μ_v .

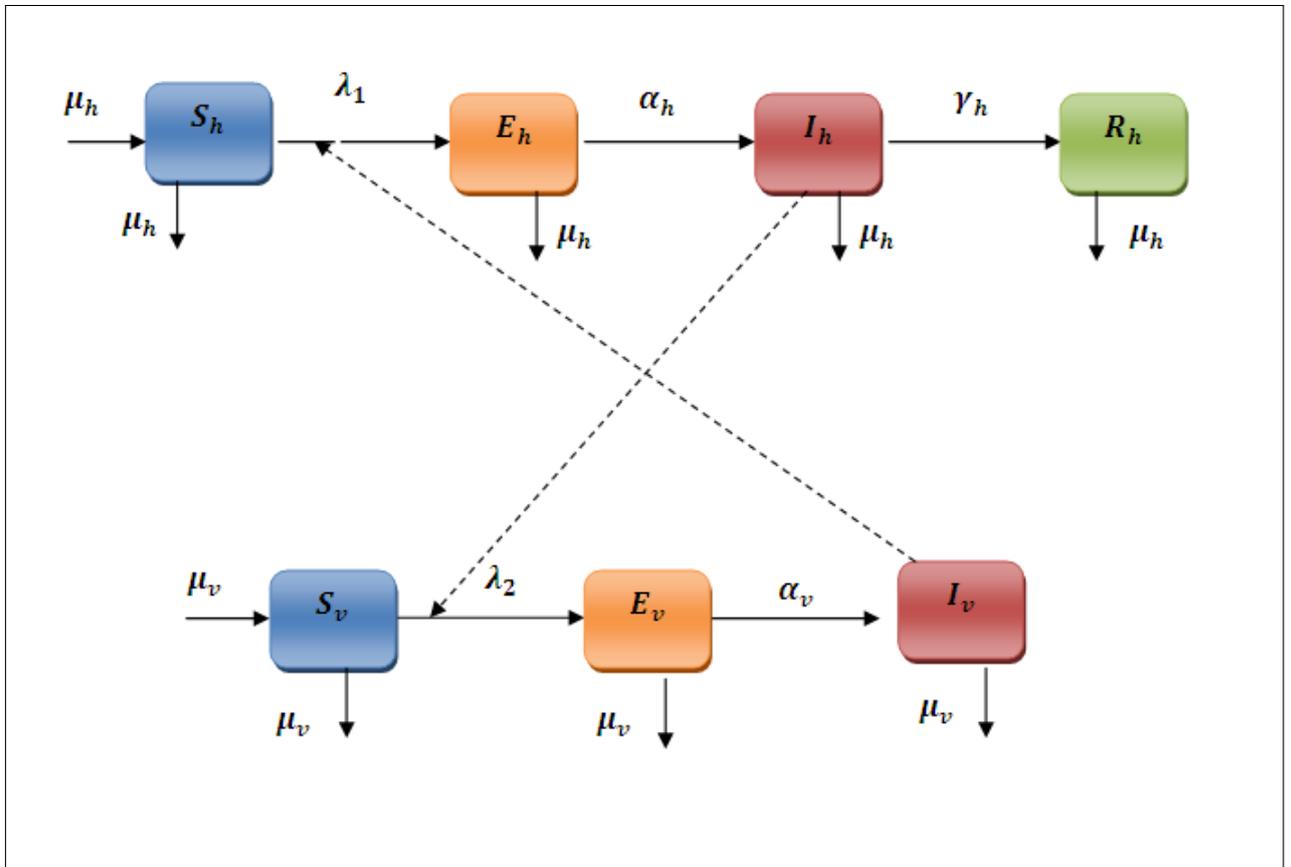


FIGURE 3.1 – Diagramme du modèle mathématique de la dynamique du virus Zika dans les populations humaines et de moustiques.

Le modèle illustré dans la figure (3.1) peut être décrit mathématiquement par un système d'équations différentielles non linéaires suivant :

$$\begin{cases} \frac{dS_h(t)}{dt} = \mu_h N_h - \frac{\lambda_1 I_v(t) S_h(t)}{N_v} - \mu_h S_h(t), \\ \frac{dE_h(t)}{dt} = \frac{\lambda_1 I_v(t) S_h(t)}{N_v} - \alpha_h E_h(t) - \mu_h E_h(t), \\ \frac{dI_h(t)}{dt} = \alpha_h E_h(t) - \gamma_h I_h(t) - \mu_h I_h(t), \\ \frac{dR_h(t)}{dt} = \gamma_h I_h(t) - \mu_h R_h(t), \\ \frac{dS_v(t)}{dt} = \mu_v N_v - \frac{\lambda_2 I_h(t) S_v(t)}{N_h} - \mu_v S_v(t), \\ \frac{dE_v(t)}{dt} = \frac{\lambda_2 I_h(t) S_v(t)}{N_h} - \alpha_v E_v(t) - \mu_v E_v(t), \\ \frac{dI_v(t)}{dt} = \alpha_v E_v(t) - \mu_v I_v(t), \end{cases} \quad (3.1)$$

avec les conditions initiales,

$$S_h(0) = S_{h0}, E_h(0) = E_{h0}, I_h(0) = I_{h0}, R_h(0) = R_{h0}, S_v(0) = S_{v0}, E_v(0) = E_{v0} \text{ et } I_v(0) = I_{v0} \geq 0.$$

3 Analyse mathématique

Il est clair que les deux populations N_h et N_v sont constantes. En posant les nouvelles variables suivantes,

$$\mathbf{S}_h(t) = \frac{S_h(t)}{N_h}, \mathbf{E}_h(t) = \frac{E_h(t)}{N_h}, \mathbf{I}_h(t) = \frac{I_h(t)}{N_h}, \mathbf{R}_h(t) = \frac{R_h(t)}{N_h}, \mathbf{S}_v(t) = \frac{S_v(t)}{N_v}, \mathbf{E}_v(t) = \frac{E_v(t)}{N_v}, \\ \mathbf{I}_v(t) = \frac{I_v(t)}{N_v}, \text{ on obtient,}$$

$$\begin{cases} \frac{d\mathbf{S}_h(t)}{dt} = \mu_h - \lambda_1 \mathbf{I}_v(t) \mathbf{S}_h(t) - \mu_h \mathbf{S}_h(t), \\ \frac{d\mathbf{E}_h(t)}{dt} = \lambda_1 \mathbf{I}_v(t) \mathbf{S}_h(t) - \alpha_h \mathbf{E}_h(t) - \mu_h \mathbf{E}_h(t), \\ \frac{d\mathbf{I}_h(t)}{dt} = \alpha_h \mathbf{E}_h(t) - \gamma_h \mathbf{I}_h(t) - \mu_h \mathbf{I}_h(t), \\ \frac{d\mathbf{R}_h(t)}{dt} = \gamma_h \mathbf{I}_h(t) - \mu_h \mathbf{R}_h(t), \\ \frac{d\mathbf{S}_v(t)}{dt} = \mu_v - \lambda_2 \mathbf{I}_h(t) \mathbf{S}_v(t) - \mu_v \mathbf{S}_v(t), \\ \frac{d\mathbf{E}_v(t)}{dt} = \lambda_2 \mathbf{I}_h(t) \mathbf{S}_v(t) - \alpha_v \mathbf{E}_v(t) - \mu_v \mathbf{E}_v(t), \\ \frac{d\mathbf{I}_v(t)}{dt} = \alpha_v \mathbf{E}_v(t) - \mu_v \mathbf{I}_v(t). \end{cases} \quad (3.2)$$

3.1 Existence et unicité de la solution

Le théorème de Cauchy Lipschitz est un outil crucial dans l'étude des équations différentielles. Il garantit à la fois l'existence et l'unicité d'une solution qui satisfait une condition initiale spécifique, appelée condition de Cauchy. Notre objectif est de démontrer l'existence et l'unicité de la solution du problème (3.2) en utilisant ce théorème.

Théorème 1 : Cauchy-Lipshitz

Soient \mathbb{R}^m muni de sa norme $\| \cdot \|$, I un intervalle de \mathbb{R} et $f : I \times \mathbb{R}^m \longrightarrow \mathbb{R}^m$ une application continue, supposée globalement lipschitzienne au sens suivant :
pour tout compact $K \subset I$, il existe $k > 0$ tel que pour tous $t \in K, X_1, X_2 \in \mathbb{R}^m$,

$$\| f(X_1) - f(X_2) \| \leq k \| X_1 - X_2 \|.$$

Alors, pour tous $t_0 \in I$ et $X_0 \in \mathbb{R}^m$, le problème de Cauchy,

$$\begin{cases} X'(t) = f(X(t)), \\ X(t_0) = X_0. \end{cases}$$

admet une unique solution $t \longmapsto X(t)$ qui est globale (définie sur I tout entier).

Notre modèle (3.2) est un système d'équations différentielles non linéaires du premier ordre qui peut être formulé sous la forme d'un problème de Cauchy suivant :

$$\begin{cases} X'(t) = F(X(t)), \\ X(t_0) = X_0. \end{cases} \quad (3.3)$$

Avec,

$$X(t) = \begin{pmatrix} \mathbf{S}_h(t) \\ \mathbf{E}_h(t) \\ \mathbf{I}_h(t) \\ \mathbf{R}_h(t) \\ \mathbf{S}_v(t) \\ \mathbf{E}_v(t) \\ \mathbf{I}_v(t) \end{pmatrix} \text{ et } F(X(t)) = \begin{pmatrix} f_1 X(t) \\ f_2 X(t) \\ f_3 X(t) \\ f_4 X(t) \\ f_5 X(t) \\ f_6 X(t) \\ f_7 X(t) \end{pmatrix},$$

où,

$$\begin{cases} f_1(X(t)) = \mu_h - \lambda_1 \mathbf{I}_v(t) \mathbf{S}_h(t) - \mu_h \mathbf{S}_h(t), \\ f_2(X(t)) = \lambda_1 \mathbf{I}_v(t) \mathbf{S}_h(t) - \alpha_h \mathbf{E}_h(t) - \mu_h \mathbf{E}_h(t), \\ f_3(X(t)) = \alpha_h \mathbf{E}_h(t) - \gamma_h \mathbf{I}_h(t) - \mu_h \mathbf{I}_h(t), \\ f_4(X(t)) = \gamma_h \mathbf{I}_h(t) - \mu_h \mathbf{R}_h(t), \\ f_5(X(t)) = \mu_h - \lambda_2 \mathbf{I}_h(t) \mathbf{S}_v(t) - \mu_v \mathbf{S}_v(t), \\ f_6(X(t)) = \lambda_2 \mathbf{I}_h(t) \mathbf{S}_v(t) - \alpha_v \mathbf{E}_v(t) - \mu_v \mathbf{E}_v(t), \\ f_7(X(t)) = \alpha_v \mathbf{E}_v(t) - \mu_v \mathbf{I}_v(t). \end{cases} \quad (3.4)$$

Dans le cadre de l'espace des fonctions continues de I dans \mathbb{R}^7 , la norme $N(\cdot)$ est définie par,

$$N(X) = \sup_{t \in I} \|X(t)\|,$$

avec, $\|\cdot\|$ est la norme de \mathbb{R}^7 .

Théorème 2

Le problème (3.3) admet une unique solution globale $X(t) \in \mathbb{R}^7$ pour tout $t \in [0, t_f]$

Preuve.

Afin de prouver l'existence et l'unicité de la solution du problème (3.3), il convient de démontrer que la fonction F est globalement Lipschitzienne. Soient $t \in [0, t_f]$, $X_1, X_2 \in \mathbb{R}^7$, on a,

$$\begin{aligned} \|F(X_1(t)) - F(X_2(t))\| &= \sup_{t \in I} \begin{cases} |f_1(X_1(t)) - f_1(X_2(t))| \\ |f_2(X_1(t)) - f_2(X_2(t))| \\ |f_3(X_1(t)) - f_3(X_2(t))| \\ |f_4(X_1(t)) - f_4(X_2(t))| \\ |f_5(X_1(t)) - f_5(X_2(t))| \\ |f_6(X_1(t)) - f_6(X_2(t))| \\ |f_7(X_1(t)) - f_7(X_2(t))| \end{cases} \\ &= \sup_{t \in I} \begin{cases} |-\lambda_1 \mathbf{I}_{v,1}(t) \mathbf{S}_{h,1}(t) - \mu_h \mathbf{S}_{h,1}(t) + \lambda_1 \mathbf{I}_{v,2}(t) \mathbf{S}_{h,2}(t) + \mu_h \mathbf{S}_{h,2}(t)| \\ |\lambda_1 \mathbf{I}_{v,1}(t) \mathbf{S}_{h,1}(t) - (\alpha_h + \mu_h) \mathbf{E}_{h,1}(t) - \lambda_1 \mathbf{I}_{v,2}(t) \mathbf{S}_{h,2}(t) \\ + (\alpha_h + \mu_h) \mathbf{E}_{h,2}(t)| \\ |\alpha_h \mathbf{E}_{h,1}(t) - (\gamma_h + \mu_h) \mathbf{I}_{h,1}(t) - \alpha_h \mathbf{E}_{h,2}(t) + (\gamma_h + \mu_h) \mathbf{I}_{h,2}(t)| \\ |\gamma_h \mathbf{I}_{h,1}(t) - \mu_h \mathbf{R}_{h,1}(t) - \gamma_h \mathbf{I}_{h,2}(t) + \mu_h \mathbf{R}_{h,2}(t)| \\ |-\lambda_2 \mathbf{I}_{h,1}(t) \mathbf{S}_{v,1}(t) - \mu_v \mathbf{S}_{v,1}(t) + \lambda_2 \mathbf{I}_{h,2}(t) \mathbf{S}_{v,2}(t) + \mu_v \mathbf{S}_{v,2}(t)| \\ |\lambda_2 \mathbf{I}_{h,1}(t) \mathbf{S}_{v,1}(t) - (\alpha_v + \mu_v) \mathbf{E}_{v,1}(t) - \lambda_2 \mathbf{I}_{h,2}(t) \mathbf{S}_{v,2}(t) \\ + (\alpha_v + \mu_v) \mathbf{E}_{v,2}(t)| \\ |\alpha_v \mathbf{E}_{v,1}(t) - \mu_v \mathbf{I}_{v,1}(t) - \alpha_v \mathbf{E}_{v,2}(t) + \mu_v \mathbf{I}_{v,2}(t)| \end{cases} \end{aligned}$$

1. f_1 est globalement lipschitzienne :

$$\begin{aligned} |f_1(X_1(t)) - f_1(X_2(t))| &= |-\lambda_1 \mathbf{I}_{v,1}(t) \mathbf{S}_{h,1}(t) - \mu_h \mathbf{S}_{h,1}(t) + \lambda_1 \mathbf{I}_{v,2}(t) \mathbf{S}_{h,2}(t) + \mu_h \mathbf{S}_{h,2}(t)| \\ &\leq |-\lambda_1 \mathbf{I}_{v,1}(t) \mathbf{S}_{h,1}(t) + \lambda_1 \mathbf{I}_{v,2}(t) \mathbf{S}_{h,2}(t)| + |-\mu_h \mathbf{S}_{h,1}(t) + \mu_h \mathbf{S}_{h,2}(t)| \\ &\leq \lambda_1 |\mathbf{I}_{v,1}(t) \mathbf{S}_{h,1}(t) - \mathbf{I}_{v,2}(t) \mathbf{S}_{h,2}(t)| + \mu_h |\mathbf{S}_{h,1}(t) - \mathbf{S}_{h,2}(t)|. \end{aligned}$$

En rajoutant et retranchant le terme $\mathbf{I}_{v,2}(t) \mathbf{S}_{h,1}(t)$, on trouve,

$$\begin{aligned} |f_1(X_1(t)) - f_1(X_2(t))| &\leq \lambda_1 |(\mathbf{I}_{v,1}(t) - \mathbf{I}_{v,2}(t)) \mathbf{S}_{h,1}(t) + \mathbf{I}_{v,2}(t) (\mathbf{S}_{h,1}(t) - \mathbf{S}_{h,2}(t))| \\ &\quad + \mu_h |\mathbf{S}_{h,1}(t) - \mathbf{S}_{h,2}(t)| \\ &\leq \lambda_1 |\mathbf{I}_{v,1}(t) - \mathbf{I}_{v,2}(t)| + \lambda_1 |\mathbf{S}_{h,1}(t) - \mathbf{S}_{h,2}(t)| + \mu_h |\mathbf{S}_{h,1}(t) - \mathbf{S}_{h,2}(t)|, \end{aligned}$$

en se rappelant que,

$$|X_1^i(t) - X_2^i(t)| \leq \|X_1(t) - X_2(t)\|, \text{ pour } i=1,2,\dots,7.$$

Cela en résulte que,

$$|f_1(X_1(t)) - f_1(X_2(t))| \leq k_1 \|X_1(t) - X_2(t)\|,$$

où $k_1 = 2\lambda_1 + \mu_h$. Par conséquent, f_1 est globalement lipschitzienne.

2. f_2 est globalement lipschitzienne :

On peut procéder de la même manière en ajoutant et soustrayant le terme $\mathbf{I}_{v,2}(t) \mathbf{S}_{h,1}(t)$, on trouve,

$$\begin{aligned} |f_2(X_1(t)) - f_2(X_2(t))| &= |\lambda_1 \mathbf{I}_{v,1}(t) \mathbf{S}_{h,1}(t) - (\alpha_h + \mu_h) \mathbf{E}_{h,1}(t) - \lambda_1 \mathbf{I}_{v,2}(t) \mathbf{S}_{h,2}(t) \\ &\quad + (\alpha_h + \mu_h) \mathbf{E}_{h,2}(t)| \\ &\leq \lambda_1 (|\mathbf{I}_{v,1}(t) - \mathbf{I}_{v,2}(t)| |\mathbf{S}_{h,1}(t)| + |\mathbf{S}_{h,1}(t) - \mathbf{S}_{h,2}(t)| |\mathbf{I}_{v,2}(t)|) \\ &\quad + \mu_h |\mathbf{E}_{h,1}(t) - \mathbf{E}_{h,2}(t)| + \alpha_h |\mathbf{E}_{h,1}(t) - \mathbf{E}_{h,2}(t)| \\ &\leq k_2 \|X_1(t) - X_2(t)\|, \end{aligned}$$

où, $k_2 = 2\lambda_1 + \alpha_h + \mu_h$. En fin de compte, f_2 est globalement lipschitzienne.

3. f_3 est globalement lipschitzienne :

En procédant de la même manière que précédemment, on obtient,

$$\begin{aligned} |f_3(X_1(t)) - f_3(X_2(t))| &= |\alpha_h \mathbf{E}_{h,1}(t) - (\gamma_h + \mu_h) \mathbf{I}_{h,1}(t) - \alpha_h \mathbf{E}_{h,2}(t) + (\gamma_h + \mu_h) \mathbf{I}_{h,2}(t)| \\ &\leq k_3 \|X_1(t) - X_2(t)\|, \end{aligned}$$

où, $k_3 = \alpha_h + \gamma_h + \mu_h$. Donc, f_3 est globalement lipschitzienne.

4. f_4 est globalement lipschitzienne :

En appliquant le même raisonnement, on constate que,

$$\begin{aligned} |f_4(X_1(t)) - f_4(X_2(t))| &= |\gamma_h \mathbf{I}_{h,1}(t) - \mu_h \mathbf{R}_{h,1}(t) - \gamma_h \mathbf{I}_{h,2}(t) + \mu_h \mathbf{R}_{h,2}(t)| \\ &\leq k_4 \|X_1(t) - X_2(t)\|, \end{aligned}$$

où, $k_4 = \gamma_h + \mu_h$. Pour cette raison-là, f_4 est globalement lipschitzienne.

5. f_5 est globalement lipschitzienne :

En additionnant et en retranchant, $\mathbf{I}_{h,2}(t)\mathbf{S}_{v,1}(t)$, on obtient,

$$\begin{aligned} |f_5(X_1(t)) - f_5(X_2(t))| &= |-\lambda_2 \mathbf{I}_{h,1}(t)\mathbf{S}_{v,1}(t) - \mu_v \mathbf{S}_{v,1}(t) + \lambda_2 \mathbf{I}_{h,2}(t)\mathbf{S}_{v,2}(t) + \mu_v \mathbf{S}_{v,2}(t)| \\ &\leq \lambda_2 |\mathbf{I}_{h,1}(t) - \mathbf{I}_{h,2}(t)| + \lambda_2 |\mathbf{S}_{v,1}(t) - \mathbf{S}_{v,2}(t)| + \mu_v |\mathbf{S}_{v,1}(t) - \mathbf{S}_{v,2}(t)| \\ &\leq k_5 \|X_1(t) - X_2(t)\|, \end{aligned}$$

où, $k_5 = 2(\lambda_2 + \mu_v)$. Alors, f_5 est globalement lipschitzienne.

6. f_6 est globalement lipschitzienne :

De la même manière, on observe que,

$$\begin{aligned} |f_6(X_1(t)) - f_6(X_2(t))| &= |\lambda_2 \mathbf{I}_{h,1}(t)\mathbf{S}_{v,1}(t) - (\alpha_v + \mu_v)\mathbf{E}_{v,1}(t) - \lambda_2 \mathbf{I}_{h,2}(t)\mathbf{S}_{v,2}(t) + (\alpha_v + \mu_v)\mathbf{E}_{v,2}(t)| \\ &\leq k_6 \|X_1(t) - X_2(t)\|, \end{aligned}$$

où, $k_6 = 2\lambda_2 + \alpha_v + \mu_v$. Cela en résulte que, f_6 est globalement lipschitzienne.

7. f_7 est globalement lipschitzienne :

Le même raisonnement s'applique également à la dernière équation, ce qui montre que,

$$\begin{aligned} |f_7(X_1(t)) - f_7(X_2(t))| &= |\alpha_v \mathbf{E}_{v,1}(t) - \mu_v \mathbf{I}_{v,1}(t) - \alpha_v \mathbf{E}_{v,2}(t) + \mu_v \mathbf{I}_{v,2}(t)| \\ &\leq k_7 \|X_1(t) - X_2(t)\|, \end{aligned}$$

où, $k_7 = \alpha_v + \mu_v$. Alors, f_7 est globalement lipschitzienne.

Comme les fonctions $f_i, i = 1, 2, \dots, 7$ sont globalement lipschitziennes, il en résulte que,

$$\|F(X_1(t)) - F(X_2(t))\| \leq k \|X_1(t) - X_2(t)\|,$$

où, $k = \max_{i=1,2,\dots,7} (k_i)$.

Etant donné que les deux populations restent constantes, l'utilisation des relations suivantes,

$$\mathbf{R}_h(t) = 1 - \mathbf{S}_h(t) - \mathbf{E}_h(t) - \mathbf{I}_h(t) \text{ et } \mathbf{S}_v(t) = 1 - \mathbf{E}_v(t) - \mathbf{I}_v(t).$$

On peut réduire le système (3.2) au système suivant :

$$\begin{cases} \frac{d\mathbf{S}_h(t)}{dt} = \mu_h - \lambda_1 \mathbf{I}_v(t)\mathbf{S}_h(t) - \mu_h \mathbf{S}_h(t), \\ \frac{d\mathbf{E}_h(t)}{dt} = \lambda_1 \mathbf{I}_v(t)\mathbf{S}_h(t) - \alpha_h \mathbf{E}_h(t) - \mu_h \mathbf{E}_h(t), \\ \frac{d\mathbf{I}_h(t)}{dt} = \alpha_h \mathbf{E}_h(t) - \gamma_h \mathbf{I}_h(t) - \mu_h \mathbf{I}_h(t), \\ \frac{d\mathbf{E}_v(t)}{dt} = \lambda_2 \mathbf{I}_h(t)(1 - \mathbf{E}_v(t) - \mathbf{I}_v(t)) - \alpha_v \mathbf{E}_v(t) - \mu_v \mathbf{E}_v(t), \\ \frac{d\mathbf{I}_v(t)}{dt} = \alpha_v \mathbf{E}_v(t) - \mu_v \mathbf{I}_v(t). \end{cases} \quad (3.5)$$

Dans la suite, le système (3.5) sera utilisé pour le calcul des points d'équilibre.

3.2 Le taux de reproduction de base R_0

Le nombre de reproduction de base R_0 est un concept clé en épidémiologie et sans conteste une des idées importantes que les mathématiques ont apporté à la théorie des épidémies. Ce concept est utilisé en écologie, épidémiologie.

Définition 1 : Taux de reproduction de base R_0

Le nombre de reproduction de base est le nombre de cas secondaires produit par un individu infectieux typique au cours de sa période d'infectiosité, dans une population constituée entièrement de susceptibles [22].

Dans la plupart des modèles en épidémiologie :

- Lorsque $R_0 < 1$, le point d'équilibre sans maladie est localement asymptotiquement stable, ce qui indique que la maladie s'éteint progressivement dans la population.
- Si $R_0 > 1$, le point d'équilibre sans maladie est instable et la maladie se propage dans la population.

Les compartiments infectés considérés dans le modèle (3.5) comprennent E_h, I_h, E_v et I_v . En utilisant l'approche de la matrice de la prochaine génération introduite par J. Watmough en 2001 [22] voir [Annexe 6], le nombre de reproduction de base du modèle (3.5) est défini comme $R_0 = \rho(FV^{-1})$, où F représente la matrice des nouvelles infections suite à une infection et V représente la matrice de transition sont respectivement données par :

$$F = D\mathcal{F}(x) \text{ et } V = D\mathcal{V}(x),$$

où, $x = (E_h, I_h, E_v, I_v)^T$

$$\mathcal{F}(x) = \begin{pmatrix} \lambda_1 \mathbf{I}_v \mathbf{S}_h \\ 0 \\ 0 \\ \lambda_2 \mathbf{I}_h (1 - \mathbf{E}_v - \mathbf{I}_v) \end{pmatrix}, \quad (3.6)$$

et

$$\mathcal{V}(x) = \begin{pmatrix} \alpha_h \mathbf{E}_h + \mu_h \mathbf{E}_h \\ -\alpha_h \mathbf{E}_h + \gamma_h \mathbf{I}_h + \mu_h \mathbf{I}_h \\ \alpha_v \mathbf{E}_v + \mu_v \mathbf{E}_v \\ -\alpha_v \mathbf{E}_v + \mu_v \mathbf{I}_v \end{pmatrix}. \quad (3.7)$$

D'après les équations (3.6) et (3.7) on a les matrices F et V sont données comme suit :

$$F = \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 & \lambda_1 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \lambda_2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix},$$

et,

$$V = \begin{pmatrix} -\alpha_h - \mu_h & 0 & 0 & 0 \\ \alpha_h & -\gamma_h - \mu_h & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -\alpha_v - \mu_v & 0 \\ 0 & 0 & \alpha_v & -\mu_v \end{pmatrix}.$$

La matrice de la prochaine génération est définie par :

$$FV^{-1} = \begin{pmatrix} 0 & 0 & -\lambda_1 \frac{\alpha_v}{\mu_v(\alpha_v + \mu_v)} & -\frac{\lambda_1}{\mu_v} \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ -\lambda_2 \frac{\alpha_h}{(\alpha_h + \mu_h)(\gamma_h + \mu_h)} & -\frac{\lambda_2}{\gamma_h + \mu_h} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}.$$

Les valeurs propres de la matrice FV^{-1} , sont,

$$x_1 = \sqrt{\frac{\lambda_1 \lambda_2 \alpha_h \alpha_v}{\mu_v(\alpha_h + \mu_h)(\alpha_v + \mu_v)(\gamma_h + \mu_h)}},$$

$$x_2 = -\sqrt{\frac{\lambda_1 \lambda_2 \alpha_h \alpha_v}{\mu_v(\alpha_h + \mu_h)(\alpha_v + \mu_v)(\gamma_h + \mu_h)}},$$

et

$$x_3 = 0.$$

Le R_0 est le rayon spectral, ce qui signifie que :

$$R_0 = \sqrt{\frac{\lambda_1 \lambda_2 \alpha_h \alpha_v}{\mu_v(\alpha_h + \mu_h)(\alpha_v + \mu_v)(\gamma_h + \mu_h)}}.$$

3.3 Analyse de stabilité

Dans cette sous-section, on examine la stabilité des points d'équilibre. On commence par présenter le résultat suivant :

Théorème 3

Le système (3.5) admet deux points d'équilibre E_{sm} et E_{am} , pour des paramètres strictement positifs. Ils sont donnés par :

- E_{sm} est le point d'équilibre sans maladie, existe indépendamment de toute condition et est défini par :

$$E_{sm} = (1, 0, 0, 0, 0).$$

- Si $R_0 > 1$ le point d'équilibre endémique existe et est donné par :

$$E_{am} = (\mathbf{S}_h^*, \mathbf{E}_h^*, \mathbf{I}_h^*, \mathbf{E}_v^*, \mathbf{I}_v^*),$$

avec,

$$\begin{cases} \mathbf{S}_h^* = \frac{\mu_h(\mu_v + \alpha_v)(\lambda_2 \mathbf{I}_h^* + \mu_v)}{\lambda_1 \lambda_2 \alpha_v \mathbf{I}_h^* + \mu_h(\mu_v + \alpha_v)(\lambda_2 \mathbf{I}_h^* + \mu_v)}, \\ \mathbf{E}_h^* = \frac{(\gamma_h + \mu_h) \mathbf{I}_h^*}{\alpha_h}, \\ \mathbf{I}_h^* = \frac{(\mu_v + \alpha_v)(R_0^2 - 1) \mu_v \mu_h}{(\lambda_1 \lambda_2 \alpha_v + \mu_h \mu_v \lambda_2 + \lambda_2 \alpha_v \mu_h)}, \\ \mathbf{E}_v^* = \frac{\mu_v \lambda_2 \mathbf{I}_h^*}{(\mu_v + \alpha_v)(\lambda_2 \mathbf{I}_h^* + \mu_v)}, \\ \mathbf{I}_v^* = \frac{\lambda_2 \alpha_v \mathbf{I}_h^*}{(\mu_v + \alpha_v)(\lambda_2 \mathbf{I}_h^* + \mu_v)}. \end{cases}$$

Preuve.

Afin de trouver les points d'équilibre du système (3.5), il faut résoudre le système ci-dessous :

$$\mu_h - \lambda_1 \mathbf{I}_v^* \mathbf{S}_h^* - \mu_h \mathbf{S}_h^* = 0, \quad (3.8)$$

$$\lambda_1 \mathbf{I}_v^* \mathbf{S}_h^* - (\alpha_h + \mu_h) \mathbf{E}_h^* = 0, \quad (3.9)$$

$$\alpha_h \mathbf{E}_h^* - (\gamma_h + \mu_h) \mathbf{I}_h^* = 0, \quad (3.10)$$

$$\lambda_2 \mathbf{I}_h^* (\mathbf{1} - \mathbf{E}_v^* - \mathbf{I}_v^*) - (\alpha_v + \mu_v) \mathbf{E}_v^* = 0, \quad (3.11)$$

$$\alpha_v \mathbf{E}_v^* - \mu_v \mathbf{I}_v^* = 0. \quad (3.12)$$

À partir de l'équation (3.12), on a,

$$\mathbf{E}_v^* = \frac{\mu_v}{\alpha_v} \mathbf{I}_v^*. \quad (3.13)$$

En remplaçant (3.13) dans l'équation (3.11), on a,

$$\lambda_2 \mathbf{I}_h^* \left(1 - \frac{\mu_v}{\alpha_v} \mathbf{I}_v^* - \mathbf{I}_v^*\right) - (\alpha_v - \mu_v) \frac{\mu_v}{\alpha_v} \mathbf{I}_v^* = 0, \quad (3.14)$$

alors,

$$\mathbf{I}_v^* = \frac{\lambda_2 \alpha_v \mathbf{I}_h^*}{(\mu_v + \lambda_2 \mathbf{I}_h^*)(\alpha_v + \mu_v)}. \quad (3.15)$$

D'après l'équation (3.10) on a,

$$\mathbf{E}_h^* = \frac{(\gamma_h + \mu_h)}{\alpha_h} \mathbf{I}_h^*. \quad (3.16)$$

En substituant l'expression (3.15) dans l'équation (3.8), on obtient,

$$\mathbf{S}_h^* = \frac{\mu_h (\mu_v + \lambda_2 \mathbf{I}_h^*) (\alpha_v + \mu_v)}{(\mu_v + \lambda_2 \mathbf{I}_h^*) (\alpha_v + \mu_v) \mu_h + \lambda_1 \lambda_2 \alpha_v \mathbf{I}_h^*}. \quad (3.17)$$

En remplaçant les expressions (3.15), (3.16) et (3.17) dans l'équation (3.9), on obtient la relation suivante :

$$\frac{(\lambda_1 \lambda_2 \alpha_v \mu_h \alpha_h - ((\mu_v + \lambda_2 \mathbf{I}_h^*) (\alpha_v + \mu_v) \mu_h + \lambda_1 \lambda_2 \alpha_v \mathbf{I}_h^*) (\gamma_h + \mu_h) (\alpha_h + \mu_h)) \mathbf{I}_h^*}{((\mu_v + \lambda_2 \mathbf{I}_h^*) (\alpha_v + \mu_v) \mu_h + \lambda_1 \lambda_2 \alpha_v \mathbf{I}_h^*) \alpha_h} = 0. \quad (3.18)$$

1. **Cas 1** : soit $\mathbf{I}_h^* = 0$, on trouve,

$$\mathbf{S}_h^* = 1, \mathbf{E}_h^* = 0, \mathbf{I}_v^* = 0, \mathbf{E}_v^* = 0.$$

D'où l'existence du premier point d'équilibre E_{sm} ,

$$E_{sm} = (1, 0, 0, 0, 0).$$

2. **Cas 2** : soit $\mathbf{I}_h^* \neq 0$, on a,

$$(\lambda_1 \lambda_2 \alpha_v \mu_h \alpha_h - ((\mu_v + \lambda_2 \mathbf{I}_h^*) (\alpha_v + \mu_v) \mu_h + \lambda_1 \lambda_2 \alpha_v \mathbf{I}_h^*) (\gamma_h + \mu_h) (\alpha_h + \mu_h)) = 0.$$

Par conséquent,

$$\mathbf{I}_h^* = \frac{(\lambda_1 \lambda_2 \alpha_h \mu_h \alpha_v - \mu_h \mu_v (\alpha_h + \mu_h) (\gamma_h + \mu_h) (\alpha_v + \mu_v))}{(\alpha_h + \mu_h) (\gamma_h + \mu_h) (\lambda_2 \mu_h (\alpha_v + \mu_v) + \lambda_1 \lambda_2 \alpha_v)}, \quad (3.19)$$

Il est évident que le point E_{sm} est positif. Pour démontrer que le point E_{am} est également positif, il suffit de montrer que \mathbf{I}_h^* est positif.

D'après (3.19) on a,

$$\mathbf{I}_h^* = \frac{\lambda_1 \lambda_2 \alpha_h \mu_h \alpha_v - \mu_h \mu_v (\alpha_h + \mu_h) (\gamma_h + \mu_h) (\alpha_v + \mu_v)}{(\alpha_h + \mu_h) (\gamma_h + \mu_h) (\lambda_2 \mu_h (\alpha_v + \mu_v) + \lambda_1 \lambda_2 \alpha_v)}$$

Le dénominateur de \mathbf{I}_h^* est clairement positif, il reste donc à examiner le numérateur pour conclure que \mathbf{I}_h^* est positif, on a,

$$R_0 = \sqrt{\frac{\lambda_1 \lambda_2 \alpha_h \alpha_v}{\mu_v (\alpha_h + \mu_h) (\alpha_v + \mu_v) (\gamma_h + \mu_h)}}$$

On exprime le numérateur en termes de R_0 , en remplaçant $\lambda_1 \lambda_2 \alpha_h \alpha_v$, par

$$R_0^2 \mu_v (\alpha_h + \mu_h) (\gamma_h + \mu_h) (\alpha_v + \mu_v)$$

On obtient,

$$\begin{aligned} \lambda_1 \lambda_2 \alpha_h \mu_h \alpha_v - \mu_h \mu_v (\alpha_h + \mu_h) (\gamma_h + \mu_h) (\alpha_v + \mu_v) &= R_0^2 \mu_v \mu_h (\alpha_h + \mu_h) (\gamma_h + \mu_h) (\alpha_v + \mu_v) \\ &\quad - \mu_h \mu_v (\alpha_h + \mu_h) (\gamma_h + \mu_h) (\alpha_v + \mu_v). \end{aligned}$$

Après simplifications, on obtient :

$$\lambda_1 \lambda_2 \alpha_h \mu_h \alpha_v - \mu_h \mu_v (\alpha_h + \mu_h) (\gamma_h + \mu_h) (\alpha_v + \mu_v) = (R_0^2 - 1) \mu_v \mu_h (\alpha_h + \mu_h) (\gamma_h + \mu_h) (\alpha_v + \mu_v).$$

On peut conclure que le numérateur est positif lorsque $R_0 > 1$, par conséquent, \mathbf{I}_h^* est positif si $R_0 > 1$.

Le résultat suivant permet de déterminer les conditions sous lesquelles le point sans maladie présente une stabilité asymptotique locale.

Théorème 4

E_{sm} est localement asymptotiquement stable si seulement si : $R_0 < 1$.

Preuve.

La matrice jacobienne du système (3.5) est donnée par :

$$J(\mathbf{S}_h^*, \mathbf{E}_h^*, \mathbf{I}_h^*, \mathbf{E}_v^*, \mathbf{I}_v^*) = \begin{pmatrix} \lambda_1 \mathbf{I}_v^* - \mu_h & 0 & 0 & 0 & -\lambda_1 \mathbf{S}_h^* \\ \lambda_1 \mathbf{I}_v^* & -\alpha_h - \mu_h & 0 & 0 & \lambda_1 \mathbf{S}_h^* \\ 0 & \alpha_h & -\gamma_h - \mu_h & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \lambda_2 (1 - \mathbf{E}_v^* - \mathbf{I}_v^*) & -\alpha_v - \mu_v & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \alpha_v & -\mu_v \end{pmatrix}.$$

Alors,

$$J(E_{sm}) = \begin{pmatrix} \mu_h & 0 & 0 & 0 & -\lambda_1 \\ 0 & -\alpha_h - \mu_h & 0 & 0 & \lambda_1 \\ 0 & \alpha_h & -\gamma_h - \mu_h & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \lambda_2 & -\alpha_v - \mu_v & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \alpha_v & -\mu_v \end{pmatrix}.$$

On note, par :

$$\begin{aligned} a &= \alpha_h + \mu_h, \\ b &= \gamma_h + \mu_h, \\ c &= \alpha_v + \mu_v. \end{aligned}$$

En calculant le polynôme caractéristique de la matrice $J(E_{sm})$, on obtient :

$$P(X) = a_0 X^5 + a_1 X^4 + a_2 X^3 + a_3 X^2 + a_4 X + a_5, \quad (3.20)$$

où,

$$\begin{cases} a_0 = 1, \\ a_1 = (a + b + c + \mu_h + \mu_v), \\ a_2 = (a\mu_h + b(a + \mu_h) + c(a + b + \mu_h) + \mu_v(a + b + c + \mu_h)), \\ a_3 = (c(a\mu_h + b(a + \mu_h)) + \mu_v(a\mu_h + b(a + \mu_h) + c(a + b + \mu_h)) + ab\mu_h), \\ a_4 = (\frac{\mu_h}{\mu_v} + \frac{\mu_h}{c} + \frac{\mu_h}{b} + \frac{\mu_h}{a}(1 - R_0)(1 + R_0))abc\mu_v, \\ a_5 = abc\mu_v\mu_h(1 - R_0)(1 + R_0). \end{cases}$$

En utilisant le critère de Routh-Hurwitz correspondant au polynôme caractéristique (3.20), nous pouvons déterminer la stabilité du système en calculant les mineurs principaux dominants de la matrice suivante :

$$H = \begin{pmatrix} a_1 & a_3 & a_5 & 0 & 0 \\ a_0 & a_2 & a_4 & 0 & 0 \\ 0 & a_1 & a_3 & a_5 & 0 \\ 0 & a_0 & a_2 & a_4 & 0 \\ 0 & 0 & a_1 & a_3 & a_5 \end{pmatrix}.$$

On a,

$$H_1 = a_1, H_2 = \begin{vmatrix} a_1 & a_3 \\ a_0 & a_2 \end{vmatrix}, H_3 = \begin{vmatrix} a_1 & a_3 & a_5 \\ a_0 & a_2 & a_4 \\ 0 & a_1 & a_3 \end{vmatrix}, H_4 = \begin{vmatrix} a_1 & a_3 & a_5 & 0 \\ a_0 & a_2 & a_4 & 0 \\ 0 & a_1 & a_3 & a_5 \\ 0 & a_0 & a_2 & a_4 \end{vmatrix} \text{ et,}$$

$$H_5 = \begin{vmatrix} a_1 & a_3 & a_5 & 0 & 0 \\ a_0 & a_2 & a_4 & 0 & 0 \\ 0 & a_1 & a_3 & a_5 & 0 \\ 0 & a_0 & a_2 & a_4 & 0 \\ 0 & 0 & a_1 & a_3 & a_5 \end{vmatrix} = |H|.$$

On a,

$$H_1 = a_1 = (a + b + c + \mu_h + \mu_v),$$

$$H_2 = \begin{vmatrix} a_1 & a_3 \\ a_0 & a_2 \end{vmatrix} = a_1 a_2 - a_0 a_3,$$

$$H_3 = \begin{vmatrix} a_1 & a_3 & a_5 \\ a_0 & a_2 & a_4 \\ 0 & a_1 & a_3 \end{vmatrix} = -a_4 a_1^2 + a_2 a_1 a_3 + a_0 a_5 a_1 - a_0 a_3^2,$$

$$H_4 = \begin{vmatrix} a_1 & a_3 & a_5 & 0 \\ a_0 & a_2 & a_4 & 0 \\ 0 & a_1 & a_3 & a_5 \\ 0 & a_0 & a_2 & a_4 \end{vmatrix} = -a_0^2 a_5^2 + 2a_0 a_1 a_4 a_5 + a_0 a_2 a_3 a_5 - a_0 a_3^2 a_4 - a_1^2 a_4^2 - a_1 a_2^2 a_5 + a_1 a_2 a_3 a_4,$$

et,

$$H_5 = \begin{vmatrix} a_1 & a_3 & a_5 & 0 & 0 \\ a_0 & a_2 & a_4 & 0 & 0 \\ 0 & a_1 & a_3 & a_5 & 0 \\ 0 & a_0 & a_2 & a_4 & 0 \\ 0 & 0 & a_1 & a_3 & a_5 \end{vmatrix} = -a_0^2 a_5^3 + 2a_0 a_1 a_4 a_5^2 + a_0 a_2 a_3 a_5^2 - a_0 a_3^2 a_4 a_5 - a_1^2 a_4^2 a_5 - a_1 a_2^2 a_5^2 + a_1 a_2 a_3 a_4 a_5.$$

D'après le critère de Routh Hurwitz, il est nécessaire de vérifier que H_1, H_2, H_3, H_4 et H_5 sont positifs.

Il est clair que,

$$H_1 = a_1 = (a + b + c + \mu_h + \mu_v) > 0.$$

Il reste à montrer que H_2, H_3, H_4 et H_5 sont également positifs.

1. Positivité de H_2 ,

on a,

$$\begin{aligned} H_2 &= a_1 a_2 - a_0 a_3 \\ &= a^2 b + a^2 c + a^2 \mu_h + a^2 \mu_v + ab^2 + 2abc + 2ab\mu_h + 2ab\mu_v + ac^2 + 2ac\mu_h + 2ac\mu_v \\ &\quad + 2bca\mu_h^2 + 2a\mu_h\mu_v + a\mu_v^2 + b^2 c + b^2 \mu_h + b^2 \mu_v + bc^2 + \mu_h + 2bc\mu_v + b\mu_h^2 + 2b\mu_h\mu_v \\ &\quad + b\mu_v^2 + c^2 \mu_h + c^2 \mu_v + c\mu_h^2 + 2c\mu_h\mu_v + c\mu_v^2 + \mu_h^2 \mu_v + \mu_h \mu_v^2, \end{aligned}$$

d'après les calculs, il est évident que H_2 est positif.

2. Positivité de H_3 ,

on a,

$$\begin{aligned}
 H_3 &= -a_4 a_1^2 + a_2 a_1 a_3 + a_0 a_5 a_1 - a_0 a_3^2 \\
 &= R_0^2 a^3 b c \mu_\nu + 2R_0^2 a^2 b^2 c \mu_\nu + 2R_0^2 a^2 b c^2 \mu_\nu + R_0^2 a^2 b c \mu_h \mu_\nu + 2R_0^2 a^2 b c \mu_\nu^2 + R_0^2 a b^3 c \mu_\nu \\
 &\quad + 2R_0^2 a b^2 c^2 \mu_\nu + R_0^2 a b^2 c \mu_h \mu_\nu + 2R_0^2 a b^2 c \mu_\nu^2 + R_0^2 a b c^3 \mu_\nu + R_0^2 a b c^2 \mu_h \mu_\nu + 2R_0^2 a b c^2 \mu_\nu^2 \\
 &\quad + R_0^2 a b c \mu_h \mu_\nu^2 + R_0^2 a b c \mu_\nu^3 + a^3 b^2 c + a^3 b^2 \mu_h + a^3 b^2 \mu_\nu + a^3 b c^2 + 2a^3 b c \mu_h + 2a^3 b c \mu_\nu \\
 &\quad + a^3 b \mu^2 + 2a^3 b \mu_h \mu_\nu + a^3 b \mu_\nu^2 + a^3 c^2 \mu_h + a^3 c^2 \mu_\nu + a^3 c \mu_h^2 + 2a^3 c \mu_h \mu_\nu + a^3 c \mu_\nu^2 \\
 &\quad + a^3 \mu_h^2 \mu_\nu + a^3 \mu_h \mu_\nu^2 + a^2 b^3 c + a^2 b^3 \mu_h + a^2 b^3 \mu_\nu + 2a^2 b^2 c^2 + 4a^2 b^2 c \mu_h + 4a^2 b^2 c \mu_\nu \\
 &\quad + 2a^2 b^2 \mu_h^2 + 4a^2 b^2 \mu_h \mu_\nu + 2a^2 b^2 \mu_\nu^2 + a^2 b c^3 + 4a^2 b c^2 \mu_h + 4a^2 b c^2 \mu_\nu + 4a^2 b c \mu_h^2 + 8a^2 b c \mu_h \mu_\nu \\
 &\quad + 4a^2 b c \mu_\nu^2 + a^2 b \mu_h^3 + 4a^2 b \mu_h^2 \mu_\nu + 4a^2 b \mu_h \mu_\nu^2 + a^2 b \mu_\nu^3 + a^2 c^3 \mu_h + a^2 c^3 \mu_\nu + 2a^2 c^2 \mu_h^2 \\
 &\quad + 4a^2 c^2 \mu_h \mu_\nu + 2a^2 c^2 \mu_\nu^2 + a^2 c \mu_h^3 + 4a^2 c \mu_h^2 \mu_\nu + 4a^2 c \mu_h \mu_\nu^2 + a^2 c \mu_\nu^3 + a^2 \mu_h^3 \mu_\nu + 2a^2 \mu_h^2 \mu_\nu^2 \\
 &\quad + a^2 \mu_h \mu_\nu^3 + a b^3 c^2 + 2a b^3 c \mu_h + 2a b^3 c \mu_\nu + a b^3 \mu_h^2 + 2a b^3 \mu_h \mu_\nu + a b^3 \mu_\nu^2 + a b^2 c^3 + 4a b^2 c^2 \mu_h \\
 &\quad + 4a b^2 c^2 \mu_\nu + 4a b^2 c \mu_h^2 + 8a b^2 c \mu_h \mu_\nu + 4a b^2 c \mu_\nu^2 + a b^2 \mu_h^3 + 4a b^2 \mu_h^2 \mu_\nu + 4a b^2 \mu_h \mu_\nu^2 + a b^2 \mu_\nu^3 \\
 &\quad + 2a b c^3 \mu_h + 2a b c^3 \mu_\nu + 4a b c^2 \mu_h^2 + 8a b c^2 \mu_h \mu_\nu + 4a b c^2 \mu_\nu^2 + 2a b c \mu_h^3 + 8a b c \mu_h^2 \mu_\nu + 8a b c \mu_h \mu_\nu^2 \\
 &\quad + 2a b c \mu_\nu^3 + 2a b \mu_h^3 \mu_\nu + 4a b \mu_h^2 \mu_\nu^2 + 2a b \mu_h \mu_\nu^3 + a c^3 \mu_h^2 + 2a c^3 \mu_h \mu_\nu + a c^3 \mu_\nu^2 + a c^2 \mu_h^3 \\
 &\quad + 4a c^2 \mu_h^2 \mu_\nu + 4a c^2 \mu_h \mu_\nu^2 + a c^2 \mu_\nu^3 + 2a c \mu_h^3 \mu_\nu + 4a c \mu_h^2 \mu_\nu^2 + 2a c \mu_h \mu_\nu^3 + a \mu_h^3 \mu_\nu^2 + a \mu_h^2 \mu_\nu^3 \\
 &\quad + b^3 c^2 \mu_h + b^3 c^2 \mu_\nu + b^3 c \mu_h^2 + 2b^3 c \mu_h \mu_\nu + b^3 c \mu_\nu^2 + b^3 \mu_h^2 \mu_\nu + b^3 \mu_h \mu_\nu^2 + b^2 c^3 \mu_h + b^2 c^3 \mu_\nu \\
 &\quad + 2b^2 c^2 \mu_h^2 + 4b^2 c^2 \mu_h \mu_\nu + 2b^2 c^2 \mu_\nu^2 + b^2 c \mu_h^3 + 4b^2 c \mu_h^2 \mu_\nu + 4b^2 c \mu_h \mu_\nu^2 + b^2 c \mu_\nu^3 + b^2 \mu_h^3 \mu_\nu \\
 &\quad + 2b^2 \mu_h^2 \mu_\nu^2 + b^2 \mu_h \mu_\nu^3 + b c^3 \mu_h^2 + 2b c^3 \mu_h \mu_\nu + b c^3 \mu_\nu^2 + b c^2 \mu_h^3 + 4b c^2 \mu_h^2 \mu_\nu + 4b c^2 \mu_h \mu_\nu^2 \\
 &\quad + b c^2 \mu_\nu^3 + 2b c \mu_h^3 \mu_\nu + 4b c \mu_h^2 \mu_\nu^2 + 2b c \mu_h \mu_\nu^3 + b \mu_h^3 \mu_\nu^2 + b \mu_h^2 \mu_\nu^3 + c^3 \mu_h^2 \mu_\nu + c^3 \mu_h \mu_\nu^2 \\
 &\quad + c^2 \mu_h^3 \mu_\nu + 2c^2 \mu_h^2 \mu_\nu^2 + c^2 \mu_h \mu_\nu^3 + c \mu_h^3 \mu_\nu^2 + c \mu_h^2 \mu_\nu^3,
 \end{aligned}$$

d'après les calculs, on peut conclure que H_3 est positif.

3. Positivité de H_4 ,

on a,

$$\begin{aligned}
 H_4 &= -a_0^2 a_5^2 + 2a_0 a_1 a_4 a_5 + a_0 a_2 a_3 a_5 - a_0 a_3^2 a_4 - a_1^2 a_4^2 - a_1 a_2^2 a_5 + a_1 a_2 a_3 a_4 \\
 &= (a \mu_h^3 + b \mu_h^3 + c \mu_h^3 + \mu_h^3 \mu_\nu + \mu_h^4 + a b \mu_h^2 + a c \mu_h^2 + b c \mu_h^2 + a \mu_h^2 \mu_\nu + b \mu_h^2 \mu_\nu + c \mu_h^2 \mu_\nu + a b c \mu_h \\
 &\quad + a b \mu_h \mu_\nu + a c \mu_h \mu_\nu + b c \mu_h \mu_\nu + a b c \mu_\nu (1 - R_0^2)) (R_0^2 a^3 b c \mu_\nu + 2R_0^2 a^2 b^2 c \mu_\nu + 2R_0^2 a^2 b c^2 \mu_\nu \\
 &\quad + 2R_0^2 a^2 b c \mu_\nu^2 + R_0^2 a b^3 c \mu_\nu + 2R_0^2 a b^2 c^2 \mu_\nu + 2R_0^2 a b^2 c \mu_\nu^2 + R_0^2 a b c^3 \mu_\nu + 2R_0^2 a b c^2 \mu_\nu^2 + R_0^2 a b c \mu_\nu^3 \\
 &\quad + a^3 b^2 c + a^3 b^2 \mu_\nu + a^3 b c^2 + 2a^3 b c \mu_\nu + a^3 b \mu_\nu^2 + a^3 c^2 \mu_\nu + a^3 c \mu_\nu^2 + a^2 b^3 c + a^2 b^3 \mu_\nu + 2a^2 b^2 c^2 \\
 &\quad + 4a^2 b^2 c \mu_\nu + 2a^2 b^2 \mu_h^2 + a^2 b c^3 + 4a^2 b c^2 \mu_\nu + 4a^2 b c \mu_\nu^2 + a^2 b \mu_\nu^3 + a^2 c^3 \mu_\nu + 2a^2 c^2 \mu_\nu^2 + a^2 c \mu_\nu^3 \\
 &\quad + a b^3 c^2 + 2a b^3 c \mu_\nu + a b^3 \mu_\nu^2 + a b^2 c^3 + 4a b^2 c^2 \mu_\nu + 4a b^2 c \mu_\nu^2 + a b^2 \mu_\nu^3 + 2a b c^3 \mu_\nu + 4a b c^2 \mu_\nu^2 \\
 &\quad + 2a b c \mu_\nu^3 + a c^3 \mu_\nu^2 + a c^2 \mu_\nu^3 + b^3 c^2 \mu_\nu + b^3 c \mu_\nu^2 + b^2 c^3 \mu_\nu + 2b^2 c^2 \mu_\nu^2 + b^2 c \mu_\nu^3 + b c^3 \mu_\nu^2 + b c^2 \mu_\nu^3),
 \end{aligned}$$

alors, H_4 est positif lorsque $R_0 < 1$.

4. Positivité de H_5 ,

on a,

$$\begin{aligned}
 H_5 &= -a_0^2 a_5^3 + 2a_0 a_1 a_4 a_5^2 + a_0 a_2 a_3 a_5^2 - a_0 a_3^2 a_4 a_5 - a_1^2 a_4^2 a_5 - a_1 a_2^2 a_5^2 + a_1 a_2 a_3 a_4 a_5 \\
 &= a b c \mu_h \mu_\nu (1 - R_0^2) (a \mu_h^3 + b \mu_h^3 + c \mu_h^3 + \mu_h^3 \mu_\nu + \mu_h^4 + a b \mu_h^2 + a c \mu_h^2 + b c \mu_h^2 + a \mu_h^2 \mu_\nu \\
 &\quad + b \mu_h^2 \mu_\nu + c \mu_h^2 \mu_\nu + a b c \mu_h + a b \mu_h \mu_\nu + a c \mu_h \mu_\nu + b c \mu_h \mu_\nu + a b c \mu_\nu (1 - R_0^2)) (R_0^2 a^3 b c \mu_\nu \\
 &\quad + 2R_0^2 a^2 b^2 c \mu_\nu + 2R_0^2 a^2 b c^2 \mu_\nu + 2R_0^2 a^2 b c \mu_\nu^2 + R_0^2 a b^3 c \mu_\nu + 2R_0^2 a b^2 c^2 \mu_\nu + 2R_0^2 a b^2 c \mu_\nu^2 \\
 &\quad + R_0^2 a b c^3 \mu_\nu + 2R_0^2 a b c^2 \mu_\nu^2 + R_0^2 a b c \mu_\nu^3 + a^3 b^2 c + a^3 b^2 \mu_\nu + a^3 b c^2 + 2a^3 b c \mu_\nu + a^3 b \mu_\nu^2 \\
 &\quad + a^3 c^2 \mu_\nu + a^3 c \mu_\nu^2 + a^2 b^3 c + a^2 b^3 \mu_\nu + 2a^2 b^2 c^2 + 4a^2 b^2 c \mu_\nu + 2a^2 b^2 \mu_\nu^2 + a^2 b c^3 + 4a^2 b c^2 \mu_\nu \\
 &\quad + 4a^2 b c \mu_\nu^2 + a^2 b \mu_\nu^3 + a^2 c^3 \mu_\nu + 2a^2 c^2 \mu_\nu^2 + a^2 c \mu_\nu^3 + a b^3 c^2 + 2a b^3 c \mu_\nu + a b^3 \mu_\nu^2 + a b^2 c^3 \\
 &\quad + 4a b^2 c^2 \mu_\nu + 4a b^2 c \mu_\nu^2 + a b^2 \mu_\nu^3 + 2a b c^3 \mu_\nu + 4a b c^2 \mu_\nu^2 + 2a b c \mu_\nu^3 + a c^3 \mu_\nu^2 + a c^2 \mu_\nu^3 \\
 &\quad + b^3 c^2 \mu_\nu + b^3 c \mu_\nu^2 + b^2 c^3 \mu_\nu + 2b^2 c^2 \mu_\nu^2 + b^2 c \mu_\nu^3 + b c^3 \mu_\nu^2 + b c^2 \mu_\nu^3),
 \end{aligned}$$

les résultats obtenus permettent de conclure que lorsque $R_0 < 1$, H_5 est positif. Selon le critère de Routh-Hurwitz, cela implique que les racines du polynôme caractéristique $P(X)$ ont des parties réelles négatives. Ainsi, on peut conclure que la stabilité locale et asymptotique du point d'équilibre E_0 est assurée $R_0 < 1$.

Remarque

Etant donné la complexité de prouver analytiquement la stabilité du point d'équilibre endémique, on va plutôt démontrer cette stabilité de manière numérique.

Chapitre 4

Simulation Numérique

1 Introduction

La simulation numérique est un outil essentiel dans de nombreux domaines tels que la biologie, la physiologie, l'économie. Elle offre une observation précise des phénomènes complexes et permet de prédire des résultats concrets.

L'objectif de ce chapitre est de confirmer par des résultats numériques les hypothèses et les résultats mathématiques établis dans le chapitre 3 et d'étudier l'impact de la température sur la propagation du virus Zika par la réalisations de plusieurs simulations numériques à l'aide du solveur *ode45* du logiciel MATLAB. En raison de la forte propagation du virus Zika au Brésil, nos études se basent sur les données brésiliennes.

2 Stabilité numérique

Les paramètres du modèle se divisent en deux groupes distincts : les paramètres fixes qui sont présentés dans le tableau ci-dessous :

Paramètre	α_h	α_v	μ_h	μ_v	γ_h
Valeur	0.0833	0.2	3.8587×10^{-4}	0.0333	0.2

TABLEAU 4.1 – Les paramètres fixes [6].

Les conditions initiales sont les suivantes : $\mathbf{S}_h = 0.9, \mathbf{E}_h = 0, \mathbf{I}_h = 0.1, \mathbf{R}_h = 0, \mathbf{S}_v = 0.88, \mathbf{E}_v = 0$ et $\mathbf{I}_v = 0.12$. Pour les paramètres variables, qui varient en fonction de la température dans les différents cas mentionnés par la suite.

2.1 Stabilité du point d'équilibre sans maladie E_{sm}

La condition de stabilité du premier point d'équilibre E_{sm} est vérifiée par les paramètres présentés dans le tableau suivant :

Démonstration

On commence par vérifier la stabilité du point E_{sm} en utilisant les paramètres indiqués dans le tableau (4.2). La matrice jacobienne du système au point E_{sm} est la suivante :

Paramètre	valeur
T	14°C
β_{vh}	0.1149
β_{hv}	0.1254
B	0.1550
λ_1	0.0178
λ_2	0.0194

TABLEAU 4.2 – Les paramètres qui assurent la stabilité de E_{sm} .

$$J(E_{sm}) = \begin{pmatrix} -0.0004 & 0 & 0 & 0 & -0.0178 \\ 0 & -0.0837 & 0 & 0 & 0.0178 \\ 0 & 0.0833 & -0.2004 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0.0194 & -0.2333 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0.2000 & -0.0333 \end{pmatrix},$$

avec,

$$E_{sm} = (1, 0, 0, 0, 0),$$

Les valeurs propres de $J(E_{sm})$ sont :

$$\left\{ \begin{array}{l} X_1 = -0.0004, \\ X_2 = -0.2381, \\ X_3 = -0.1922, \\ X_4 = -0.0901, \\ X_5 = -0.0302. \end{array} \right.$$

De plus, le taux de reproduction de base pour ces données vaut 0.2103 ce qui est inférieur strictement à 1 et qui confirme la stabilité asymptotique locale de l'équilibre E_{sm} . La convergence du système vers l'équilibre sans maladie est représentées dans les figures (4.1) et (4.2).

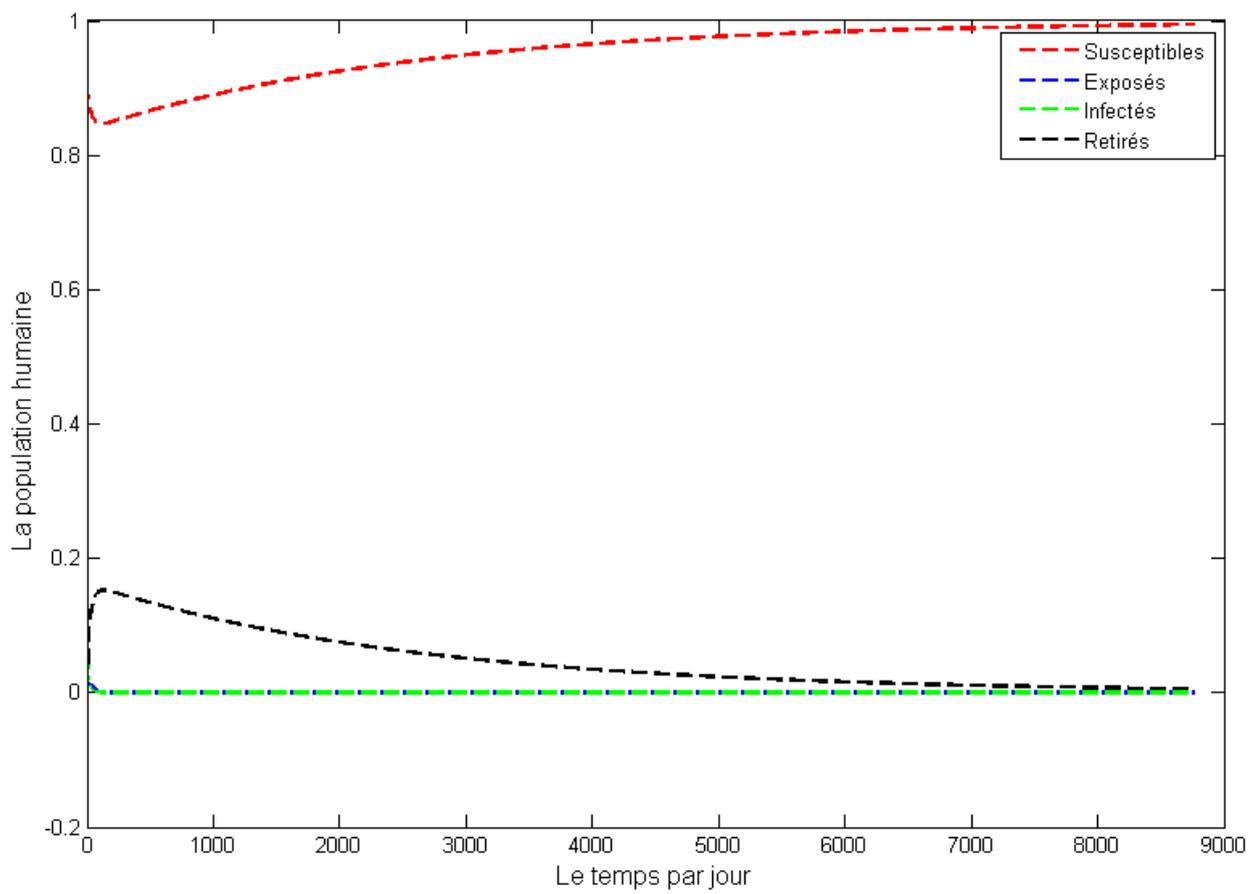


FIGURE 4.1 – Évolution des sous-populations humaines.

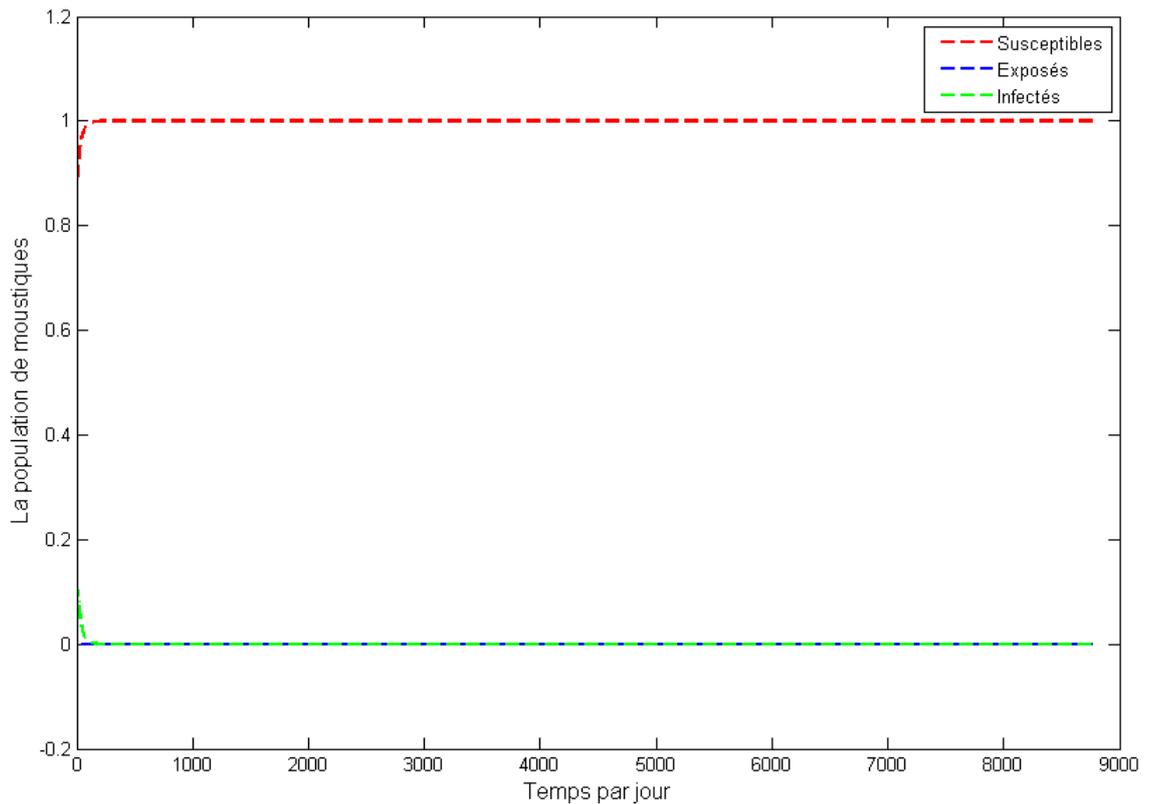


FIGURE 4.2 – Évolution des sous-populations de moustiques.

Discussion

Dans cette partie, les résultats de la simulation obtenus montrent clairement comment les sous-populations changent lorsque la température du milieu est maintenue à 14 degrés au cours du temps pour $R_0 = 0.2103$.

Dans la figure (4.1), on remarque de manière évidente une augmentation significative du nombre de personnes susceptibles d’être infectées, tandis que le nombre d’individus infectés diminue de façon remarquable. Les personnes infectées se rétablissent progressivement et deviennent des personnes guéries. On peut observer que la maladie sera éradiquée après 200 jours. Dans la figure (4.2), on remarque que la population des moustiques susceptibles augmente tandis que la population des moustiques infectés diminue.

2.2 Stabilité du point d’équilibre avec maladie E_{am}

En considérant les paramètres présentés dans le tableau (4.3), les conditions d’existence et de stabilité du point endémique E_{am} sont garanties.

Démonstration

Pour évaluer la stabilité du point E_{am} en utilisant les paramètres du tableau 4.3. On commence par vérifier la condition d’existence, ce qui conduit à $R_0 = 1.8858$. Ensuite, on déduit la matrice jacobienne du système au point E_{am} de la manière suivante :

Paramètre	valeur
T	24°C
β_{vh}	0.8428
β_{hv}	0.8459
B	0.1975
λ_1	0.1665
λ_2	0.1671

TABEAU 4.3 – Les paramètres qui assurent la stabilité de E_{am} .

$$J(E_{am}) = \begin{pmatrix} -0.0014 & 0 & 0 & 0 & -0.0471 \\ 0.0010 & -0.0837 & 0 & 0 & 0.0471 \\ 0 & 0.0833 & -0.2004 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0.1659 & -0.2335 & -0.0002 \\ 0 & 0 & 0 & 0.2000 & -0.0333 \end{pmatrix},$$

avec,

$$E_{am} = (0.2831, 0.0033, 0.0014, 0.0010, 0.0059),$$

d'après les calculs réalisés, les valeurs propres déduites pour la matrice $J(E_{am})$ sont :

$$\begin{cases} X_1 = -0.2730, \\ X_2 = -0.1390 + 0.0722i, \\ X_3 = -0.1390 - 0.0722i, \\ X_4 = -0.0006 + 0.0043i, \\ X_5 = -0.0006 - 0.0043i. \end{cases}$$

Les valeurs propres de la matrice $J(E_{am})$ ont une partie réelle négative, ce qui démontre la stabilité asymptotique locale du deuxième point d'équilibre E_{am} .

Les figures (4.3) et (4.4) montrent que toutes les sous-populations convergent vers le point endémique E_{am} .

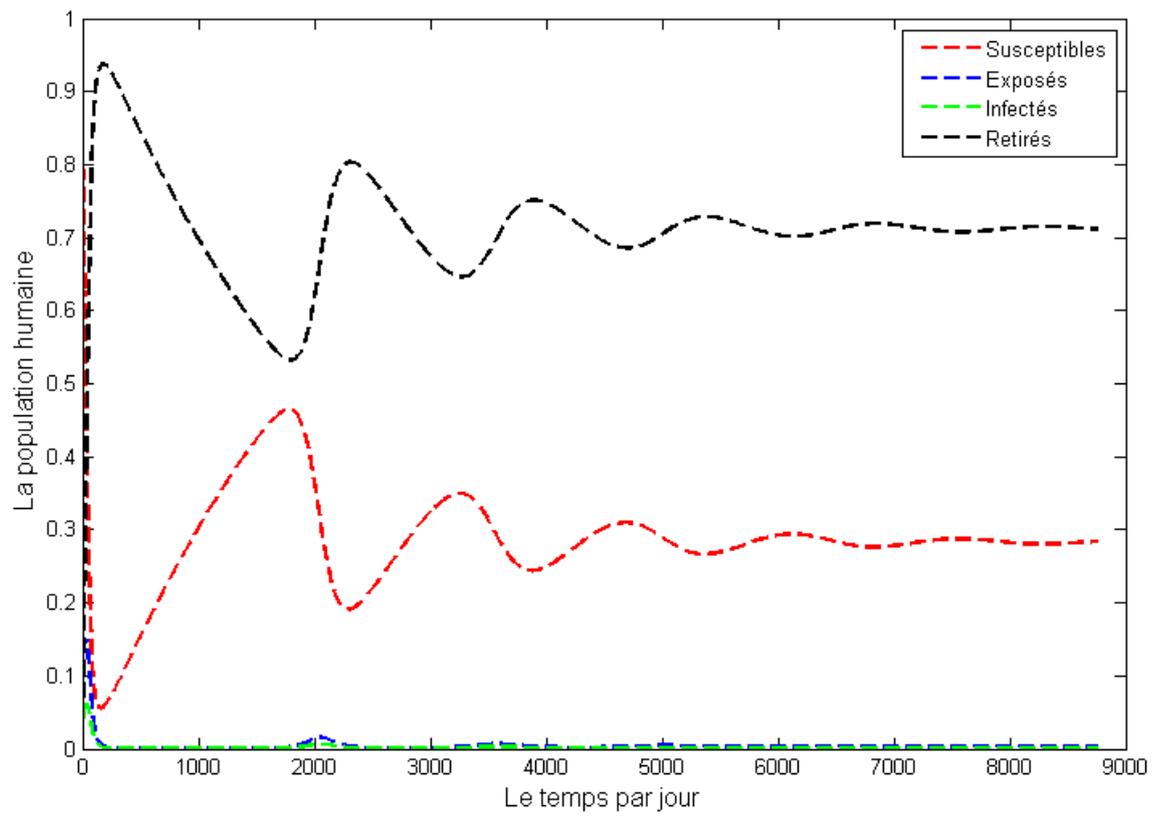


FIGURE 4.3 – Évolution des sous-populations humaines.

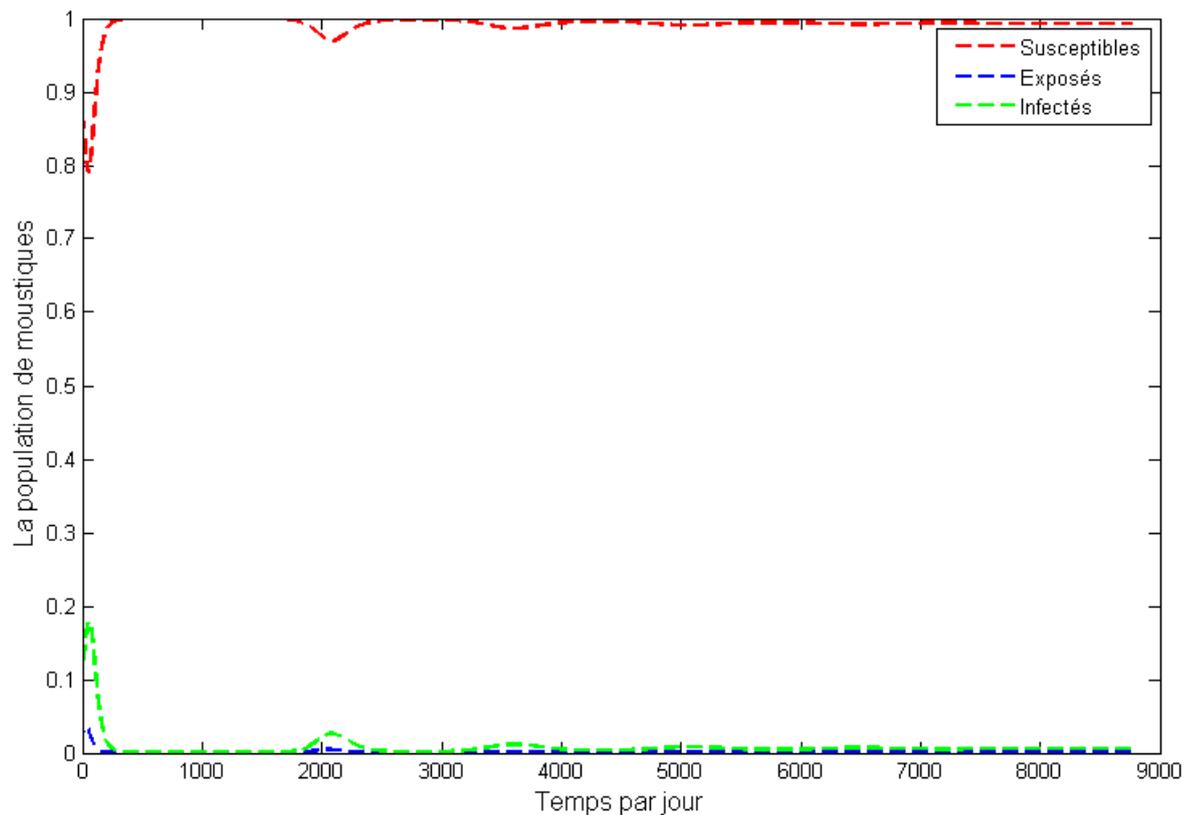


FIGURE 4.4 – Évolution des sous-populations de moustiques.

Discussion

Les figures (4.3) et (4.4) représentent les variations entre les différentes sous-populations lorsque la température du milieu atteint 30 degrés.

La figure (4.3) décrit l'évolution des populations humaines de sains, exposés, infectés et rétablis en fonction du temps et pour $R_0 = 1.8858$. On observe que à chaque période de 2000 jours, le nombre de susceptibles diminue puis augmente tandis que le nombre d'infectés diminue rapidement de manière significative jusqu'à atteindre un certain seuil. Ensuite, les personnes infectées guérissent et deviennent immunisées.

Il est clairement observable qu'après 8000 jours, toutes les sous-populations commencent à atteindre un état d'équilibre en présence de la maladie, ce qui témoigne de l'établissement durable et persistant de la maladie.

La figure (4.4) montre l'évolution des trois sous-populations de moustiques en fonction du temps. On remarque que durant les premiers jours, les moustiques susceptibles connaissent une diminution puis une augmentation jusqu'à atteindre un état d'équilibre. Les moustiques infectés augmentent significativement puis une diminution et se stabilisent à un seuil constant après environ 8000 jours.

3 Effet de la température sur l'évolution de la maladie Zika

Dans cette section, on effectue des simulations numériques dans le but d'évaluer l'effet de la température sur la progression du Zika.

Discussion

Les figures (4.6) et (4.5) présentent respectivement l'évolution de la population des humains et des moustiques infectés pour différentes valeurs de la température de l'environnement, notée T . Lorsque la température est égale à 24 ou 30 degrés, cela indique une forte probabilité de transmission du virus à l'homme par les piqûres de moustiques. Cela explique le nombre élevé d'êtres humains infectés dans la figure (4.6) et confirme les résultats obtenus par l'expérimentation dans le travail [21].

Maintenant, pour des températures $T=14\text{ °C}$ et $T=35\text{ °C}$, on constate une diminution efficace du nombre de moustiques infectés jusqu'à atteindre un niveau critique, ce qui pourrait potentiellement conduire à la disparition progressive de la population des infectés. Cette diminution entraîne ensuite une réduction du nombre de personnes infectées. Cependant, dans les environnements chauds ou froids, la transmission de la maladie est rare ce qui confirme les résultats réalisés par [21].

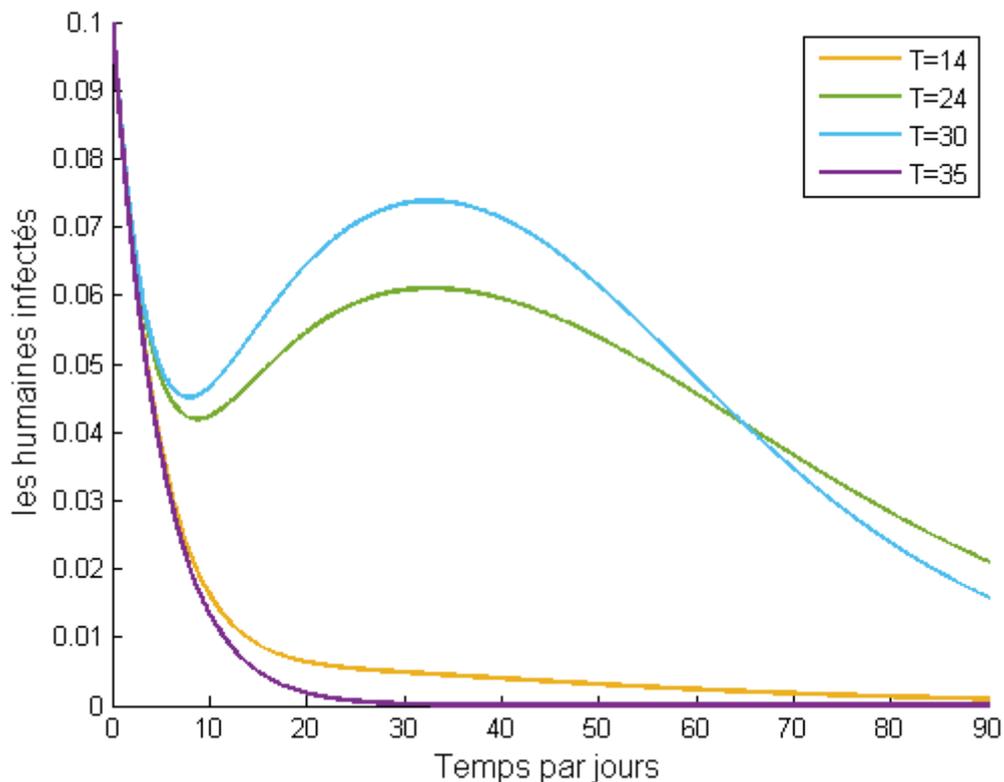


FIGURE 4.5 – L'évolution de la population des humains infectés.

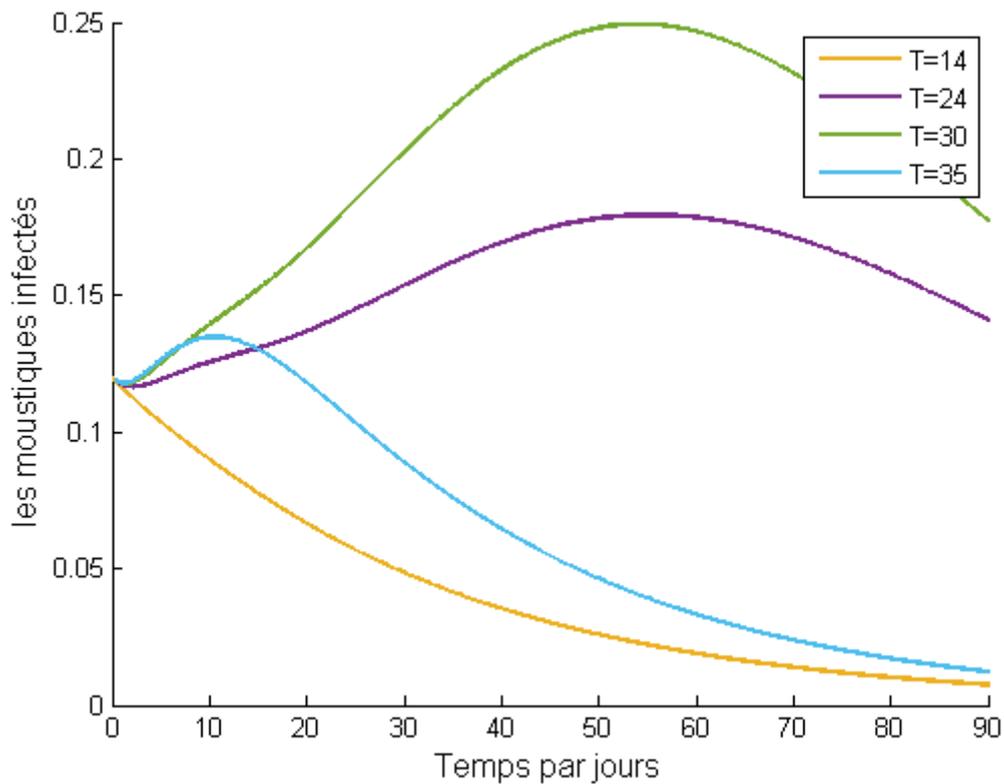


FIGURE 4.6 – L'évolution de la population de moustiques infectés.

4 Analyse de sensibilité

Dans cette section, on étudie l'analyse de sensibilité du nombre de reproduction de base R_0 en termes de reconnaissance de l'influence de chaque paramètre du modèle sur la transmission de la maladie. Afin d'acquérir une information d'une telle importance, l'indice de sensibilité de R_0 est déterminé par rapport à chaque paramètre $p \in \{\mu_h, B, \beta_{vh}, \alpha_h, \gamma_h, \mu_v, \beta_{hv}, \alpha_v\}$. Ces derniers indices nous permettent de mesurer la variation relative de R_0 lorsqu'un paramètre change. Notons par $\psi_p^{R_0}$ l'indice de sensibilité normalisé d'un paramètre p qui est défini comme suit [23] :

$$\psi_p^{R_0} = \frac{p}{R_0} \frac{\partial R_0}{\partial p}.$$

On rappelle que le taux de reproduction de base est donné par :

$$R_0 = \sqrt{\frac{\lambda_1 \lambda_2 \alpha_h \alpha_v}{\mu_v (\alpha_h + \mu_h) (\alpha_v + \mu_v) (\gamma_h + \mu_h)}},$$

avec,

$$\lambda_1 = \beta_{vh} B, \lambda_2 = \beta_{hv} B.$$

Les valeurs des indices de sensibilité estimés pour R_0 sont présentées dans le tableau (4.4).

Paramètre	Expression de l'indice de sensibilité	Indice de sensibilité
α_h	$\frac{\mu_h}{2(\alpha_h + \mu_h)}$	0.0023
α_v	$\frac{\mu_v}{2(\alpha_v + \mu_v)}$	0.0714
β_{hv}	0.5	0.5
β_{vh}	0.5	0.5
γ_h	$\frac{-\gamma_h}{2(\gamma_h + \mu_h)}$	-0.4990
B	1	1
μ_h	$\frac{-\mu_h(\alpha_h + \gamma_h + 2\mu_h)}{2(\alpha_h + \mu_h)(\gamma_h + \mu_h)}$	-0.0033
μ_v	$-\frac{\alpha_v + 2\mu_v}{2(\alpha_v + \mu_v)}$	-0.5714

TABLEAU 4.4 – Analyse de sensibilité de R_0 .

Selon les résultats obtenus dans le tableau (4.4), il est évident que les paramètres peuvent être classés en deux groupes différents en fonction de leur impact, les paramètres qui ont un impact positif et les paramètres qui ont un impact négatif.

Les paramètres α_h , α_v , β_{vh} , β_{hv} et B ont un impact positif sur R_0 , une perturbation de ces derniers paramètres implique la croissance de R_0 . On peut constater que, l'augmentation de β_{vh} de 10% augmente la valeur de R_0 de 5% alors que la diminution de B de 10% entraîneraient une diminution de R_0 de 10% ce qui signifie que le taux moyen de piqûres de moustiques sur les humains est le paramètre le plus influent.

Les paramètres qui ont une influence négative sont γ_h , μ_h et μ_v . Cela signifie qu'en augmentant le taux de mortalité des moustiques μ_v de 10%, on observerait une diminution de 5.714% de R_0 . Ainsi, il est donc important de prendre en compte ces paramètres lors de l'analyse de sensibilité afin de comprendre leur impact sur la propagation de l'épidémie et de pouvoir mettre en place des mesures de contrôle.

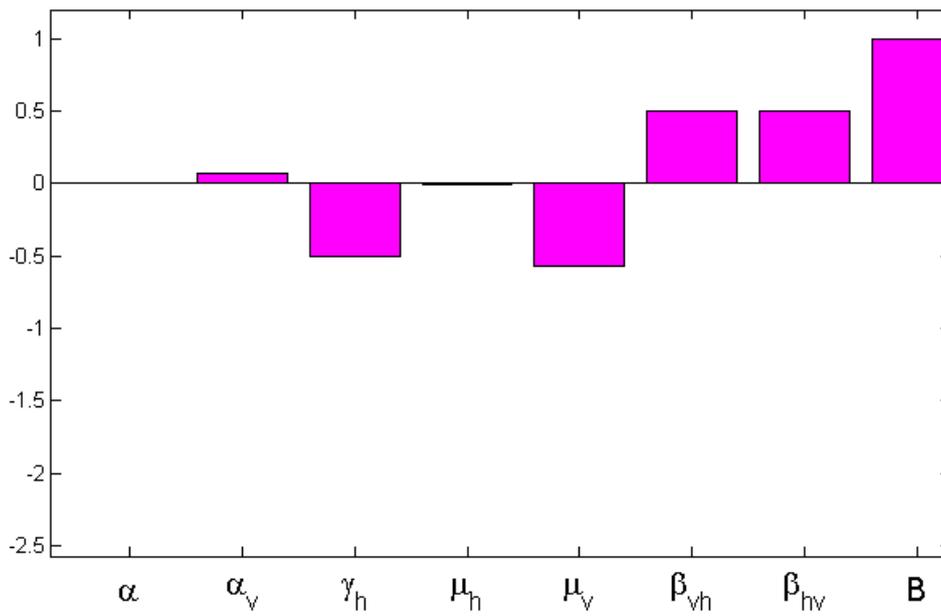


FIGURE 4.7 – Les indices de sensibilité normalisés à l'aide d'un histogramme.

4.1 Conclusion

En conclusion, la température a un effet significatif sur la maladie Zika, influençant la proportion de moustiques infectés ainsi que la propagation de l'infection. La compréhension de la propagation des virus est essentielle pour développer des mesures de prévention et de contrôle appropriées.

Conclusion

Dans ce mémoire, une modélisation mathématique est menée afin d'analyser l'impact de la température sur l'évolution de la maladie Zika. Une analyse mathématique approfondie a été réalisée, comprenant plusieurs aspects. Tout d'abord, l'existence et l'unicité de la solution ont été étudiées. Ensuite, le taux de reproduction R_0 a été calculé pour vérifier la stabilité du point d'équilibre sans maladie.

Dans le cadre de cette étude visant à valider les résultats théoriques, on a effectué des simulations numériques en utilisant le solveur ode45 de Matlab. Ces simulations nous ont permis d'analyser la stabilité des points d'équilibre et d'étudier l'effet de la température sur la propagation de cette maladie. Une analyse de sensibilité du nombre de reproduction de base R_0 a été réalisée afin d'étudier l'influence de chaque paramètre du modèle sur la transmission de la maladie.

Ce travail permet de voir les choses sous un nouvel angle et offre de nouvelles perspectives :

- Selon notre recherche sur cette maladie, il est établi que la majorité des personnes infectées ne présentent pas de symptômes. Par conséquent, il est essentiel de mener une étude mathématique afin de mieux comprendre cette situation.
- Réaliser des recherches pour diagnostiquer l'infection de manière précise, ce qui facilite un traitement précoce et la recherche de vaccins.

Annexe

5 Annexe A

Le critère de Routh Hurwitz est un outil efficace utilisé pour évaluer la stabilité d'un système dynamique en analysant les coefficients du polynôme caractéristique, ce critère permet d'obtenir la stabilité sans avoir à calculer explicitement les valeurs propres.

Le critère de Routh Hurwitz

Soit le polynôme caractéristique d'une matrice A :

$$P(X) = a_0X^n + a_1X^{n-1} + a_2X^{n-2} + \dots + a_n, \text{ où } a_i \in \mathbb{R}, \forall i = 1, \dots, n.$$

La condition nécessaire et suffisante pour que les parties réelles des valeurs propres X_i soient négatives est que tous les mineurs principaux H_k de la matrice de Hurwitz H soient strictement positifs, où $k = 1, \dots, n$ [15],

$$H = \begin{pmatrix} a_1 & a_3 & a_5 & a_7 & \dots & 0 \\ a_0 & a_2 & a_4 & a_6 & \dots & 0 \\ 0 & a_1 & a_3 & a_5 & \dots & 0 \\ 0 & a_0 & a_2 & a_4 & \dots & 0 \\ \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & 0 \\ 0 & \dots & \dots & \dots & \dots & a_n \end{pmatrix},$$

et,

$$H_1 = a_1, H_2 = \begin{vmatrix} a_1 & a_3 \\ a_0 & a_2 \end{vmatrix}, H_3 = \begin{vmatrix} a_1 & a_3 & a_5 \\ a_0 & a_2 & a_4 \\ 0 & a_1 & a_3 \end{vmatrix}, \dots, H_n = \det(H).$$

6 Annexe B

Le taux de reproduction de base R_0

Dans ce paragraphe, on va considérer la définition du R_0 suivant l'article de J. Watmough [22]. On constate un système épidémiologique comportant n classes. Le vecteur x représente l'état du système où x_i est le nombre d'individus dans le i^{eme} compartiment. On suppose que les m premières classes correspondent à des états infectés. Soit $F_i(x)$ la vitesse d'apparition des infectieux dans le compartiment i i.e. ce qui provient des autres compartiments et entre en x_i suite à une infection, $V_i^+(x)$ la vitesse de transfert des individus dans le compartiments i par tout autre moyen et $V_i^-(x)$ la vitesse de transfert hors du compartiment i . On a donc

$$\dot{x}_i = F_i(x) + V_i^+(x) - V_i^-(x).$$

On suppose que les fonctions F, V^+ et V^- sont au moins de classe C^1 . L'ensemble des états sans maladie est noté par X_s et donné par

$$X_s = \{x : x_1 = x_2 = \dots = x_m = 0\}.$$

On dit qu'un équilibre est un point sans maladie si $x_0 \in X_s$.

Les fonctions F, V^+ et V^- doivent vérifiées les propriétés suivantes :

1. $x \geq 0, F_i(x) \geq 0, V_i^+(x) \geq 0, V_i^-(x) \geq 0$.
2. Si $x_i = 0$ alors $V_i^-(x) = 0$. Cela signifie qu'il n'y a rien pour sortir d'un compartiment vide.
3. Si $i > m$ alors $F_i(x) = 0$. Cela veut dire qu'il ne rentre pas des infectés dans les compartiments des non infectés.
4. Si $x_0 \in X_s$ i.e. x_0 est un état sans maladie alors $F_i(x_0) = 0$ et pour $i < m$ $V_i^+(x_0) = 0$.

$$R_0 = \rho(FV^{-1}),$$

avec,

$$F = \left[\frac{\partial F_i}{\partial X_j}(x_0) \right], \text{ et } V = \left[\frac{\partial V_i}{\partial X_j}(x_0) \right], 1 \leq i, j \leq m.$$

Où,

$$V_i(x) = V_i^+(x) - V_i^-(x).$$

Bibliographie

- [1] **Ali. A., et al.** (2021), *Dynamics of a fractional order Zika virus model with mutant*, Alexandria Engineering Journal, **61**, **6**, 4821 – 4836. doi : [10.1016/j.aej.2021.10.031](https://doi.org/10.1016/j.aej.2021.10.031) **1, 2, 19, 21**
- [2] **Boyer. S., et al.** (2018), *An overview of mosquito vectors of Zika virus*, Microbes and infection, **20**, 11 – 12. doi : [10.1016/j.micinf.2018.01.006](https://doi.org/10.1016/j.micinf.2018.01.006)
- [3] **Boret. S. E. B., Escalante. R., et Villasana. M.** (2017), *Mathematical modelling of zika virus in Brazil*, arXiv preprint arXiv :1708.01280, 1 – 27.
- [4] **Biswas. S. K., Ghosh. U., et Sarkar. S.** (2020), *Mathematical model of zika virus dynamics with vector control and sensitivity analysis*, Infectious Disease Modelling, **5**, 23 – 41. doi : [10.1016/j.idm.2019.12.001](https://doi.org/10.1016/j.idm.2019.12.001) **v, 5, 6**
1, 2, 13, 14, 15, 16, 21
- [5] **Dahiya. N., et al.** (2023), *ZIKV : Epidemiology, infection mechanism and current therapeutics*, Frontiers in Tropical Diseases , **3**, 127. doi : [10.3389/fitd.2022.1059283](https://doi.org/10.3389/fitd.2022.1059283) **1, 2, 16, 17, 21**
1, 2, 4, 5, 7, 11
- [6] **Hamou Maamar. M., et al.** (2020), *Stability and numerical study of theoretical model of Zika virus transmission*, International Journal of Mathematical Modelling and Numerical Optimisation, **40**, **2**, 1 – 26. **v, 22, 23, 35**
- [7] **Javed. F., et al.** (2017), *Zika virus : what we need to know ?*, Journal of Basic Microbiology, **58**, **1**, 3 – 16. doi : [10.1002/jobm.201700398](https://doi.org/10.1002/jobm.201700398) **2, 4, 7**
- [8] **Kumar. S., et al.** (2023), *Modelling the effect of environmental pollution on Zika outbreak : A case study of Brazil*, Discrete and Continuous Dynamical Systems-S, 1 – 27. doi : [10.3934/dcdss.2023048](https://doi.org/10.3934/dcdss.2023048)
- [9] **Karkhah. A., et al.** (2018), *Zika virus : epidemiology, clinical aspects, diagnosis, and control of infection*, European Journal of Clinical Microbiology and Infectious Diseases, , 2043 – 2053. doi : [10.1007/s10096-018-3354-z](https://doi.org/10.1007/s10096-018-3354-z) **2, 11**
- [10] **MacNamara. F. N.** (1954), *Zika virus :a report on three cases of human infection during an epidemic of jaundice in Nigeria*, Transactions of the royal Society of tropical medicine and hygiene, **48**, **2**, 139 – 145. doi : [10.1016/0035-9203\(54\)90006-1](https://doi.org/10.1016/0035-9203(54)90006-1)
- [11] **Ngonghala. C. N., et al.** (2021), *Effects of changes in temperature on Zika dynamics and control*, Journal of the Royal Society Interface, **18**, **178**, 1 – 12. doi : [10.1098/rsif.2021.0165](https://doi.org/10.1098/rsif.2021.0165) **1, 2, 9, 17, 18, 19, 21**
- [12] **Prasad. R., Kumar. K., et Dohare. R.** (2022), *Caputo fractional order derivative model of Zika virus transmission dynamics*, Journal of Mathematics and Computer Science, **28**, **2**, 145 – 158. doi : [10.1016/j.aej.2021.10.031](https://doi.org/10.1016/j.aej.2021.10.031) **2, 20, 21**
- [13] **Pergolizzi. J., et al.** (2021), *The zika virus : Lurking behind the COVID-19 pandemic ?*, Journal of Clinical Pharmacy and Therapeutics, **46**, **2**, 267 – 276. doi : [10.1111/jcpt.13310](https://doi.org/10.1111/jcpt.13310) **4, 8, 11**
- [14] **Pattnaik. A., et al.** (2020), *Current Status of Zika Virus Vaccines : Successes and Challenges*, Vaccines, **8**, 266. doi : [10.3390/vaccines8020266](https://doi.org/10.3390/vaccines8020266) **2, 11**
- [15] **Pfeiffer. F. and Schindler. T.** (2015), *Introduction to dynamics*, Springer, **47**

- [16] **Rather. I. A., et al.** (2017), *Zika virus : An emerging worldwide threat*, *Frontiers Microbiology*, **8**, 1417. doi : [10.3389/fmicb.2017.01417](https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.01417) **7**
- [17] **Russell. K., et al.** (2016), *Male to Female Sexual Transmission of Zika Virus United States, January April 2016* **64**, **2** 211 – 213. doi : [10.1093/cid/ciw692](https://doi.org/10.1093/cid/ciw692) **8**
- [18] **Sharma. A., et al.** (2017), *Zika virus : transmission, detection, control, and prevention*, *Frontiers Microbiology*, **8**, 110. doi : [10.3389/fmicb.2017.00110](https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.00110) **2, 8**
- [19] **Shailendra. K. S., et al.** (2016), *Zika virus outbreak : an overview of the experimental therapeutics and treatment*, *VirusDisease*, **27**, 111 – 115. doi : [10.1007/s13337-016-0307-y](https://doi.org/10.1007/s13337-016-0307-y) **7, 11**
- [20] **Sharma. V.** (2020), *Y, Kaushik S, Kaushik S, Zika virus : an emerging challenge to public health worldwide*, **66**, 87 – 98. doi : [10.1139/cjm-2019-0331](https://doi.org/10.1139/cjm-2019-0331) **2, 4**
- [21] **Tesla. B., et al.** (2018), *Temperature drives Zika virus transmission : evidence from empirical and mathematical models*, *Proceedings of the Royal Society B*, **285**, **1884**, 1 – 9. doi : [/10.1098/rspb.2018.0795](https://doi.org/10.1098/rspb.2018.0795) **1, 9, 10, 42**
- [22] **Van. d. D. P., Watmough. James.** (2002), *Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission*, *Mathematical biosciences*, **180**, **1-2**, 29 – 48. **27, 28, 48**
- [23] **Zi Z.** (2011), *Sensitivity analysis approaches applied to systems biology models*, *IET systems biology*, 5(6).doi : [10.1049/iet-syb.2011.0015](https://doi.org/10.1049/iet-syb.2011.0015) **43**

Etude de la dynamique de la transmission du Zika

Résumé : Dans le cadre de l'étude menée dans ce mémoire, une compréhension de la maladie Zika a été acquise et une modélisation mathématique de son évolution a été proposée, en tenant compte de l'effet de la température. Une analyse mathématique a été effectuée pour démontrer l'existence et l'unicité de la solution de notre système, et les taux de reproduction de base R_0 ont été calculés pour examiner l'existence et la stabilité des points d'équilibre. Enfin, une simulation numérique a été réalisée afin de valider nos résultats théoriques et d'étudier l'effet de la température sur la propagation du virus, en utilisant le solveur ode45 de Matlab.

Mots-Clés. Zika, modélisation mathématique, épidémiologie, simulation numérique, taux de reproduction de base R_0 .

Study of the dynamics of Zika transmission

Abstract : As part of the study conducted in this thesis, we have gained an understanding of the Zika virus and have proposed a mathematical modeling of its evolution, taking into account the effect of temperature. A mathematical analysis has been performed to demonstrate the existence and uniqueness of the solution to our system, and the basic reproduction numbers R_0 have been calculated to examine the existence and stability of equilibrium points. Finally, a numerical simulation has been carried out to validate our theoretical results and study the effect of temperature on the virus propagation, using the ode45 solver in Matlab.

Key Words. Zika, mathematical modeling, epidemiology, numerical simulation, basic reproduction number R_0 .

