

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



MÉMOIRE

Master Académique

pour obtenir le diplôme de Master délivré par

Université de Mostaganem

Spécialité “Modélisation, Contrôle et Optimisation”

présenté et soutenu publiquement par

KEDDAR MÉRIEM EL-BATOUL

Soutenu le 6 Juin 2021

Modélisation Mathématique et Simulation Numérique du Covid-19 par un Modèle Discret

Encadeur : **BELHAMITI OMAR (UNIVERSITÉ DE MOSTAGANEM, ALGÉRIE)**

Jury

M. Mezouaghi Abdelheq, MCB Président (Université de Chlef, Algérie)
M. Bouziane Mehdi, MAB Examineur (ENS de Mostaganem, Algérie)

**LABORATOIRE DE MATHÉMATIQUES PURES ET APPLIQUÉES
FACULTÉ DES SCIENCES EXACTES ET DE L'INFORMATIQUE (FSEI)
Chemin des Crêtes (Ex-INES), 27000 Mostaganem, Algérie**

**M
A
S
T
E
R**

Résumé

La pandémie du Covid-19 continue de représenter une grave menace pour la vie humaine, en mai 2021, plus de 169 millions de cas cumulés est signalé dans le monde ainsi que 3.5 millions de morts au total, la propagation mondiale est très rapide.

Étant donné que les données sont collectées à chaque 24h, il est pertinent de développer des modèles d'épidémie qui correspondent aux ces données. Dans ce mémoire, nous proposons un modèle mathématique discret pour prévoir l'évolution du Covid-19 en temps discret. En utilisant un système d'équations de type SEIR prenant en considération les infectés asymptomatiques, symptomatiques et hospitalisés. Nous calculons le nombre de reproduction de base R_0 , puis, les points d'équilibre et nous étudions leur stabilité. En fin, nous terminons par la simulation numérique, en simulant les scénarios qui représentent les mesures de protection non pharmaceutique, et la prise en charge.

Abstract

The Covid-19 pandemic continues to pose a serious threat to human life, with more than 169 million cumulative cases reported worldwide in May 2021. that 3.5 million deaths in total, the global spread is very rapid. Since data are collected every 24 hours, it is relevant to develop epidemic models that match these data. In this brief, We propose a discrete mathematical model to predict the evolution of Covid-19 in discrete time. Using a system of equations of type SEIR taking into consideration- asymptomatic, symptomatic and hospitalized infected persons. We calculate the number of basic reproduction R_0 , then, the balance points and we study their stability. Finally, we end with numerical simulation, simulating the scenarios that represent non-pharmaceutical protection measures, and management.

ملخص

لا تزال جائحة كورونا 2019 تمثل تهديدًا خطيرًا على حياة الإنسان، في مايو 2021، تم الإبلاغ عن أكثر من 169 مليون حالة في جميع أنحاء العالم بإضافة إلى 3.5 مليون حالة وفاة. انتشار وبائي سريع و مخيف للغاية في العالم. نظرًا لأنه يتم جمع البيانات كل 24 ساعة، فمن المناسب تطوير نماذج وبائية تتوافق مع هذه البيانات. في هذا الموجز، نقترح نموذجًا رياضيًا منفصلاً للتنبؤ بتطور كوفيد 19. باستخدام نظام من المعادلات من نوع SEIR مع الأخذ في الاعتبار المصابين بدون أعراض و المصابين في وجود الأعراض والمرضى في المستشفى. نحسب الرقم التكاثر الأساسي R_0 ثم نقاط التوازن وندرس استقرارها. في النهاية ننتهي بالمحاكاة العددية، نقوم بمحاكاة السيناريوهات التي تمثل تدابير وقائية غير صيدلانية، و السيناريوهات التي تمثل دعم و طريقة التعامل مع المرض من قبل السلطات.

Remerciements

Elhamdoulillah, merci à Allah pour sa bénédiction pendant toute la période de mes études.

Je tiens à exprimer toute ma gratitude envers mon encadreur Mr **BELHAMITI Omar** de m'avoir accompagné et m'orienté, merci infiniment pour tous vos efforts, votre disponibilité et vos précieux conseils, pour le temps que vous m'avez consacré avant et pendant ce mémoire; j'ai beaucoup appris avec vous.

Merci aux membres de jurés Mr **MEZOUAGHI Abdelheq** et Mr **BOUZIANE Mehdi** d'avoir accepté de juger ce modeste travail.

J'aimerai également remercier tous mes professeurs depuis le primaire jusqu'aux études universitaires pour leur attention, assistance et leur appui.

Merci à mes parents de m'avoir soutenu jusqu'au bout, et qui ont fait tout leur possible pour m'offrir les meilleures conditions pour réussir, à mes sœurs, mon frère, mes amies, et tous mes proches pour leur soutien moral.

Merci également à ma promotion de **master modélisation, contrôle et optimisation** un par un et spécialement BENKHETTAB Fatima Zohra.

Enfin, merci à tous ceux qui m'ont aidé de près ou de loin pendant ma carrière d'étudiante.

Dédicace

Je dédie ce travail,
À ma chère mère et à mon cher père,
qui me donnent tout ce qu'ils ont,
qui ont toujours été là pour moi,
qui m'ont encouragé et soutenu tout au long de mes études.
Aucune dédicace, aucun mot ne pourrait exprimer
mon amour et mon respect que j'ai pour eux.
Que Dieu les protège et les garde pour moi.
*À mes adorables sœurs Kawtar
et Firdaous et mon frère Mohemmed,*
qui m'ont donné leur amour, soutien, et leur affection.
Que Dieu leur accorde tout le bonheur,
les aide à réaliser leurs vœux,
et leur offre un avenir plein de succès.
À cher grand père,
à qui je souhaite une bonne santé.
*À mes grands mères
et mon grand père*
Que Dieu les garde dans son vaste paradis.
À mes oncles, mes tantes, mes cousins et mes cousines.
À tous ma famille paternelle et maternelle.
À ma chère amie Sabrina,
qui m'a toujours soutenue et encouragée,
en lui espérant plus de succès dans ses études.
À tous mes proches.

Table des matières

Remerciements	1
Dédicace	2
Introduction	7
1 La description de la maladie à coronavirus 2019	8
1 L'épidémiologie du Covid-19	9
1.1 Description du Covid-19	9
1.2 Les symptômes de cette maladie	10
1.3 Le mode de transmission	11
1.4 Les personnes à risques	11
1.5 Les méthodes de protection du Covid-19	13
1.6 Les traitements contre la COVID-19	13
1.7 Les vaccins contre la COVID-19	14
2 La modélisation mathématique du COVID-19	15
1 Les travaux de modélisation sur le covid-19	15
2 Description de notre modèle	21
3 Le taux de reproduction de base R_0	23
4 Les points d'équilibre	25
5 L'étude de la stabilité des points d'équilibres	27
3 Simulation numérique de notre modèle	35
1 Stabilité numérique des points d'équilibres	35
1.1 Le point d'équilibre sans maladie E_0	35
1.2 Le point d'équilibre endémique E_1	37
2 Simulation de quelques scénarios	38
2.1 L'influence de α	38
2.2 L'influence de la prise en charge	41
Conclusion	45
Annexe	46

Liste des figures

1.1	Prévalence du Covid-19 dans le monde en 20 mai 2021.	8
1.2	Risque de transmission du SARS-CoV-2 par des personnes infectés dans différentes situations. En vert : risque faible. En orange : risque modéré. En rouge : risque fort.	11
1.3	Le taux de mortalité par âge.	12
1.4	Influence de certaine maladies chroniques sur le taux de mortalité de la COVID-19.	12
1.5	Impact du port de masque sur le propagation du Covid-19.	13
2.1	Diagramme représentatif du modèle.	22
3.1	Stabilité du point sans maladie E_0 ($S_0 = 44,999,965$, $E_0 = 10$ (exposés), $I_0^a = 10$, $I_0^{s1} = 10$, $I_0^{s2} = 0$, $I_0^{H1} = 5$, $I_0^{H2} = 0$, $I_0^{H3} = 0$, $R_0 = 0$ (immunisé), et $D_0 = 0$ sont les conditions initiales).	36
3.2	Stabilité du point endémique E_1 ($S_0 = 44,999,965$, $E_0 = 10$ (exposés), $I_0^a = 10$, $I_0^{s1} = 10$, $I_0^{s2} = 0$, $I_0^{H1} = 5$, $I_0^{H2} = 0$, $I_0^{H3} = 0$, $R_0 = 0$ (immunisé), et $D_0 = 0$ sont les conditions initiales).	37
3.3	Effet de mesures de protection sur les susceptibles ($S_0 = 44,999,965$, $E_0 = 10$ (exposés), $I_0^a = 10$, $I_0^{s1} = 10$, $I_0^{s2} = 0$, $I_0^{H1} = 5$, $I_0^{H2} = 0$, $I_0^{H3} = 0$, $R_0 = 0$ (immunisé), et $D_0 = 0$ sont les conditions initiales).	38
3.4	Effet de mesures de protection sur les exposés ($S_0 = 44,999,965$, $E_0 = 10$ (exposés), $I_0^a = 10$, $I_0^{s1} = 10$, $I_0^{s2} = 0$, $I_0^{H1} = 5$, $I_0^{H2} = 0$, $I_0^{H3} = 0$, $R_0 = 0$ (immunisé), et $D_0 = 0$ sont les conditions initiales).	39
3.5	Effet de mesures de protection sur les infectés ($S_0 = 44,999,965$, $E_0 = 10$ (exposés), $I_0^a = 10$, $I_0^{s1} = 10$, $I_0^{s2} = 0$, $I_0^{H1} = 5$, $I_0^{H2} = 0$, $I_0^{H3} = 0$, $R_0 = 0$ (immunisé), et $D_0 = 0$ sont les conditions initiales).	39
3.6	Effet de mesures de protection sur les immunisés ($S_0 = 44,999,965$, $E_0 = 10$ (exposés), $I_0^a = 10$, $I_0^{s1} = 10$, $I_0^{s2} = 0$, $I_0^{H1} = 5$, $I_0^{H2} = 0$, $I_0^{H3} = 0$, $R_0 = 0$ (immunisé), et $D_0 = 0$ sont les conditions initiales).	40
3.7	Effet de mesures de protection sur les décès ($S_0 = 44,999,965$, $E_0 = 10$ (exposés), $I_0^a = 10$, $I_0^{s1} = 10$, $I_0^{s2} = 0$, $I_0^{H1} = 5$, $I_0^{H2} = 0$, $I_0^{H3} = 0$, $R_0 = 0$ (immunisé), et $D_0 = 0$ sont les conditions initiales).	40
3.8	Effet de la pris en charge sur les susceptibles ($S_0 = 44,999,965$, $E_0 = 10$ (exposés), $I_0^a = 10$, $I_0^{s1} = 10$, $I_0^{s2} = 0$, $I_0^{H1} = 5$, $I_0^{H2} = 0$, $I_0^{H3} = 0$, $R_0 = 0$ (immunisé), et $D_0 = 0$ sont les conditions initiales).	42
3.9	Effet de la pris en charge sur les exposés ($S_0 = 44,999,965$, $E_0 = 10$ (exposés), $I_0^a = 10$, $I_0^{s1} = 10$, $I_0^{s2} = 0$, $I_0^{H1} = 5$, $I_0^{H2} = 0$, $I_0^{H3} = 0$, $R_0 = 0$ (immunisé), et $D_0 = 0$ sont les conditions initiales).	42

3.10 Effet de la pris en charge sur les infectés ($S_0 = 44,999,965$, $E_0 = 10$ (exposés), $I_0^a = 10$, $I_0^{s1} = 10$, $I_0^{s2} = 0$, $I_0^{H1} = 5$, $I_0^{H2} = 0$, $I_0^{H3} = 0$, $R_0 = 0$ (immunisé), et $D_0 = 0$ sont les conditions initiales).	43
3.11 Effet de la pris en charge sur les immunisés ($S_0 = 44,999,965$, $E_0 = 10$ (exposés), $I_0^a = 10$, $I_0^{s1} = 10$, $I_0^{s2} = 0$, $I_0^{H1} = 5$, $I_0^{H2} = 0$, $I_0^{H3} = 0$, $R_0 = 0$ (immunisé), et $D_0 = 0$ sont les conditions initiales).	43
3.12 Effet de la pris en charge sur les décès ($S_0 = 44,999,965$, $E_0 = 10$ (exposés), $I_0^a = 10$, $I_0^{s1} = 10$, $I_0^{s2} = 0$, $I_0^{H1} = 5$, $I_0^{H2} = 0$, $I_0^{H3} = 0$, $R_0 = 0$ (immunisé), et $D_0 = 0$ sont les conditions initiales).	44

Liste des tableaux

1.1	La différence entre les trois coronavirus, Sars-Cov, MERS-Cov et Sars-Cov-2.	9
3.1	les valeurs des paramètres opérationnels pour stabilité de E_0 .	35
3.2	les valeurs des paramètres opérationnels pour stabilité de E_1 .	37
3.3	Les valeurs de $\gamma_1, \gamma_2, \gamma_3$ et γ_4	41

Introduction

La modélisation mathématique est une présentation ou une interprétation des phénomènes réels complexes par des équations, afin de les simplifier pour les comprendre; elle a connu un développement considérable dans tous les domaines de la science, notamment dans l'épidémiologie. La modélisation en épidémiologie permet de résoudre des problèmes inaccessibles par des approches intuitives ou expérimentales.

En décembre 2019, une épidémie de pneumonies d'allure virale inconnue a été apparue en Chine. 1 500 infectés hors de la Chine à la mi-février[26], un mois après l'Organisation mondiale de la santé a déclaré une pandémie du Covid-19[25], après que le virus SARS-CoV-2 s'est propagé dans le monde entier, créant rapidement l'une des plus grandes pandémies de tous les temps. En mai 2021, la barre des 169 millions de cas cumulés est franchie dans le monde ainsi que 3.5 millions de morts au total[26]. La propagation mondiale est très rapide.

La pandémie du Covid-19 remet l'épidémiologie au premier plan. Une partie de cette discipline consiste à modéliser l'évolution de l'épidémie pour estimer les principaux paramètres de transmission et prédit la dynamique du la Covid-19. Malgré que les données et les connaissances sur la maladie émergente soient parcellaires, une grande diversité de modèles a été développée et appliquée dans des délais inédits, dans l'objectif d'explorer différents scénarios d'interventions non pharmaceutiques et prise en charge, d'estimer le nombre de reproduction, ou afin de voir l'impact des vaccins sur la dynamique de la maladie. Leurs résultats ont largement contribué à l'épidémiosurveillance et éclairé la prise de décisions relatives aux politiques de santé publique.

Dans ce mémoire, d'abord, on présente l'épidémie de la Covid-19. Puis, on développe un modèle mathématique discret pour décrire la dynamique de transmission de Covid-19 en utilisant un modèle SEIR. Nos hypothèses sont que la transmission de Covid-19 se produit par contact direct entre des individus sains et infectés, pas de transmission entre maman et son bébé, il y a une période d'incubation, il n'y a pas de migration, et les infectés hospitalisés sont isolés et ne peuvent pas transmettre la maladie. Enfin, on fait une simulation numérique de notre modèle. On étudie deux facteurs importants concernant l'évolution du Covid-19 : l'impact de la prise en charge et les mesures non pharmaceutiques.

Chapitre 1

La description de la maladie à coronavirus 2019

En décembre 2019, dans la ville de Wuhan en Chine, un nouveau coronavirus apparaît qui est toutefois sans précédent pour ces 100 dernières années en termes d'impacts sur l'activité humaine. 44 cas sont signalés en Chine le 3 janvier 2020[28], ce coronavirus s'est rapidement propagé dans le pays. Le 30 janvier, l'organisation mondiale de la santé (OMS) annonce que l'épidémie constitue une urgence de santé publique de portée internationale (USPPI)[29], en mars 2020, elle a déclaré l'état de pandémie[25] après propagation du virus dans plusieurs pays dans le monde. **Coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SARS-CoV-2)**, est le nom du virus donné par l'OMC en février, et elle a nommé la maladie provoquée par ce virus **la maladie à coronavirus 2019 (Covid-19)**[27]. Le 07 avril 2020, les cas des infectés dépassent le 1 million, et plus de 80,000 décès à travers le monde[26], beaucoup des pays dans le monde se sont mis en confinement total, et ils ont fermé toutes les frontières pour réduire la propagation du virus. Une propagation mondiale est très rapide, en juillet 2020, plus de 12 million de cas confirmés [26] et un nombre très important de décès, et le nombre est toujours en augmentation jusqu'à ce jour, où 164 542 448 cas confirmés à travers le monde en 20 mai 2021[26] comme le montre figure 1.1.

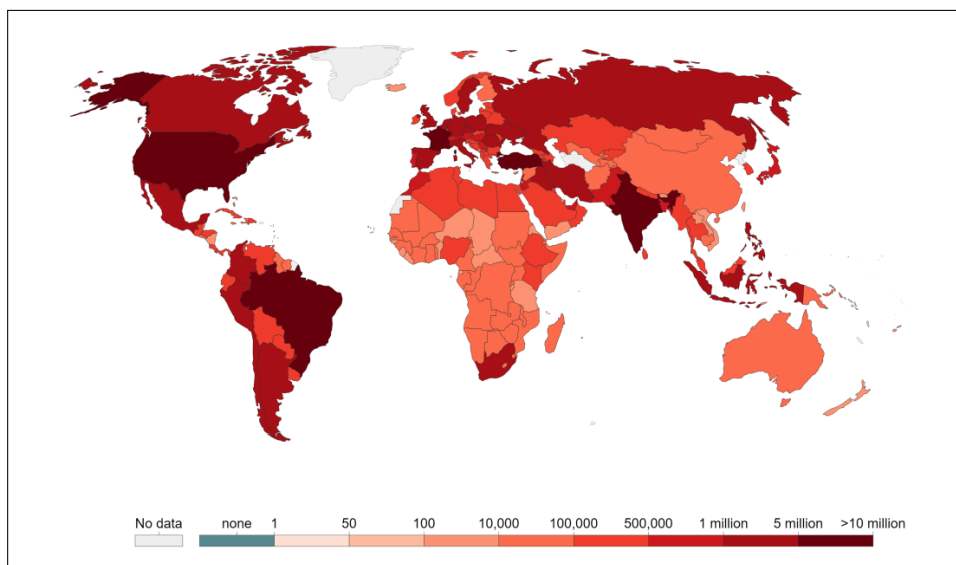


FIGURE 1.1 – Prévalence du Covid-19 dans le monde en 20 mai 2021.

Pour cette raison, Il est très important de comprendre la dynamique de transmission de l'épidémie pour mieux contrôler son évolution et évaluer l'efficacité des mesures de lutte. En particulier, l'estimation des paramètres qui agissent sur le mode de transmission, l'incubation, le temps de guérison et la mortalité.

Dans ce chapitre, on décrit cette maladie, Covid-19, connaitre ses symptômes, ses effets, et comment se protéger, et enfin, on parle de vaccination et traitement.

1 L'épidémiologie du Covid-19

1.1 Description du Covid-19

Les coronavirus une famille de virus constitué de plusieurs types dont sept peuvent infecter les humains. Quatre des sept types entraînent le plus souvent des symptômes bénins de type rhume, mais trois sont mortelles, SRAS-CoV (2002-2004), MERS-CoV.(2012-2014), et SARS-CoV-2.

Le SRAS-COV responsables du syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS), qui a été accidentellement transmis à l'homme via la consommation de civettes masquées[8], il ne se propage pas rapidement, tel que entre le 1er novembre 2002 et le 31 août 2003, le virus aurait infecté 8 096 personnes dans une trentaine de pays, causant 774 décès[30], essentiellement en Chine.

Le MERS-CoV.(2012-2014) responsable d'une atteinte respiratoire potentiellement sévère (Middle East Respiratory Syndrome), qui a été transmis à l'homme via les dromadaires [10], il est peu contagieux. En 2019, le troisième coronavirus mortel apparait dans le monde, le SARS-CoV-2, il est génétiquement plus proche des virus infectant les chauve-souris que du MERS-CoV ou du SARS-CoV. Mais, jusqu'à présent, aucune transmission virale directe n'a été décrite entre cette espèce et l'humain. C'est pourquoi les chercheurs estiment probablement que la transmission à l'homme a eu lieu par le biais d'une espèce hôte intermédiaire. Le pangolin a été initialement identifié comme porteur d'un coronavirus proche du SARS-CoV-2, toutefois plusieurs éléments laissent douter de cette possibilité, notamment parce que les séquences génétiques du virus responsable de l'épidémie actuelle et celles du coronavirus qui infectent le pangolin conservent des différences significatives[13], la propagation de ce virus est la plus rapide parmi tous les coronavirus, mais moins mortelle. Ce virus est le responsable de la maladie respiratoire infectieuse Covid-19 (coronavirus disease 2019 =maladie à coronavirus 2019), dont celle en cours.

coronavirus	Pandémie	Cas confirmés	Décès	Taux de mortalité	R_0
Sars-Cov	Épidémie de SRAS de 2002-2004	8 096	774	9.5%	3
MERS-CoV	Coronavirus du syndrome respiratoire du Moyen-Orient	1152	434	37.6%	0.8-1.3
SARS-CoV-2	Pandémie de Covid-19 (En cours)	+ 164 542 448 (20/05/ 2021)	+ 3 412 261 (20/05/ 2021)	2%	2-2.5

TABLEAU 1.1 – La différence entre les trois coronavirus, Sars-Cov, MERS-Cov et Sars-Cov-2.

1.2 Les symptômes de cette maladie

Après la période d'incubation qui dure entre 2 à 14 jours, moyennement 5 jours [15], 70% des gens infectés présentent des symptômes de la maladie alors que 30% ne les ont pas[9]. Environ 80% des infectés symptomatiques présentent des symptômes légers à modérés, 13.8% développent des symptômes sévères nécessitant une hospitalisation, et 6.1% entrent dans une phase de réanimation[14]. Les symptômes de la Covid-19 ne sont pas spécifiques, ils varient d'une personne à l'autre, selon leurs immunités, les symptômes les plus courants sont les suivants [6, 8, 17, 20],

- Fièvre.
- Toux sèche.
- Fatigue.
- Maux de tête.
- Myalgie.
- Arthralgie
- Diarrhée.

D'autres symptômes moins courants peuvent toucher certains patients,

- Perte du goût et de l'odorat
- Congestion nasale
- Conjonctivite (yeux rouges)
- Mal de gorge
- Différents types d'éruption cutanée
- Nausées ou vomissements
- Frissons ou vertiges
- Irritabilité
- État confusionnel
- Altération de la conscience (parfois associée à des crises)
- Troubles anxieux
- Dépression
- Troubles du sommeil
- Essoufflement
- Perte d'appétit
- État confusionnel
- Douleurs ou sensation d'oppression persistantes dans la poitrine
- Température élevée (supérieure à 38 °C).

1.3 Le mode de transmission

La Covid-19 se transmet directement d'un individu à l'autre, quand une personne infectée tousse, éternue, parle, chante ou respire profondément sortent de sa bouche ou de son nez des gouttelettes, et des aérosols, si ces dernières entrent dans le corps d'une personne saine, il devient contaminer par le Covid-19 [22]. Les gouttelettes et les aérosols peuvent entrer dans le corps par plusieurs façons : elles entrent directement dans le corps d'une autre personne à travers les yeux, les muqueuses de nez ou encore la bouche, comme elles entrent également quand une personne saine touche un objet ou une surface contaminés puis elle touche avec ses mains sa bouche, son nez ou ses yeux, ou encore par transmission de microgouttelettes par l'air dans un espace mal ventilé, appeler la transmission aérienne[11].

La figure 1.2 possibilité d'infection par le virus dans différentes situations,

Modalités du contact	Faible densité de personnes			Forte densité de personnes		
	En extérieur bien ventilé	En intérieur bien ventilé	Mal ventilé	En extérieur bien ventilé	En intérieur bien ventilé	Mal ventilé
Contact bref avec un masque						
Se taire	Vert	Vert	Vert	Vert	Vert	Orange
Parler	Vert	Vert	Vert	Vert	Vert	Orange
Crier	Vert	Vert	Orange	Orange	Orange	Rouge
Contact prolongé avec un masque						
Se taire	Vert	Vert	Orange	Vert	Orange	Rouge
Parler	Vert	Vert*	Orange	Orange*	Orange	Rouge
Crier	Vert	Orange	Rouge	Orange	Rouge	Rouge
Contact bref sans masque						
Se taire	Vert	Vert	Orange	Orange	Orange	Rouge
Parler	Vert	Orange	Orange	Orange	Rouge	Rouge
Crier	Orange	Orange	Rouge	Rouge	Rouge	Rouge
Contact prolongé sans masque						
Se taire	Vert	Orange	Rouge	Orange	Rouge	Rouge
Parler	Orange	Orange	Rouge	Rouge	Rouge	Rouge
Crier	Orange	Rouge	Rouge	Rouge	Rouge	Rouge

*: niveau de risque incertain, dépend des définitions quantitatives de la distanciation, de la densité et de la durée de contact.

FIGURE 1.2 – Risque de transmission du SARS-CoV-2 par des personnes infectés dans différentes situations. En vert : risque faible. En orange : risque modéré. En rouge : risque fort.

1.4 Les personnes à risques

Certaines catégories de la population sont plus exposées au risque. Les scientifiques ont observé que le taux de mortalité augmente avec l'âge. D'après une étude faite par des chercheurs chinois, sur près de 45.000 cas confirmés, le taux moyen de mortalité est de 2,3 %. Mais aucun décès n'est à déplorer parmi les enfants de moins de 10 ans. Jusqu'à 39 ans, le taux de mortalité reste très bas, à 0,2 % ; puis, passe à 0,4 % chez les quadragénaires, 1,3 % chez les 50-59 ans, 3,6 % chez les 60-69 ans et 8 % chez les 70-79 ans. Les personnes âgées de plus de 80 ans sont les plus à risque avec un taux de mortalité de 14,8 %[24]. La figure 1.3 résume ça :

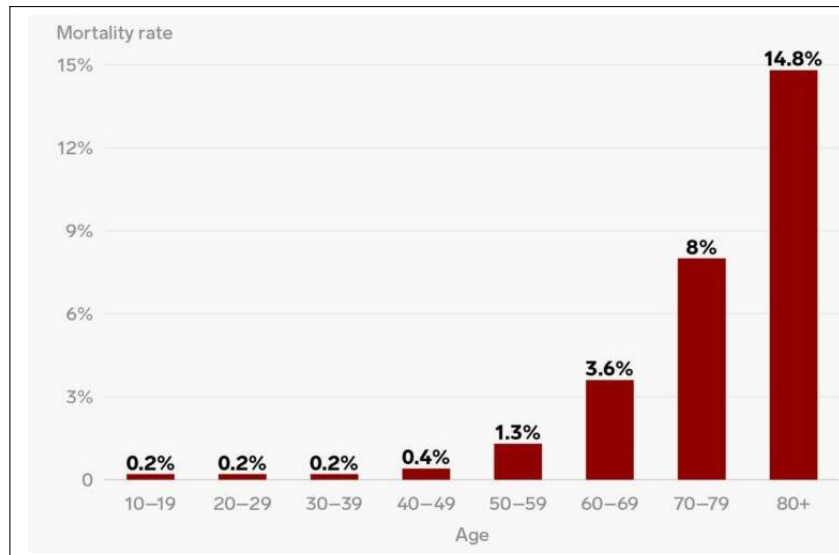


FIGURE 1.3 – Le taux de mortalité par âge.

Plusieurs médecins ont constaté que les patients avec maladies chroniques sont en majorité des victimes du Covid-19. De la même étude fait en Chine, ils ont trouvé que Le taux de mortalité grimpe ainsi à 6,3 % chez les patients atteints de maladie respiratoire (insuffisance respiratoire, asthme, bronchopneumopathie chronique obstructive...). Il est même de 10,5 % chez ceux qui présentent une maladie cardio-vasculaire (insuffisance cardiaque, antécédent d'AVC ou d'infarctus...) et de 7,3 % chez les personnes diabétiques. Les patients avec de l'hypertension (6 %) ou un cancer (5,6 %) présentent aussi un taux de mortalité plus élevé, alors qu'il tombe à 0,9 % chez les personnes en bonne santé. [24]. La figure 1.4 résume ça :

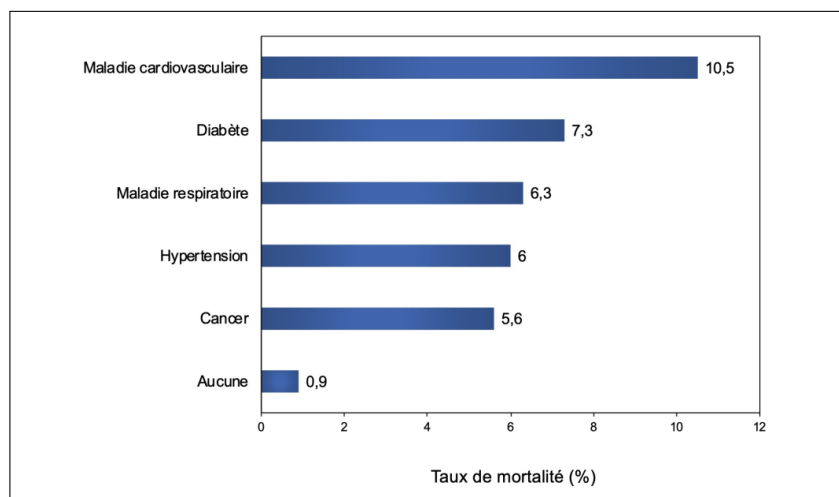


FIGURE 1.4 – Influence de certaine maladies chroniques sur le taux de mortalité de la COVID-19.

Aussi d'autre maladie représente un risque plus élevé d'infection sévère au COVID-19, quel que soit l'âge [12, 1],

- l'obésité ($IMC > 30 kg/m^2$),
- les personnes atteintes de trisomie 21,

- les insuffisants rénaux dialysés,
- les personnes ayant reçu une transplantation d'organe,
- Le retard mental,
- mucoviscidose,

1.5 Les méthodes de protection du Covid-19

La meilleure façon d'empêcher et de ralentir la transmission est d'être bien informé à propos du virus du Covid-19, de la manière dont il se propage et des maladies qu'il provoque. Il est possible de se protéger et de protéger les autres contre l'infection .

Parmi les instructions à connaître pour éviter la contamination par ce virus sont les suivantes,

- Se laver régulièrement les mains avec de l'eau et du savon,
- Porter le masque, surtout dans les lieux publics,
- Eviter de rester dans les endroits fermés, ou ouvrir les fenêtres,
- Eviter de se toucher le visage,
- La distance entre les personnes est un des éléments essentiels pour lutter contre le Covid-19, laisser une distance d'un mètre ou plus entre vous et les gens,
- Rester chez soi en présence de symptômes caractéristiques de la Covid-19,
- Si une personne de votre entourage est infectée, éviter de la côtoyer pendant sa période de quarantaine. Si vous avez été à son contact, restez confiné chez vous pendant 14 jours ainsi que les personnes avec lesquelles vous avez été vous-même en contact,
- Tousser ou éternuer dans son coude ou dans un mouchoir jetable. Jeter le mouchoir usagé dans une poubelle.

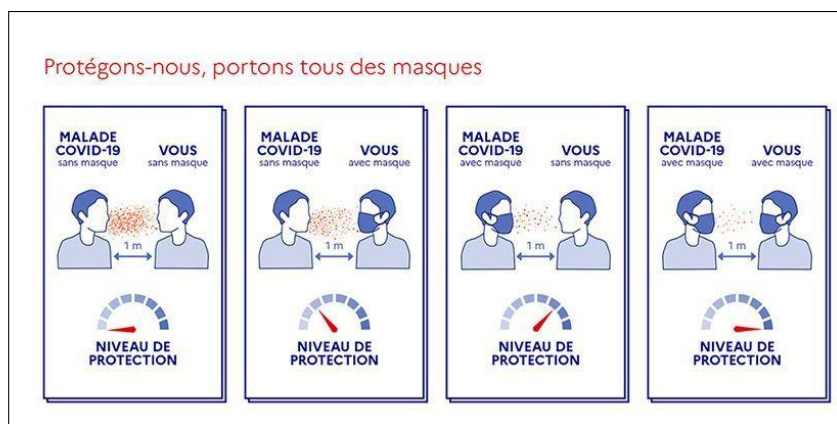


FIGURE 1.5 – Impact du port de masque sur le propagation du Covid-19.

1.6 Les traitements contre la COVID-19

Jusqu'à nos jours il n'y a pas de traitement antiviral efficace contre le Covid-19[19], pour soulager les symptômes des infectés, seulement l'oxygénothérapie pour une assistance respiratoire plus poussée, ou des médicaments contre la douleur et la fièvre. L'OMS déconseille l'usage de tout médicament en automédication, y compris les antibiotiques, pour prévenir ou guérir la Covid-19.

1.7 Les vaccins contre la COVID-19

Les vaccins sont une arme pour la lutte contre la COVID-19, elles peuvent sauver des millions de vies et mettre fin à la pandémie. Après plus qu'un an de travail, des recherches, et des études, les scientifiques ont pu trouver des vaccins contre la Covid-19, en 18 février 2021, au moins sept vaccins différents avaient été mis à disposition dans les pays par l'intermédiaire de trois plateformes. Parallèlement, plus de 200 vaccins candidats sont en cours de mise au point, dont plus d'une soixantaine sont en phase de développement clinique[32]. Parmi les vaccins disponibles dans le monde on cite les plus utilisés, Oxford–AstraZeneca, Pfizer-BioNTech, Moderna, Sinopharm (Beijing/Wuhan), Spoutnik V (Russie), Sinovac, Johnson & Johnson, CanSino[31].

Chapitre 2

La modélisation mathématique du COVID-19

Pour que on puisse comprendre le comportement d'une épidémie et prévoir son évolution, on doit traduire les données qu'on a en équations mathématiques et diagramme, autrement dit on doit effectuer une modélisation mathématique pour cette maladie.

Dans ce chapitre, on va voir certains modèles mathématiques de transmission de la dynamique de l'épidémie du COVID-19, puis on propose le nôtre, qui est un modèle SEIR discret.

1 Les travaux de modélisation sur le covid-19

Beaucoup de modèles mathématiques ont été proposés pour modéliser la maladie du Covid-19, certains ont étudié l'effet du masque, de la distanciation sociale, ou du confinement sur la propagation de la maladie, d'autres pour connaître la quantité approximative de vaccin pour stopper la contamination, certains ont effectué une optimisation des paramètres d'injection. Dans cette section on cite quelques uns,

1. F. Ndaïrou, I. Area, J. J. Nieto, D. F. Torres : "Mathematical modeling of COVID-19 transmission dynamics with a case study of Wuhan". *Chaos Solitons and Fractals*. 2020 June; 135 : 109846. Published online 2020 Apr 27. doi : 10.1016/j.chaos.2020.109846 [7].

Les auteurs ont proposé un modèle mathématique compartimental pour la propagation de la maladie Covid-19 avec un accent particulier sur la transmissibilité des individus super-propagateurs, ils ont calculé le nombre de reproduction de base, étudié la stabilité locale de l'équilibre sans maladie en termes du nombre de reproduction de base, et étudié la sensibilité du modèle par rapport à la variation de chacun de ses paramètres.

Le modèle s'écrit,

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = -\frac{\beta}{N}IS - \frac{\beta}{N}ISH - \frac{\beta'}{N}PS \\ \frac{dE}{dt} = \frac{\beta}{N}IS + \frac{\beta}{N}ISH + \frac{\beta'}{N}PS - \kappa E \\ \frac{dI}{dt} = \kappa\rho_1 E - (\gamma_a + \gamma_i + \delta_i)I \\ \frac{dP}{dt} = \kappa\rho_2 E - (\gamma_a + \gamma_i + \delta_p)P \\ \frac{dA}{dt} = \kappa(1 - \rho_1 - \rho_2)E \\ \frac{dH}{dt} = \gamma_a I + \gamma_a P - (\gamma_r + \delta_h)H \\ \frac{dR}{dt} = \gamma_i I + \gamma_i P + \gamma_r H \\ \frac{dF}{dt} = \delta_i I + \delta_p P + \delta_h H. \end{array} \right.$$

2. A. Kouidere, B. Khajji, A. El Bhih, O. Balatif, M. Rachik : "A mathematical modeling with optimal control strategy of transmission of COVID-19 pandemic virus". Commun. Math. Biol. Neurosci. Published : 11-05-2020 [2].

Dans cet article les auteurs ont proposé une modélisation mathématique qui décrit la dynamique de transmission du Covid-19, entre les personnes susceptibles, les personnes infectées sans symptômes, les personnes infectées avec symptômes, les personnes souffrants de complications graves, ainsi que ceux qui sont en surveillance sanitaire ou confinés, et aussi les personnes qui se sont rétablies du virus. En plus, ils ont proposé une stratégie optimale en menant des campagnes de sensibilisation des citoyens avec des mesures pratiques pour réduire la propagation du virus, le diagnostic et la surveillance des aéroports et la mise en quarantaine des personnes infectées, ils ont utilisé le principe maximum de Pontryagin pour caractériser les contrôles optimaux, et le système d'optimalité qui est résolu par une méthode itérative. Finalement, ils ont effectué une simulation numérique pour vérifier l'analyse théorique, à l'aide de Matlab.

Leur modèle s'écrit,

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = \Lambda_1 - \mu S - \beta_1 \frac{SI_w}{N} - \beta_2 \frac{SI}{N} \\ \frac{dI_w}{dt} = \Lambda_2 + \beta_1 \frac{SI_w}{N} + \beta_2 \frac{SI}{N} - (\mu + \alpha_1 + \alpha_2)I_w \\ \frac{dI}{dt} = \Lambda_3 + \alpha_1 I_w - (\alpha_3 + \theta_1 + \mu)I \\ \frac{dC}{dt} = \alpha_2 I_w + \alpha_3 I - (\delta_1 + \theta_2 + \mu)C \\ \frac{dH}{dt} = \theta_1 I + \theta_2 C - (\delta_2 + \sigma + \mu)H \\ \frac{dR}{dt} = \sigma H - \mu R. \end{array} \right.$$

3. S. Annas, P. Muh. Isbar , Muh. Rifandi, S. Wahidah, S. Syafruddin : "Stability Analysis and Numerical Simulation of SEIR Model for pandemic COVID-19 spread in Indonesia", July 2020 Chaos Solitons & Fractals 139 [16].

Le but de cet article est de construire un modèle mathématique du type SEIR qui modélise la propagation de la Covid-19, en considérant les facteurs de vaccination et d'isolement. Les auteurs ont calculé les points d'équilibre et le taux de reproduction de base, puis ils ont fait une analyse de stabilité. A la fin, ils ont effectué une simulation numérique en utilisant des données de l'Indonésie.

Leur modèle s'écrit,

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \mu N - \alpha IS - (\mu + \nu) S \\ \frac{dE}{dt} = \alpha IS - (\beta + \nu) E \\ \frac{dI}{dt} = \beta E - (\mu_i + \delta + \mu) I \\ \frac{dR}{dt} = \nu S + \delta I - \mu R. \end{cases}$$

4. T. Sardar, S. Nadim, S. Rana, J. Chattopadhyay : "Assessment of lockdown effect in some states and overall India : A predictive mathematical study on COVID-19 outbreak" Chaos, Solitons & Fractals Volume 139, October 2020, 110078.06 Aug 2020 [21].

Dans ce travail, les auteurs ont proposé un nouveau modèle mathématique sur COVID-19 qui intègre un effet du confinement. En combinant le modèle mathématique classique avec différents modèles de prévisions statistiques, et ils ont projeté les cas notifiés dans six localités pour la période du 17 mai 2020 au 31 mai 2020. Ils ont étudié l'effet de la mesure de distance sociale sur la propagation de la maladie. Ensuite, ils ont validé leur modèle sur les données des cas notifiés de cinq États différents et dans l'ensemble en Inde, ils ont estimé plusieurs paramètres opérationnels importants ainsi que le nombre de reproduction de base (R_0). Une analyse de sensibilité globale est réalisée pour déterminer la corrélation de deux paramètres épidémiologiquement mesurables sur l'effet du confinement et aussi sur R_0 .

Leur Modéle,

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \Pi_H + \omega L - \frac{\beta_1 IS}{(N-L-C)} - \frac{\rho \beta_1 AS}{(N-L-C)} - \mu S - lS \\ \frac{dL}{dt} = lS - (\omega + \mu) L \\ \frac{dE}{dt} = \frac{\beta_1 IS}{(N-L-C)} + \frac{\rho \beta_1 AS}{(N-L-C)} - (\mu + \sigma) E \\ \frac{dA}{dt} = (1 - \kappa) \sigma E - (\gamma_1 + \mu) A \\ \frac{dI}{dt} = \kappa \sigma E - (\gamma_2 + \tau + \mu) I \\ \frac{dC}{dt} = \tau I - (\delta + \gamma_3 + \mu) C \\ \frac{dR}{dt} = \gamma_1 A + \gamma_2 I + \gamma_3 C - \mu R. \end{cases}$$

5. D. Seraphin, G. Guilsou Kolaye, H. Abboubakar, A. Adamou, D. Irepran : "Mathematical modeling, analysis and numerical simulation of the COVID-19 transmission with mitigation of control strategies used in Cameroon", *Chaos Solitons Fractals*. 2020 Oct; 139 : 110281. Published online 2020 Sep 18. doi : 10.1016/j.chaos.2020.110281 [5].

Les auteurs de cet article annoncent qu'ils ont formulé un modèle mathématique de transmission du Covid-19 en utilisant les caractéristiques biologiques de la maladie et des stratégies de contrôle basées sur l'isolement des personnes exposées, le confinement de la population humaine, tester les personnes vivant dans la zone à risques, porter des masques et respect des règles d'hygiène. Ils ont proposé une étude théorique du modèle. Ils ont dévisé le nombre de reproduction de base R_0 qui détermine l'extinction et la persistance de l'infection. Enfin, une évaluation numérique des stratégies de contrôle a été effectuée. Le modèle

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{ds}{dt} = \Lambda + qQ + p_1C_p - (\lambda_q + \lambda_s + \mu_h + p_2)S \\ \frac{dC_p}{dt} = p_2S + t_1C_t - (\lambda_p + p_1 + t_2 + \mu_h)C_p \\ \frac{dC_t}{dt} = t_2C_p - (t_1 + \mu_h)C_t \\ \frac{dQ}{dt} = \lambda_qS - (q + \alpha_q + \mu_h + d_1)Q \\ \frac{dL}{dt} = \lambda_sS + \lambda_pC_p - (\omega_a + \omega_b + \omega_s + \mu_h)L \\ \frac{dI_a}{dt} = \omega_aL - (\alpha_a + \mu_h)I_a \\ \frac{dI_b}{dt} = \omega_bL - (\nu_b + \sigma + \alpha_b + \mu_h)I_b \\ \frac{dI_q}{dt} = \nu_bI_b + \nu_sI_s - (\alpha_i + \mu_h + d_1)I_q \\ \frac{dI_s}{dt} = \omega_sL + \sigma I_b - (\nu_s + \alpha_s + \mu_h + d_2)I_b \\ \frac{dR}{dt} = \alpha_aI_a + \alpha_bI_b + \alpha_sI_s + \alpha_iI_q + \alpha_qQ - \mu_hR \\ \frac{dV}{dt} = r_aI_a + r_bI_b + r_sI_s + \mu_hV. \end{array} \right.$$

6. D. Okuonghae, A. Omame : "Analysis of a mathematical model for COVID-19 population dynamics in Lagos, Nigeria", *Chaos, Solitons & Fractals*, Volume 139, October 2020, 110032 [4].

Ce travail examine l'impact de diverses mesures de contrôle non pharmaceutiques (gouvernementales et personnelles) sur la dynamique de la population de la nouvelle maladie à coronavirus 2019 (COVID-19) à Lagos, au Nigéria, à l'aide d'un modèle mathématique formulé de manière appropriée. En utilisant les données disponibles, depuis son premier cas signalé le 16 mars 2020, ils ont cherché à développer un outil prédictif pour le nombre cumulé de cas rapportés et le nombre de cas actifs à Lagos; ils ont estimé également le nombre de reproduction de base de l'épidémie dans l'état susmentionné au Nigéria.

Le modèle,

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = -\frac{\beta_c (\alpha A + I)}{N_h - I_D} S \\ \frac{dE}{dt} = \frac{\beta_c (\alpha A + I)}{N_h - I_D} S - \sigma E \\ \frac{dA}{dt} = \nu \sigma E - (\theta + \gamma_a) A \\ \frac{dI}{dt} = (1 - \nu) \sigma E - (\psi + \gamma_o + d_o) I \\ \frac{dI_D}{dt} = \theta A + \psi I - (\gamma_i + d_D) I_D \\ \frac{dR}{dt} = \gamma_i I_D + \gamma_a A + \gamma_o I. \end{array} \right.$$

Après avoir ajouté des paramètres qui représentent la distanciation sociale et l'utilisation de masques dans la force d'infection du modèle de base le modèle devient,

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = -\frac{\beta_c (1 - \delta) (1 - \varepsilon) (\alpha A + I)}{N_h - I_D} S \\ \frac{dE}{dt} = \frac{\beta_c (1 - \delta) (1 - \varepsilon) (\alpha A + I)}{N_h - I_D} S - \sigma E \\ \frac{dA}{dt} = \nu \sigma E - (\theta + \gamma_a) A \\ \frac{dI}{dt} = (1 - \nu) \sigma E - (\psi + \gamma_o + d_o) I \\ \frac{dI_D}{dt} = \theta A + \psi I - (\gamma_i + d_D) I_D \\ \frac{dR}{dt} = \gamma_i I_D + \gamma_a A + \gamma_o I. \end{array} \right.$$

7. B. H. Foya, W.Brian, M. Kayur, S. Anita, Gautam I. Menone, B.Carl : "Comparing COVID-19 vaccine allocation strategies in India :A mathematical modelling study", International Journal of Infectious Diseases, 2021 Feb;103:431-438. doi : 10.1016/j.ijid.2020.12.075. Epub 2020 Dec 31 [3].

Dans cet articles les auteurs ont utilisé un modèle SEIR élargi et structuré par âge avec des matrices de contact social pour évaluer les stratégies d'attribution de vaccins par âge en Inde. Ils ont utilisé des structures d'âge spécifiques à l'état et des coefficients de transmission de la maladie estimée à partir de cas confirmés de Covid-19 entre le 1er juillet et le 31 août 2020. Des simulations ont été utilisées pour étudier la réduction relative de la mortalité et de la morbidité des stratégies d'attribution des vaccins basés sur la priorisation des différents groupes d'âge et les interactions de ces stratégies avec des interventions non pharmaceutiques concomitantes. Compte tenu de l'incertitude associée au développement du vaccin Covid-19, ils ont varié les caractéristiques du vaccin dans les simulations du modèle. Modèle mathématique correspondant au groupe d'age 'i'

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS_i}{dt} = \mu R_i - \varepsilon M - \frac{\beta_1}{N} \sum_{j=1}^K C_{ij} S_i (A_j + A_j^v + I_j) \\ \frac{dV_i}{dt} = \mu R_i^v + \varepsilon M - \frac{\beta_2}{N} \sum_{j=1}^K C_{ij} V_i (A_j + A_j^v + I_j) \\ \frac{dE_i}{dt} = -\sigma E_i + \frac{\beta_1}{N} \sum_{j=1}^K C_{ij} S_i (A_j + A_j^v + I_j) \\ \frac{dE_i^v}{dt} = -\sigma E_i^v + \frac{\beta_2}{N} \sum_{j=1}^K C_{ij} V_i (A_j + A_j^v + I_j) \\ \frac{dA_i}{dt} = (1 - p_i) \sigma E_i - \gamma A_i^v \\ \frac{dA_i}{dt} = (1 - p_i) \sigma E_i - \gamma A_i \\ \frac{dA_i^v}{dt} = \sigma E_i^v - \gamma A_i^v \\ \frac{dI_i}{dt} = p_i \sigma E_i - \alpha I_i \\ \frac{dQ_i}{dt} = \alpha I_i - \omega Q_i \\ \frac{dR_i}{dt} = \gamma A_i + (1 - \delta_i) \omega Q_i - \mu R_i \\ \frac{dR_i^v}{dt} = \gamma A_i^v - \mu R_i^v \\ \frac{dD_i}{dt} = \delta_i \gamma_2 Q_i. \end{array} \right.$$

8. S. Bentout, A. Tridane, S. Djilali, T. M. Touaoula, : "Age-Structured Modeling of COVID-19 Epidemic in the USA, UAE and Algeria", Alexandria Engineering Journal, volume 60, Issue 1, February 2021, Pages 401-411 [18].

Dans cet article les auteurs ont proposé un modèle mathématique structuré par âge. Ce modèle prend également en compte deux composantes principales du Covid-19;

- le nombre de personnes hospitalisées infectées, par conséquent, ils ont estimé le nombre de lits (aigus et critiques) nécessaires;
- l'infection possible des personnels de santé (HCP). Par conséquent, le modèle prévoit l'heure de pointe et le nombre de cas infectieux au pic avant et après la mise en œuvre des interventions non pharmaceutiques (IPN),

et ils ont comparé également ce résultat avec le cas de verrouillage complet. Enfin, ils ont étudié l'impact de la pénurie d'équipements de protections individuelles (EPI) appropriés sur la propagation de la maladie.

Leur modèle s'écrit,

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{\partial S(t, a)}{\partial t} + \frac{\partial S(t, a)}{\partial a} = -\beta S(t, a) \int_0^{+\infty} I(t, \theta) d\theta - \alpha \beta C(t) S(t, a) \\ \frac{\partial I(t, a)}{\partial t} + \frac{\partial I(t, a)}{\partial a} = \beta S(t, a) \int_0^{+\infty} I(t, \theta) d\theta + \alpha \beta C(t) S(t, a) - (\gamma + \delta(a)) I(t, a) \\ \frac{dC(t)}{dt} = \int_0^{+\infty} \delta(a) I(t, a) da - \mu C(t) \\ S(t, 0) = 0 \quad ; \quad I(t, 0) = 0 \\ S(0, a) = S_0(a) \in L^1(0, +\infty) \quad ; \quad I(0, a) = I_0(a) \in L^1(0, +\infty) \\ C(0) = C_0 \in \mathbb{R}^+. \end{array} \right.$$

2 Description de notre modèle

Dans cette section, on utilise le modèle compartimental standard SEIR. Ainsi, la population peut être divisée en plusieurs compartiments distincts : les susceptibles S, (les individus qui peuvent contracter la maladie), E les exposés (les individus infectés mais non infectieux.), les infectés I, ((les individus infectés et infectieux), les résistants R, (les individus ayant acquis une immunité) et les décès D, (les individus décédés de la maladie). La population totale N est la somme des humains susceptibles, S, des humains exposés, E, des humains infectés, I, et des humains immunisés du Covid-19.

Dans notre modèle, on considère que la sous population des infectées est composée de :

- I^a : les individus infectés asymptomatiques (n'ont pas de symptômes).
- I^s : les individus infectés symptomatiques non hospitalisés.
- I^H : les individus infectés hospitalisés.

Pour la construction de notre modèle, on pose les hypothèses suivantes :

- (H1) La transmission horizontale de la maladie est directe (d'un individu à un autre) par respiration.
- (H2) La transmission verticale de la maladie (de la maman à son bébé) est négligeable (l'ensemble des naissances sont susceptibles).
- (H3) La différence entre le taux de décès naturels et le taux de naissances naturels est négligeable (l'étude est faite sur une courte durée).
- (H4) Les individus hospitalisés sont isolés et ne peuvent pas transmettre la maladie. Sauf les individus infectés I^a et I^s qui sont en mesure de transmettre la maladie.
- (H5) Les décès dues à la maladie sont négligeables par rapport à la population totale (mais pas par rapport aux sous populations infectées). Ceci nous amène à ce que la population totale est constante.
- (H6) Il n'y a pas de migration sur la courte durée de l'étude.

On a opté pour un modèle discret, car il est plus précis que le continue, et il est plus approprié pour la Covid-19 parce qu'on a des données chaque 24h. Puisque la période d'incubation dure à peu près une semaine, la période dont l'infecté asymptomatique se rétabli est aussi une semaine, l'infecté symptomatique guérit après deux semaines, l'infecté hospitalisé se rétablit ou meurt après trois semaines, on discrétise la période d'étude en prenant un pas de cinq jours.

Le schéma représentatif du modèle décrit précédemment est dans la figure 2.1.

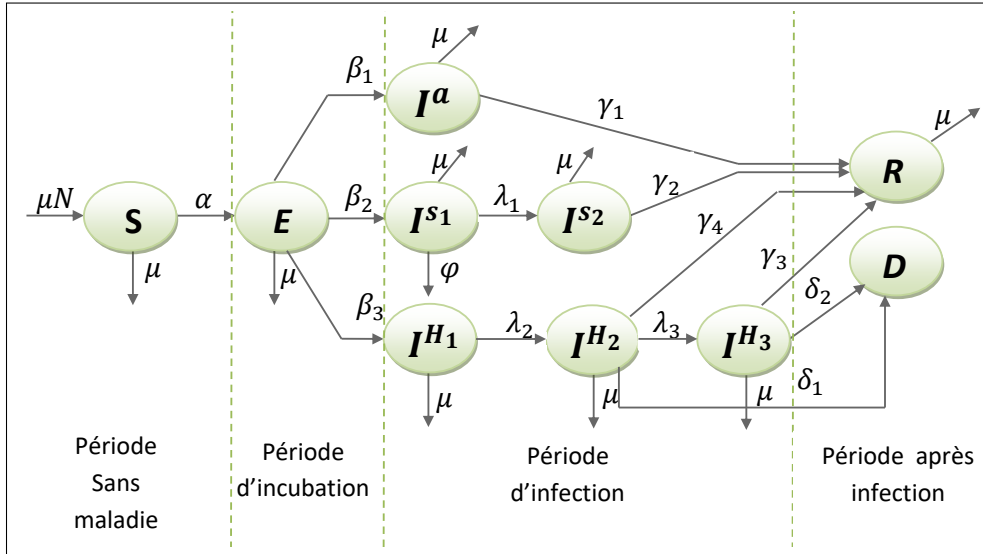


FIGURE 2.1 – Diagramme représentatif du modèle.

Alors ce schéma peut se formuler mathématiquement comme suite,

$$\left\{ \begin{array}{l}
 S_{n+1} = S_n + \mu N - \frac{\alpha}{N} (I_n^a + I_n^{s1} + I_n^{s2}) S_n - \mu S_n \\
 E_{n+1} = E_n + \frac{\alpha}{N} (I_n^a + I_n^{s1} + I_n^{s2}) S_n - (\beta_1 + \beta_2 + \beta_3) E_n - \mu E_n \\
 I_{n+1}^a = I_n^a + \beta_1 E_n - \gamma_1 I_n^a - \mu I_n^a \\
 I_{n+1}^{s1} = I_n^{s1} + \beta_2 E_n - \lambda_1 I_n^{s1} - \varphi I_n^{s1} - \mu I_n^{s1} \\
 I_{n+1}^{s2} = I_n^{s2} + \lambda_1 I_n^{s1} - \gamma_2 I_n^{s2} - \mu I_n^{s2} \\
 I_{n+1}^{H1} = I_n^{H1} + \beta_3 E_n + \varphi I_n^{s1} - \lambda_2 I_n^{H1} - \mu I_n^{H1} \\
 I_{n+1}^{H2} = I_n^{H2} + \lambda_2 I_n^{H1} - \lambda_3 I_n^{H2} - \delta_1 I_n^{H2} - \gamma_3 I_n^{H2} - \mu I_n^{H2} \\
 I_{n+1}^{H3} = I_n^{H3} + \lambda_3 I_n^{H2} - \delta_2 I_n^{H3} - \gamma_4 I_n^{H3} - \mu I_n^{H3} \\
 R_{n+1} = R_n + \gamma_1 I_n^a + \gamma_2 I_n^{s2} + \gamma_3 I_n^{H2} + \gamma_4 I_n^{H3} - \mu R_n \\
 D_{n+1} = D_n + \delta_1 I_n^{H2} + \delta_2 I_n^{H3}.
 \end{array} \right. \quad (2.1)$$

Avec :

α : Le taux d'infection.

β_1 : Le taux qu'un exposé devient asymptomatiquement infecté.

β_2 : Le taux qu'un exposé devient symptomatiquement infecté.

β_3 : Le taux qu'un exposé entre à l'hôpital dû à la maladie.

φ : Le taux qu'un infecté symptomatique développe plus des symptômes et entre à l'hôpital.

λ_1 : Le taux de passage de I^{s1} à I^{s2} .

λ_2 : Le taux de passage au cas un peu grave.

λ_3 : Le taux de passage au cas critique.

γ_1 : Le taux de guérison des infectés asymptomatiques.

γ_2 : Le taux de guérison des infectés symptomatiques.

γ_3 : Le taux de guérison des infectés hospitalisés.

γ_4 : Le taux de guérison des infectés hospitalisés dans un état critique.

δ_1 : Le taux de mortalité des infectés hospitalisés.

δ_2 : Le taux de mortalité des infectés hospitalisés dans un état critique.

μ : Le taux de naissance et mortalité naturel.

Pour des raisons techniques en simulation numérique, on normalise notre modèle. Puisque, on a supposé que N est constant alors, on pose

$$\begin{aligned} \mathbf{S}_n &= \frac{S_n}{N}; & \mathbf{E}_n &= \frac{E_n}{N}; & \mathbf{I}_n^a &= \frac{I_n^a}{N}; & \mathbf{I}_n^{s_1} &= \frac{I_n^{s_1}}{N}; & \mathbf{I}_n^{s_2} &= \frac{I_n^{s_2}}{N}; \\ \mathbf{I}_n^{H_1} &= \frac{I_n^{H_1}}{N}; & \mathbf{I}_n^{H_2} &= \frac{I_n^{H_2}}{N}; & \mathbf{I}_n^{H_3} &= \frac{I_n^{H_3}}{N}; & \mathbf{R}_n &= \frac{R_n}{N}; & \mathbf{D}_n &= \frac{D_n}{N}. \end{aligned}$$

Le système devient

$$\left\{ \begin{array}{l} \mathbf{S}_{n+1} = \mathbf{S}_n + \mu - \alpha \mathbf{S}_n (\mathbf{I}_n^a + \mathbf{I}_n^{s_1} + \mathbf{I}_n^{s_2}) - \mu \mathbf{S}_n \\ \mathbf{E}_{n+1} = \mathbf{E}_n + \alpha \mathbf{S}_n (\mathbf{I}_n^a + \mathbf{I}_n^{s_1} + \mathbf{I}_n^{s_2}) - (\beta_1 + \beta_2 + \beta_3) \mathbf{E}_n - \mu \mathbf{E}_n \\ \mathbf{I}_{n+1}^a = \mathbf{I}_n^a + \beta_1 \mathbf{E}_n - \gamma_1 \mathbf{I}_n^a - \mu \mathbf{I}_n^a \\ \mathbf{I}_{n+1}^{s_1} = \mathbf{I}_n^{s_1} + \beta_2 \mathbf{E}_n - \lambda_1 \mathbf{I}_n^{s_1} - \varphi \mathbf{I}_n^{s_1} - \mu \mathbf{I}_n^{s_1} \\ \mathbf{I}_{n+1}^{s_2} = \mathbf{I}_n^{s_2} + \lambda_1 \mathbf{I}_n^{s_1} - \gamma_2 \mathbf{I}_n^{s_2} - \mu \mathbf{I}_n^{s_2} \\ \mathbf{I}_{n+1}^{H_1} = \mathbf{I}_n^{H_1} + \beta_3 \mathbf{E}_n + \varphi \mathbf{I}_n^{s_1} - \lambda_2 \mathbf{I}_n^{H_1} - \mu \mathbf{I}_n^{H_1} \\ \mathbf{I}_{n+1}^{H_2} = \mathbf{I}_n^{H_2} + \lambda_2 \mathbf{I}_n^{H_1} - \lambda_3 \mathbf{I}_n^{H_2} - \delta_1 \mathbf{I}_n^{H_2} - \gamma_3 \mathbf{I}_n^{H_2} - \mu \mathbf{I}_n^{H_2} \\ \mathbf{I}_{n+1}^{H_3} = \mathbf{I}_n^{H_3} + \lambda_3 \mathbf{I}_n^{H_2} - \delta_2 \mathbf{I}_n^{H_3} - \gamma_4 \mathbf{I}_n^{H_3} - \mu \mathbf{I}_n^{H_3} \\ \mathbf{R}_{n+1} = \mathbf{R}_n + \gamma_1 \mathbf{I}_n^a + \gamma_2 \mathbf{I}_n^{s_2} + \gamma_3 \mathbf{I}_n^{H_2} + \gamma_4 \mathbf{I}_n^{H_3} - \mu \mathbf{R}_n \\ \mathbf{D}_{n+1} = \mathbf{D}_n + \delta_1 \mathbf{I}_n^{H_2} + \delta_2 \mathbf{I}_n^{H_3}. \end{array} \right. \quad (2.2)$$

3 Le taux de reproduction de base R_0

On considère le sous système des états infectés suivant,

$$\begin{aligned} \begin{pmatrix} \mathbf{E}_{n+1} - \mathbf{E}_n \\ \mathbf{I}_{n+1}^a - \mathbf{I}_n^a \\ \mathbf{I}_{n+1}^{s_1} - \mathbf{I}_n^{s_1} \\ \mathbf{I}_{n+1}^{s_2} - \mathbf{I}_n^{s_2} \\ \mathbf{I}_{n+1}^{H_1} - \mathbf{I}_n^{H_1} \\ \mathbf{I}_{n+1}^{H_2} - \mathbf{I}_n^{H_2} \\ \mathbf{I}_{n+1}^{H_3} - \mathbf{I}_n^{H_3} \end{pmatrix} &= \begin{pmatrix} \alpha \mathbf{S}_n (\mathbf{I}_n^a + \mathbf{I}_n^{s_1} + \mathbf{I}_n^{s_2}) \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix} - \begin{pmatrix} (\beta_1 + \beta_2 + \beta_3 + \mu) \mathbf{E}_n \\ (\gamma_1 + \mu) \mathbf{I}_n^a - \beta_1 \mathbf{E}_n \\ (\lambda_1 + \varphi + \mu) \mathbf{I}_n^{s_1} - \beta_2 \mathbf{E}_n \\ (\gamma_2 + \mu) \mathbf{I}_n^{s_2} - \lambda_1 \mathbf{I}_n^{s_1} \\ (\lambda_2 + \mu) \mathbf{I}_n^{H_1} - \beta_3 \mathbf{E}_n - \varphi \mathbf{I}_n^{s_1} \\ (\lambda_3 + \delta_1 + \gamma_3 + \mu) \mathbf{I}_n^{H_2} - \lambda_2 \mathbf{I}_n^{H_1} \\ (\delta_2 + \gamma_4 + \mu) \mathbf{I}_n^{H_3} - \lambda_3 \mathbf{I}_n^{H_2} \end{pmatrix} \\ &= \mathcal{F}(\mathbf{E}_n, \mathbf{I}_n^a, \mathbf{I}_n^{s_1}, \mathbf{I}_n^{s_2}, \mathbf{I}_n^{H_1}, \mathbf{I}_n^{H_2}, \mathbf{I}_n^{H_3}) - \mathcal{V}(\mathbf{E}_n, \mathbf{I}_n^a, \mathbf{I}_n^{s_1}, \mathbf{I}_n^{s_2}, \mathbf{I}_n^{H_1}, \mathbf{I}_n^{H_2}, \mathbf{I}_n^{H_3}). \end{aligned}$$

où chaque \mathcal{F}_i représente ceux qui proviennent des autres compartiments et entrent dans le compartiment i suite à une infection et $\mathcal{V}_i = \mathcal{V}_i^+ - \mathcal{V}_i^-$ tels que :

- \mathcal{V}_i^+ représente ceux qui entrent en compartiment i pour autres raisons.
- \mathcal{V}_i^- représente ceux qui sortent du compartiment i pour autres raisons.

Soient F et V sont les dérivées de \mathcal{F} et \mathcal{V} au point d'équilibre sans maladie E_0 :

$$F = \begin{pmatrix} 0 & \alpha & \alpha & \alpha & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}$$

et,

$$V = \begin{pmatrix} A & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ -\beta_1 & B & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ -\beta_2 & 0 & C & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -\lambda_1 & D & 0 & 0 & 0 \\ -\beta_3 & 0 & -\varphi & 0 & E & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & -\lambda_2 & F & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & -\lambda_3 & G \end{pmatrix},$$

avec

$$A = \beta_1 + \beta_2 + \beta_3 + \mu$$

$$B = \gamma_1 + \mu$$

$$C = \lambda_1 + \varphi + \mu$$

$$D = \gamma_2 + \mu$$

$$E = \lambda_2 + \mu$$

$$F = \lambda_3 + \delta_1 + \gamma_3 + \mu$$

$$G = \delta_2 + \gamma_4 + \mu$$

L'inverse de V

$$V^{-1} = \begin{pmatrix} \frac{1}{A} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \frac{\beta_1}{AB} & \frac{1}{B} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \frac{\beta_2}{AC} & 0 & \frac{1}{C} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \frac{\lambda_1 \beta_2}{ACD} & 0 & \frac{\lambda_1}{CD} & \frac{1}{D} & 0 & 0 & 0 \\ \frac{(C\beta_3 + \varphi\beta_2)}{ACE} & 0 & \frac{\varphi}{CE} & 0 & \frac{1}{E} & 0 & 0 \\ \frac{(C\lambda_2\beta_3 + \varphi\beta_2\lambda_2)}{ACFE} & 0 & \frac{\varphi\lambda_2}{CFE} & 0 & \frac{\lambda_2}{FE} & \frac{1}{F} & 0 \\ \frac{(C\lambda_2\beta_3\lambda_3 + \varphi\beta_2\lambda_2\lambda_3)}{ACFGE} & 0 & \frac{\varphi\lambda_2\lambda_3}{CFGE} & 0 & \frac{\lambda_2\lambda_3}{FGE} & \frac{\lambda_3}{FG} & \frac{1}{G} \end{pmatrix}$$

et

$$FV^{-1} = \begin{pmatrix} \frac{\alpha\beta_1}{AB} + \frac{\alpha\beta_2}{AC} + \frac{\alpha\lambda_1\beta_2}{ACD} & \frac{\alpha}{B} & \frac{\alpha}{C} + \frac{\alpha\lambda_1}{CD} & \frac{\alpha}{D} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}$$

FV^{-1} est la matrice de la nouvelle génération.

Le taux de reproduction de base R_0 est le rayon spectral de la matrice de la nouvelle génération;

$$R_0 = \rho(-FV^{-1}) = \alpha \frac{\beta_2 (\gamma_1 + \mu) (\gamma_2 + \mu) + \beta_1 (\lambda_1 + \varphi + \mu) (\gamma_2 + \mu) + \lambda_1 \beta_2 (\gamma_1 + \mu)}{(\beta_1 + \beta_2 + \beta_3 + \mu) (\gamma_1 + \mu) (\lambda_1 + \varphi + \mu) (\gamma_2 + \mu)}.$$

4 Les points d'équilibre

Soit l'ensemble invariant positif,

$$\Omega = \{(\mathbf{S}, \mathbf{E}, \mathbf{I}^a, \mathbf{I}^{s_1}, \mathbf{I}^{s_2}, \mathbf{I}^{H_1}, \mathbf{I}^{H_2}, \mathbf{I}^{H_3}, \mathbf{R}) \in \mathbb{R}_+^9 : 0 \leq \mathbf{S} + \mathbf{E} + \mathbf{I}^a + \mathbf{I}^{s_1} + \mathbf{I}^{s_2} + \mathbf{I}^{H_1} + \mathbf{I}^{H_2} + \mathbf{I}^{H_3} + \mathbf{R} \leq 1\}.$$

Théorème 2.1 Notre modèle (2.2) admet deux points d'équilibre, le point d'équilibre sans maladie $E_0 = (1, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0)^T$ et le point d'équilibre endémique

$$E_1 = (\mathbf{S}^*, \mathbf{E}^*, \mathbf{I}^{a*}, \mathbf{I}^{s_1*}, \mathbf{I}^{s_2*}, \mathbf{I}^{H_1*}, \mathbf{I}^{H_2*}, \mathbf{I}^{H_3*}, \mathbf{R}^*)^T,$$

tels que

$$\left\{ \begin{array}{l} \mathbf{S}^* = \frac{1}{R_0} \\ \mathbf{E}^* = \frac{\mu}{(\beta_1 + \beta_2 + \beta_3 + \mu)} \left(\frac{R_0 - 1}{R_0} \right) \\ \mathbf{I}^{a*} = \frac{\mu \beta_1}{(\beta_1 + \beta_2 + \beta_3 + \mu) (\gamma_1 + \mu)} \left(\frac{R_0 - 1}{R_0} \right) \\ \mathbf{I}^{s_1*} = \frac{\mu \beta_2}{(\beta_1 + \beta_2 + \beta_3 + \mu) (\lambda_1 + \varphi + \mu)} \left(\frac{R_0 - 1}{R_0} \right) \\ \mathbf{I}^{s_2*} = \frac{\mu \lambda_1 \beta_2}{(\beta_1 + \beta_2 + \beta_3 + \mu) (\gamma_2 + \mu) (\lambda_1 + \varphi + \mu)} \left(\frac{R_0 - 1}{R_0} \right) \\ \mathbf{I}^{H_1*} = \frac{\mu}{(\lambda_2 + \mu) (\beta_1 + \beta_2 + \beta_3 + \mu)} \left(\beta_3 + \frac{\varphi \beta_2}{(\lambda_1 + \varphi + \mu)} \right) \left(\frac{R_0 - 1}{R_0} \right) \\ \mathbf{I}^{H_2*} = \frac{\mu \lambda_2}{(\lambda_3 + \delta_1 + \gamma_3 + \mu) (\lambda_2 + \mu) (\beta_1 + \beta_2 + \beta_3 + \mu)} \left(\beta_3 + \frac{\varphi \beta_2}{(\lambda_1 + \varphi + \mu)} \right) \left(\frac{R_0 - 1}{R_0} \right) \\ \mathbf{I}^{H_3*} = \frac{\mu \lambda_2 \lambda_3}{(\delta_2 + \gamma_4 + \mu) (\lambda_3 + \delta_1 + \gamma_3 + \mu) (\lambda_2 + \mu) (\beta_1 + \beta_2 + \beta_3 + \mu)} \left(\beta_3 + \frac{\varphi \beta_2}{(\lambda_1 + \varphi + \mu)} \right) \left(\frac{R_0 - 1}{R_0} \right) \\ \mathbf{R}^* = \frac{1}{(\beta_1 + \beta_2 + \beta_3 + \mu)} \left(\frac{\beta_1 \gamma_1}{(\gamma_1 + \mu)} + \frac{\lambda_1 \beta_2 \gamma_2}{(\gamma_2 + \mu) (\lambda_1 + \varphi + \mu)} + \frac{\lambda_2}{(\lambda_2 + \mu) (\lambda_3 + \delta_1 + \gamma_3 + \mu)} \left(\gamma_3 + \frac{\lambda_3 \gamma_4}{(\delta_2 + \gamma_4 + \mu)} \right) \right) \\ \quad \times \left(\beta_3 + \frac{\varphi \beta_2}{(\lambda_1 + \varphi + \mu)} \right) \left(\frac{R_0 - 1}{R_0} \right) \end{array} \right.$$

1. Si $R_0 < 1$ alors E_0 existe et E_1 n'existe pas dans Ω .
2. Si $R_0 > 1$ alors E_0 et E_1 existent dans Ω .

Preuve. Pour obtenir les points d'équilibre, on doit résoudre le système d'équations suivant,

$$\left\{ \begin{array}{l} \mu - \alpha \mathbf{S} (\mathbf{I}^a + \mathbf{I}^{s_1} + \mathbf{I}^{s_2}) - \mu \mathbf{S} = 0 \\ \alpha \mathbf{S} (\mathbf{I}^a + \mathbf{I}^{s_1} + \mathbf{I}^{s_2}) - (\beta_1 + \beta_2 + \beta_3) \mathbf{E} - \mu \mathbf{E} = 0 \\ \beta_1 \mathbf{E} - \gamma_1 \mathbf{I}^a - \mu \mathbf{I}^a = 0 \\ \beta_2 \mathbf{E} - \lambda_1 \mathbf{I}^{s_1} - \varphi \mathbf{I}^{s_1} - \mu \mathbf{I}^{s_1} = 0 \\ \lambda_1 \mathbf{I}^{s_1} - \gamma_2 \mathbf{I}^{s_2} - \mu \mathbf{I}^{s_2} = 0 \\ \beta_3 \mathbf{E} + \varphi \mathbf{I}^{s_1} - \lambda_2 \mathbf{I}^{H_1} - \mu \mathbf{I}^{H_1} = 0 \\ \lambda_2 \mathbf{I}^{H_1} - \lambda_3 \mathbf{I}^{H_2} - \delta_1 \mathbf{I}^{H_2} - \gamma_3 \mathbf{I}^{H_2} - \mu \mathbf{I}^{H_2} = 0 \\ \lambda_3 \mathbf{I}^{H_2} - \delta_2 \mathbf{I}^{H_3} - \gamma_4 \mathbf{I}^{H_3} - \mu \mathbf{I}^{H_3} = 0 \\ \gamma_1 \mathbf{I}^a + \gamma_2 \mathbf{I}^{s_2} + \gamma_3 \mathbf{I}^{H_2} + \gamma_4 \mathbf{I}^{H_3} - \mu \mathbf{R} = 0 \end{array} \right.$$

De l'équation (3), on obtient

$$\mathbf{I}^a = \frac{\beta_1}{(\gamma_1 + \mu)} \mathbf{E}$$

l'équation (4)

$$\mathbf{I}^{s_1} = \frac{\beta_2}{(\lambda_1 + \varphi + \mu)} \mathbf{E}$$

l'équation (5)

$$\mathbf{I}^{s_2} = \frac{\lambda_1 \beta_2}{(\gamma_2 + \mu)(\lambda_1 + \varphi + \mu)} \mathbf{E}$$

On remplace \mathbf{I}^a , \mathbf{I}^{s_1} et \mathbf{I}^{s_2} dans l'équation (2), on obtient

$$\left[\alpha \mathbf{S} \left(\frac{\beta_1}{(\gamma_1 + \mu)} + \frac{\beta_2}{(\lambda_1 + \varphi + \mu)} + \frac{\lambda_1 \beta_2}{(\gamma_2 + \mu)(\lambda_1 + \varphi + \mu)} \right) - (\beta_1 + \beta_2 + \beta_3 + \mu) \right] \mathbf{E} = 0.$$

Il y a deux cas :

1. $\mathbf{E} = 0$, alors, on a le point d'équilibre sans maladie

$$\mathbf{E}_0 = (1, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0)^T$$

2. $\mathbf{E} \neq 0$ et $\alpha \mathbf{S} \left(\frac{\beta_1}{(\gamma_1 + \mu)} + \frac{\beta_2}{(\lambda_1 + \varphi + \mu)} + \frac{\lambda_1 \beta_2}{(\gamma_2 + \mu)(\lambda_1 + \varphi + \mu)} \right) - (\beta_1 + \beta_2 + \beta_3 + \mu) = 0$, on obtient

$$\begin{aligned} \mathbf{S} &= \frac{1}{\alpha} \frac{(\beta_1 + \beta_2 + \beta_3 + \mu)(\gamma_1 + \mu)(\gamma_2 + \mu)(\lambda_1 + \varphi + \mu)}{\beta_1(\gamma_2 + \mu)(\lambda_1 + \varphi + \mu) + \beta_2(\gamma_1 + \mu)(\gamma_2 + \mu) + \lambda_1 \beta_2(\gamma_1 + \mu)} \\ &= \frac{1}{R_0} \end{aligned}$$

car

$$R_0 = \alpha \frac{\beta_2(\gamma_1 + \mu)(\gamma_2 + \mu) + \beta_1(\lambda_1 + \varphi + \mu)(\gamma_2 + \mu) + \lambda_1 \beta_2(\gamma_1 + \mu)}{(\beta_1 + \beta_2 + \beta_3 + \mu)(\gamma_1 + \mu)(\lambda_1 + \varphi + \mu)(\gamma_2 + \mu)}$$

L'équation (1)

$$\mathbf{E} = \frac{\mu}{(\beta_1 + \beta_2 + \beta_3 + \mu)} \left(\frac{R_0 - 1}{R_0} \right)$$

et

$$\begin{cases} \mathbf{I}^a = \frac{\mu \beta_1}{(\beta_1 + \beta_2 + \beta_3 + \mu)(\gamma_1 + \mu)} \left(\frac{R_0 - 1}{R_0} \right) \\ \mathbf{I}^{s_1} = \frac{\mu \beta_2}{(\beta_1 + \beta_2 + \beta_3 + \mu)(\lambda_1 + \varphi + \mu)} \left(\frac{R_0 - 1}{R_0} \right) \\ \mathbf{I}^{s_2} = \frac{\mu \lambda_1 \beta_2}{(\beta_1 + \beta_2 + \beta_3 + \mu)(\gamma_2 + \mu)(\lambda_1 + \varphi + \mu)} \left(\frac{R_0 - 1}{R_0} \right). \end{cases}$$

L'équation (6)

$$\mathbf{I}^{H_1} = \frac{\mu}{(\lambda_2 + \mu)(\beta_1 + \beta_2 + \beta_3 + \mu)} \left(\beta_3 + \frac{\varphi \beta_2}{(\lambda_1 + \varphi + \mu)} \right) \left(\frac{R_0 - 1}{R_0} \right)$$

L'équation (7)

$$\mathbf{I}^{H_2} = \frac{\mu \lambda_2}{(\lambda_3 + \delta_1 + \gamma_3 + \mu)(\lambda_2 + \mu)(\beta_1 + \beta_2 + \beta_3 + \mu)} \left(\beta_3 + \frac{\varphi \beta_2}{(\lambda_1 + \varphi + \mu)} \right) \left(\frac{R_0 - 1}{R_0} \right)$$

L'équation (8)

$$\mathbf{I}^{\text{H}_3} = \frac{\mu \lambda_2 \lambda_3}{(\delta_2 + \gamma_4 + \mu)(\lambda_3 + \delta_1 + \gamma_3 + \mu)(\lambda_2 + \mu)(\beta_1 + \beta_2 + \beta_3 + \mu)} \left(\beta_3 + \frac{\varphi \beta_2}{(\lambda_1 + \varphi + \mu)} \right) \left(\frac{R_0 - 1}{R_0} \right)$$

L'équation (9)

$$\mathbf{R} = \frac{1}{(\beta_1 + \beta_2 + \beta_3 + \mu)} \left(\frac{\beta_1 \gamma_1}{(\gamma_1 + \mu)} + \frac{\lambda_1 \beta_2 \gamma_2}{(\gamma_2 + \mu)(\lambda_1 + \varphi + \mu)} + \frac{\lambda_2}{(\lambda_2 + \mu)(\lambda_3 + \delta_1 + \gamma_3 + \mu)} \right. \\ \left. \left(\gamma_3 + \frac{\lambda_3 \gamma_4}{(\delta_2 + \gamma_4 + \mu)} \right) \left(\beta_3 + \frac{\varphi \beta_2}{(\lambda_1 + \varphi + \mu)} \right) \right) \left(\frac{R_0 - 1}{R_0} \right)$$

Finalement, le point endémique E_1 est donné par

$$E_1 = \left(\begin{array}{c} \frac{1}{R_0} \\ \frac{\mu}{(\beta_1 + \beta_2 + \beta_3 + \mu)} \left(\frac{R_0 - 1}{R_0} \right) \\ \frac{\mu \beta_1}{(\beta_1 + \beta_2 + \beta_3 + \mu)(\gamma_1 + \mu)} \left(\frac{R_0 - 1}{R_0} \right) \\ \frac{\mu \beta_2}{(\beta_1 + \beta_2 + \beta_3 + \mu)(\lambda_1 + \varphi + \mu)} \left(\frac{R_0 - 1}{R_0} \right) \\ \frac{\mu \lambda_1 \beta_2}{(\beta_1 + \beta_2 + \beta_3 + \mu)(\gamma_2 + \mu)(\lambda_1 + \varphi + \mu)} \left(\frac{R_0 - 1}{R_0} \right) \\ \frac{\mu}{(\lambda_2 + \mu)(\beta_1 + \beta_2 + \beta_3 + \mu)} \left(\beta_3 + \frac{\varphi \beta_2}{(\lambda_1 + \varphi + \mu)} \right) \left(\frac{R_0 - 1}{R_0} \right) \\ \frac{\mu \lambda_2}{(\lambda_3 + \delta_1 + \gamma_3 + \mu)(\lambda_2 + \mu)(\beta_1 + \beta_2 + \beta_3 + \mu)} \left(\beta_3 + \frac{\varphi \beta_2}{(\lambda_1 + \varphi + \mu)} \right) \left(\frac{R_0 - 1}{R_0} \right) \\ \frac{\mu \lambda_2 \lambda_3}{(\delta_2 + \gamma_4 + \mu)(\lambda_3 + \delta_1 + \gamma_3 + \mu)(\lambda_2 + \mu)(\beta_1 + \beta_2 + \beta_3 + \mu)} \left(\beta_3 + \frac{\varphi \beta_2}{(\lambda_1 + \varphi + \mu)} \right) \left(\frac{R_0 - 1}{R_0} \right) \\ \frac{1}{(\beta_1 + \beta_2 + \beta_3 + \mu)} \left(\frac{\beta_1 \gamma_1}{(\gamma_1 + \mu)} + \frac{\lambda_1 \beta_2 \gamma_2}{(\gamma_2 + \mu)(\lambda_1 + \varphi + \mu)} + \frac{\lambda_2}{(\lambda_2 + \mu)(\lambda_3 + \delta_1 + \gamma_3 + \mu)} \right) \\ \times \left(\gamma_3 + \frac{\lambda_3 \gamma_4}{(\delta_2 + \gamma_4 + \mu)} \right) \left(\beta_3 + \frac{\varphi \beta_2}{(\lambda_1 + \varphi + \mu)} \right) \left(\frac{R_0 - 1}{R_0} \right) \end{array} \right)$$

Il est clair que si $R_0 < 1$ alors E_0 existe et E_1 n'existe pas dans Ω . Et si $R_0 > 1$ alors E_0 et E_1 existent dans Ω .

■

5 L'étude de la stabilité des points d'équilibres

Dans cette section, on étudie la stabilité asymptotique des points d'équilibres de la section précédente, pour cela, la matrice Jacobienne du système (2.2) s'écrit,

$$J(\mathbf{S}, \mathbf{E}, \mathbf{I}^a, \mathbf{I}^{\text{S}_1}, \mathbf{I}^{\text{S}_2}, \mathbf{I}^{\text{H}_1}, \mathbf{I}^{\text{H}_2}, \mathbf{I}^{\text{H}_3}, \mathbf{R}) \\ = \begin{pmatrix} -(\mu + \alpha(\mathbf{I}^a + \mathbf{I}^{\text{S}_1} + \mathbf{I}^{\text{S}_2})) & 0 & -\alpha \mathbf{S} & -\alpha \mathbf{S} & -\alpha \mathbf{S} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \alpha(\mathbf{I}^{\text{S}_1} + \mathbf{I}^{\text{S}_2}) & -K_2 & \alpha \mathbf{S} & \alpha \mathbf{S} & \alpha \mathbf{S} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \beta_1 & -K_4 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \beta_2 & 0 & -K_5 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \lambda_1 & -K_6 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \beta_3 & 0 & \varphi & 0 & -K_7 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \lambda_2 & -K_3 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \lambda_3 & -K_8 & 0 \\ 0 & 0 & \gamma_1 & 0 & \gamma_2 & 0 & \gamma_3 & \gamma_4 & -\mu \end{pmatrix}$$

avec

$$\left| \begin{array}{l} K_2 = (\beta_1 + \beta_2 + \beta_3 + \mu) \\ K_3 = (\lambda_3 + \delta_1 + \gamma_3 + \mu) \\ K_4 = (\gamma_1 + \mu) \\ K_5 = (\lambda_1 + \varphi + \mu) \end{array} \right| \quad \left| \begin{array}{l} K_6 = (\gamma_2 + \mu) \\ K_7 = (\mu + \lambda_2) \\ K_8 = (\delta_2 + \gamma_4 + \mu) \end{array} \right|$$

Théorème 2.2 *Le point d'équilibre sans maladie du système (2.2), E_0 , est localement asymptotiquement stable dans Ω si $R_0 < 1$.*

Preuve. Le système (2.2) a un unique point d'équilibre sans maladie E_0 ,

$$E_0 = (1, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0)^T$$

dans l'ensemble Ω . La matrice Jacobienne au point E_0 est donnée par,

$$J(E_0) = \begin{pmatrix} -\mu & 0 & -\alpha & -\alpha & -\alpha & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & -K_2 & \alpha & \alpha & \alpha & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \beta_1 & -K_4 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \beta_2 & 0 & -K_5 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \lambda_1 & -K_6 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \beta_3 & 0 & \varphi & 0 & -K_7 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \lambda_2 & -K_3 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \lambda_3 & -K_8 & 0 \\ 0 & 0 & \gamma_1 & 0 & \gamma_2 & 0 & \gamma_3 & \gamma_4 & -\mu \end{pmatrix}$$

Le polynôme caractéristique de $J(E_0)$,

$$P(\lambda) = \lambda^9 + C_8\lambda^8 + C_7\lambda^7 + C_6\lambda^6 + C_5\lambda^5 + C_4\lambda^4 + C_3\lambda^3 + C_2\lambda^2 + C_1\lambda + C_0$$

avec

$$C_0 = \mu^2 K_2 K_3 K_4 K_5 K_6 K_7 K_8 (1 - R_0)$$

$$\begin{aligned} C_1 = & (2\mu K_2 K_3 K_4 K_5 K_6 K_7 K_8 + \mu^2 K_2 K_4 K_5 K_6 (K_3 K_7 + K_3 K_8 + K_7 K_8)) (1 - R_0) \\ & + \mu^2 K_3 K_7 K_8 [K_2 K_4 K_5 + K_2 K_4 K_6 + K_2 K_5 K_6 + K_4 K_5 K_6 - \alpha [(K_4 + K_6) \beta_2 + (K_6 + K_5) \beta_1 + \lambda_1 \beta_2]] \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 C_2 = & K_2K_4K_5K_6 [K_3K_7K_8 + 2\mu (K_3K_7 + K_3K_8 + K_7K_8) + \mu^2 (K_3 + K_7 + K_8)] (1 - R_0) \\
 & + 2\mu K_3K_7K_8 [K_2K_4K_5 + K_2K_4K_6 + K_2K_5K_6 + K_4K_5K_6 - \alpha [(K_5 + K_6)\beta_1 + (K_4 + K_6)\beta_2 + \lambda_1\beta_2]] \\
 & + \mu^2 K_7K_8 [K_2K_4K_5 + K_2K_4K_6 + K_2K_5K_6 + K_4K_5K_6 - \alpha [(K_5 + K_6)\beta_1 + (K_4 + K_6)\beta_2 + \lambda_1\beta_2]] \\
 & + \mu^2 K_3K_7 [K_2K_4K_5 + K_2K_4K_6 + K_2K_5K_6 + K_4K_5K_6 - \alpha [(K_5 + K_6)\beta_1 + (K_4 + K_6)\beta_2 + \lambda_1\beta_2]] \\
 & + \mu^2 K_3K_8 [K_2K_4K_5 + K_2K_4K_6 + K_2K_5K_6 + K_4K_5K_6 - \alpha [(K_5 + K_6)\beta_1 + (K_4 + K_6)\beta_2 + \lambda_1\beta_2]] \\
 & + \mu^2 K_3K_7K_8 [K_2K_4 + K_4K_6 + K_2K_6 + K_2K_5 + K_4K_5 + K_5K_6 - \alpha (\beta_1 + \beta_2)]
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 C_3 = & \mu^2 K_3K_7K_8 (K_4 + K_5 + K_6 + K_2) \\
 & + K_2K_4K_5K_6 [(K_3K_7 + K_3K_8 + K_7K_8) + 2\mu (K_3 + K_7 + K_8) + \mu^2] (1 - R_0) \\
 & + K_3K_7K_8 [K_2K_4K_5 + K_2K_4K_6 + K_2K_5K_6 + K_4K_5K_6 - \alpha ((K_5 + K_6)\beta_1 + (K_4 + K_6)\beta_2 + \lambda_1\beta_2)] \\
 & + 2\mu K_3K_8 [K_2K_4K_5 + K_2K_4K_6 + K_2K_5K_6 + K_4K_5K_6 - \alpha [(K_5 + K_6)\beta_1 + (K_4 + K_6)\beta_2 + \lambda_1\beta_2]] \\
 & + 2\mu K_3K_7 [K_2K_4K_5 + K_2K_4K_6 + K_2K_5K_6 + K_4K_5K_6 - \alpha [(K_5 + K_6)\beta_1 + (K_4 + K_6)\beta_2 + \lambda_1\beta_2]] \\
 & + 2\mu K_7K_8 [K_2K_4K_5 + K_2K_4K_6 + K_2K_5K_6 + K_4K_5K_6 - \alpha [(K_5 + K_6)\beta_1 + (K_4 + K_6)\beta_2 + \lambda_1\beta_2]] \\
 & + \mu^2 K_3 [K_2K_4K_5 + K_2K_4K_6 + K_2K_5K_6 + K_4K_5K_6 - \alpha ((K_5 + K_6)\beta_1 + (K_4 + K_6)\beta_2 + \lambda_1\beta_2)] \\
 & + \mu^2 K_7 [(K_2K_4K_5 + K_2K_4K_6 + K_2K_5K_6 + K_4K_5K_6) - \alpha ((K_5 + K_6)\beta_1 + (K_4 + K_6)\beta_2 + \lambda_1\beta_2)] \\
 & + \mu^2 K_8 [K_2K_4K_5 + K_2K_4K_6 + K_2K_5K_6 + K_4K_5K_6 - \alpha ((K_5 + K_6)\beta_1 + (K_4 + K_6)\beta_2 + \lambda_1\beta_2)] \\
 & + 2\mu K_3K_7K_8 [K_2K_4 + K_2K_5 + K_2K_6 + K_4K_5 + K_4K_6 + K_5K_6 - \alpha (\beta_1 + \beta_2)] \\
 & + \mu^2 K_3K_7 [K_2K_4 + K_2K_5 + K_2K_6 + K_4K_5 + K_4K_6 + K_5K_6 - \alpha (\beta_1 + \beta_2)] \\
 & + \mu^2 K_3K_8 [K_2K_4 + K_2K_5 + K_2K_6 + K_4K_5 + K_4K_6 + K_5K_6 - \alpha (\beta_1 + \beta_2)] \\
 & + \mu^2 K_7K_8 [K_2K_4 + K_2K_5 + K_2K_6 + K_4K_5 + K_4K_6 + K_5K_6 - \alpha (\beta_1 + \beta_2)]
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 C_4 = & 2\mu K_3K_7K_8 (K_5 + K_6 + K_4 + K_2) + \mu^2 K_2K_3K_7 + \mu^2 K_2K_3K_8 + \mu^2 K_3K_4K_7 \\
 & + \mu^2 K_3K_4K_8 + \mu^2 K_3K_5K_7 + \mu^2 K_3K_5K_8 + \mu^2 K_4K_7K_8 + \mu^2 K_5K_7K_8 \\
 & + \mu^2 K_6K_7K_8 + \mu^2 K_3K_6K_7 + \mu^2 K_2K_7K_8 + \mu^2 K_3K_6K_8 + \mu^2 K_3K_7K_8 \\
 & + K_2K_4K_5K_6 (K_3 + K_7 + K_8 + 2\mu) (1 - R_0) \\
 & + K_7K_8 [K_2K_4K_5 + K_2K_4K_6 + K_2K_5K_6 + K_4K_5K_6 - \alpha [(K_5 + K_6)\beta_1 + (K_4 + K_6)\beta_2 + \lambda_1\beta_2]] \\
 & + K_3K_7 [K_2K_4K_5 + K_2K_4K_6 + K_2K_5K_6 + K_4K_5K_6 - \alpha [(K_5 + K_6)\beta_1 + (K_4 + K_6)\beta_2 + \lambda_1\beta_2]] \\
 & + K_3K_8 [K_2K_4K_5 + K_2K_4K_6 + K_2K_5K_6 + K_4K_5K_6 - \alpha [(K_5 + K_6)\beta_1 + (K_4 + K_6)\beta_2 + \lambda_1\beta_2]] \\
 & + 2\mu K_3 [K_2K_4K_5 + K_2K_4K_6 + K_2K_5K_6 + K_4K_5K_6 - \alpha [(K_5 + K_6)\beta_1 + (K_4 + K_6)\beta_2 + \lambda_1\beta_2]] \\
 & + 2\mu K_7 [K_2K_4K_5 + K_2K_4K_6 + K_2K_5K_6 + K_4K_5K_6 - \alpha [(K_5 + K_6)\beta_1 + (K_4 + K_6)\beta_2 + \lambda_1\beta_2]] \\
 & + 2\mu K_8 [K_2K_4K_5 + K_2K_4K_6 + K_2K_5K_6 + K_4K_5K_6 - \alpha [(K_5 + K_6)\beta_1 + (K_4 + K_6)\beta_2 + \lambda_1\beta_2]] \\
 & + \mu^2 [K_2K_4K_5 + K_2K_4K_6 + K_2K_5K_6 + K_4K_5K_6 - \alpha [(K_5 + K_6)\beta_1 + (K_4 + K_6)\beta_2 + \lambda_1\beta_2]] \\
 & + K_3K_7K_8 [(K_2K_4 + K_2K_6 + K_4K_5 + K_4K_6 + K_5K_6 + K_2K_5) - \alpha (\beta_1 + \beta_2)] \\
 & + 2\mu K_3K_7 [K_2K_4 + K_2K_6 + K_4K_5 + K_4K_6 + K_5K_6 + K_2K_5 - \alpha (\beta_1 + \beta_2)] \\
 & + 2\mu K_3K_8 [K_2K_4 + K_2K_6 + K_4K_5 + K_4K_6 + K_5K_6 + K_2K_5 - \alpha (\beta_1 + \beta_2)] \\
 & + 2\mu K_7K_8 [K_2K_4 + K_2K_6 + K_4K_5 + K_4K_6 + K_5K_6 + K_2K_5 - \alpha (\beta_1 + \beta_2)] \\
 & + \mu^2 (K_3 + K_7 + K_8) [K_2K_4 + K_2K_6 + K_4K_5 + K_4K_6 + K_5K_6 + K_2K_5 - \alpha (\beta_1 + \beta_2)]
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 C_5 = & K_3K_7K_8(K_2 + K_4 + K_5 + K_6) + 2\mu K_3K_7K_8 + 2\mu K_3K_7(K_2 + K_4 + K_5 + K_6) \\
 & + 2\mu K_3K_8(K_2 + K_4 + K_5 + K_6) + 2\mu K_7K_8(K_2 + K_4 + K_5 + K_6) \\
 & + \mu^2 K_3(K_2 + K_4 + K_5 + K_6) + \mu^2 K_7(K_2 + K_4 + K_5 + K_6) \\
 & + \mu^2 K_8(K_2 + K_4 + K_5 + K_6) + \mu^2 K_3K_7 + \mu^2 K_3K_8 + \mu^2 K_7K_8 \\
 & + K_2K_4K_5K_6(1 - R_0) \\
 & + K_3 [K_2K_4K_5 + K_2K_4K_6 + K_2K_5K_6 + K_4K_5K_6 - \alpha [(K_5 + K_6)\beta_1 + (K_4 + K_6)\beta_2 + \lambda_1\beta_2]] \\
 & + K_7 [K_2K_4K_5 + K_2K_4K_6 + K_2K_5K_6 + K_4K_5K_6 - \alpha [(K_5 + K_6)\beta_1 + (K_4 + K_6)\beta_2 + \lambda_1\beta_2]] \\
 & + K_8 [K_2K_4K_5 + K_2K_4K_6 + K_2K_5K_6 + K_4K_5K_6 - \alpha [(K_5 + K_6)\beta_1 + (K_4 + K_6)\beta_2 + \lambda_1\beta_2]] \\
 & + 2\mu [K_2K_4K_5 + K_2K_4K_6 + K_2K_5K_6 + K_4K_5K_6 - \alpha [(K_5 + K_6)\beta_1 + (K_4 + K_6)\beta_2 + \lambda_1\beta_2]] \\
 & + K_3K_7 [K_2K_4 + K_2K_5 + K_2K_6 + K_4K_5 + K_4K_6 + K_5K_6 - \alpha (\beta_1 + \beta_2)] \\
 & + K_3K_8 [K_2K_4 + K_2K_5 + K_2K_6 + K_4K_5 + K_4K_6 + K_5K_6 - \alpha (\beta_1 + \beta_2)] \\
 & + K_7K_8 [K_2K_4 + K_2K_5 + K_2K_6 + K_4K_5 + K_4K_6 + K_5K_6 - \alpha (\beta_1 + \beta_2)] \\
 & + 2\mu (K_3 + K_7 + K_8) [K_2K_4 + K_2K_5 + K_2K_6 + K_4K_5 + K_4K_6 + K_5K_6 - \alpha (\beta_1 + \beta_2)] \\
 & + \mu^2 [K_2K_4 + K_2K_5 + K_2K_6 + K_4K_5 + K_4K_6 + K_5K_6 - \alpha (\beta_1 + \beta_2)]
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 C_6 = & K_3K_7K_8 + K_3K_7(K_2 + K_4 + K_5 + K_6) + K_3K_8(K_2 + K_4 + K_5 + K_6) \\
 & + K_7K_8(K_2 + K_4 + K_5 + K_6) + 2\mu (K_3 + K_7 + K_8)(K_2 + K_4 + K_5 + K_6) \\
 & + 2\mu K_3K_7 + 2\mu K_3K_8 + 2\mu K_7K_8 + \mu^2 (K_2 + K_3 + K_4 + K_5 + K_6 + K_7 + K_8) \\
 & + [K_2K_5K_6 + K_4K_5K_6 + K_2K_4K_6 + K_2K_4K_5 - \alpha [(K_5 + K_6)\beta_1 + (K_4 + K_6)\beta_2 + \lambda_1\beta_2]] \\
 & + (K_3 + K_7 + K_8) [K_2K_4 + K_2K_5 + K_2K_6 + K_4K_5 + K_4K_6 + K_5K_6 - \alpha (\beta_1 + \beta_2)] \\
 & + 2\mu [K_2K_4 + K_2K_5 + K_2K_6 + K_4K_5 + K_4K_6 + K_5K_6 - \alpha (\beta_2 + \beta_1)]
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 C_7 = & (K_3 + K_7 + K_8)(K_2 + K_4 + K_5 + K_6) \\
 & + 2\mu (K_2 + K_3 + K_4 + K_5 + K_6 + K_7 + K_8) + K_3K_7 + K_3K_8 + K_7K_8 + \mu^2 \\
 & + [K_2K_4 + K_2K_5 + K_2K_6 + K_4K_5 + K_4K_6 + K_5K_6 - \alpha (\beta_1 + \beta_2)]
 \end{aligned}$$

$$C_8 = (2\mu + K_2 + K_3 + K_4 + K_5 + K_6 + K_7 + K_8)$$

On rappelle que les constantes $(K_i)_{i=2,\dots,8}$ sont positives et le nombre de reproduction de base,

$$R_0 = \alpha \frac{K_4K_6\beta_2 + K_5K_6\beta_1 + \lambda_1\beta_2K_4}{K_2K_4K_5K_6}$$

et, on a aussi

$$\begin{aligned}
 & \alpha [(K_4 + K_6)\beta_2 + (K_6 + K_5)\beta_1 + \lambda_1\beta_2] \tag{2.3} \\
 = & \alpha \left[K_4K_6\beta_2 \left(\frac{1}{K_4} + \frac{1}{K_6} \right) + K_5K_6\beta_1 \left(\frac{1}{K_5} + \frac{1}{K_6} \right) + \lambda_1\beta_2K_4 \left(\frac{1}{K_4} \right) \right] \\
 < & \left(\frac{1}{K_4} + \frac{1}{K_5} + \frac{1}{K_6} \right) \alpha [K_4K_6\beta_2 + K_5K_6\beta_1 + \lambda_1\beta_2K_4] \\
 < & \left(\frac{1}{K_4} + \frac{1}{K_5} + \frac{1}{K_6} \right) K_2K_4K_5K_6R_0 \\
 < & (K_2K_4K_5 + K_2K_4K_6 + K_2K_5K_6) R_0
 \end{aligned}$$

de même

$$\begin{aligned}
 & \alpha(\beta_1 + \beta_2) \tag{2.4} \\
 = & \alpha \left(K_5 K_6 \beta_1 \frac{1}{K_5 K_6} + \beta_2 K_4 K_6 \frac{1}{K_4 K_6} \right) \\
 < & \left(\frac{1}{K_5 K_6} + \frac{1}{K_4 K_6} \right) \alpha (K_5 K_6 \beta_1 + \beta_2 K_4 K_6) + \left(\frac{1}{K_5 K_6} + \frac{1}{K_4 K_6} \right) \alpha \lambda_1 \beta_2 K_4 \\
 < & \left(\frac{1}{K_5 K_6} + \frac{1}{K_4 K_6} \right) K_2 K_4 K_5 K_6 R_0 \\
 < & (K_2 K_4 + K_2 K_5) R_0
 \end{aligned}$$

Alors,

$$C_0 = \mu^2 K_2 K_3 K_4 K_5 K_6 K_7 K_8 (1 - R_0)$$

$$\begin{aligned}
 C_1 > & \mu^2 K_3 K_4 K_5 K_6 K_7 K_8 \\
 & + \mu^2 K_3 K_7 K_8 (K_2 K_4 K_5 + K_2 K_4 K_6 + K_2 K_5 K_6) (1 - R_0) \\
 & + (2\mu K_2 K_3 K_4 K_5 K_6 K_7 K_8 + \mu^2 K_2 K_4 K_5 K_6 (K_3 K_7 + K_3 K_8 + K_7 K_8)) (1 - R_0)
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 C_2 > & K_2 K_4 K_5 K_6 (K_3 K_7 K_8 + 2\mu (K_3 K_7 + K_3 K_8 + K_7 K_8) + \mu^2 (K_3 + K_7 + K_8)) \\
 & + K_4 K_5 K_6 (2\mu K_3 K_7 K_8 + \mu^2 K_7 K_8 + \mu^2 K_3 K_7 + \mu^2 K_3 K_8) \\
 & + \mu^2 K_3 K_7 K_8 [K_4 K_6 + K_2 K_6 + K_4 K_5 + K_5 K_6] \\
 & + 2\mu K_3 K_7 K_8 (K_2 K_4 K_5 + K_2 K_4 K_6 + K_2 K_5 K_6) (1 - R_0) \\
 & + \mu^2 K_7 K_8 (K_2 K_4 K_5 + K_2 K_4 K_6 + K_2 K_5 K_6) (1 - R_0) \\
 & + \mu^2 K_3 K_7 (K_2 K_4 K_5 + K_2 K_4 K_6 + K_2 K_5 K_6) (1 - R_0) \\
 & + \mu^2 K_3 K_8 (K_2 K_4 K_5 + K_2 K_4 K_6 + K_2 K_5 K_6) (1 - R_0) \\
 & + \mu^2 K_3 K_7 K_8 (K_2 K_4 + K_2 K_5) (1 - R_0)
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 C_3 > & \mu^2 K_3 K_7 K_8 (K_4 + K_5 + K_6 + K_2) \\
 & + K_4 K_5 K_6 (K_3 K_7 K_8 + 2\mu K_3 K_8 + 2\mu K_3 K_7 + 2\mu K_7 K_8 + \mu^2 K_3 + \mu^2 K_7 + \mu^2 K_8) \\
 & + (K_2 K_6 + K_4 K_5 + K_4 K_6 + K_5 K_6) (2\mu K_3 K_7 K_8 + \mu^2 K_3 K_7 + \mu^2 K_3 K_8 + \mu^2 K_7 K_8) \\
 & + K_2 K_4 K_5 K_6 (K_3 K_7 + K_3 K_8 + K_7 K_8 + 2\mu K_3 + 2\mu K_7 + 2\mu K_8 + \mu^2) (1 - R_0) \\
 & + K_3 K_7 K_8 (K_2 K_4 K_5 + K_2 K_4 K_6 + K_2 K_5 K_6) (1 - R_0) \\
 & + 2\mu K_3 K_8 (K_2 K_4 K_5 + K_2 K_4 K_6 + K_2 K_5 K_6) (1 - R_0) \\
 & + 2\mu K_3 K_7 (K_2 K_4 K_5 + K_2 K_4 K_6 + K_2 K_5 K_6) (1 - R_0) \\
 & + 2\mu K_7 K_8 (K_2 K_4 K_5 + K_2 K_4 K_6 + K_2 K_5 K_6) (1 - R_0) \\
 & + \mu^2 K_3 (K_2 K_4 K_5 + K_2 K_4 K_6 + K_2 K_5 K_6) (1 - R_0) \\
 & + \mu^2 K_7 (K_2 K_4 K_5 + K_2 K_4 K_6 + K_2 K_5 K_6) (1 - R_0) \\
 & + \mu^2 K_8 (K_2 K_4 K_5 + K_2 K_4 K_6 + K_2 K_5 K_6) (1 - R_0) \\
 & + 2\mu K_3 K_7 K_8 (K_2 K_4 + K_2 K_5) (1 - R_0) \\
 & + \mu^2 K_3 K_7 (K_2 K_4 + K_2 K_5) (1 - R_0) \\
 & + \mu^2 K_3 K_8 (K_2 K_4 + K_2 K_5) (1 - R_0) \\
 & + \mu^2 K_7 K_8 (K_2 K_4 + K_2 K_5) (1 - R_0)
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 C_4 > & 2\mu K_3 K_7 K_8 (K_5 + K_6 + K_4 + K_2) \\
 & + \mu^2 K_2 K_3 K_7 + \mu^2 K_2 K_3 K_8 + \mu^2 K_3 K_4 K_7 \\
 & + \mu^2 K_3 K_4 K_8 + \mu^2 K_3 K_5 K_7 + \mu^2 K_3 K_5 K_8 \\
 & + \mu^2 K_4 K_7 K_8 + \mu^2 K_5 K_7 K_8 + \mu^2 K_6 K_7 K_8 \\
 & + \mu^2 K_3 K_6 K_7 + \mu^2 K_2 K_7 K_8 + \mu^2 K_3 K_6 K_8 + \mu^2 K_3 K_7 K_8 \\
 & + K_4 K_5 K_6 (K_7 K_8 + K_3 K_7 + K_3 K_8 + 2\mu K_3 + 2\mu K_7 + 2\mu K_8 + \mu^2) \\
 & + \mu^2 (K_3 + K_7 + K_8) (K_2 K_6 + K_4 K_5 + K_4 K_6 + K_5 K_6) \\
 & + K_3 K_7 K_8 (K_2 K_6 + K_4 K_5 + K_4 K_6 + K_5 K_6) \\
 & + 2\mu K_3 K_7 (K_2 K_6 + K_4 K_5 + K_4 K_6 + K_5 K_6) \\
 & + 2\mu K_3 K_8 (K_2 K_6 + K_4 K_5 + K_4 K_6 + K_5 K_6) \\
 & + 2\mu K_7 K_8 (K_2 K_6 + K_4 K_5 + K_4 K_6 + K_5 K_6) \\
 & + K_2 K_4 K_5 K_6 (K_3 + K_7 + K_8 + 2\mu) (1 - R_0) \\
 & + K_7 K_8 (K_2 K_4 K_5 + K_2 K_4 K_6 + K_2 K_5 K_6) (1 - R_0) \\
 & + K_3 K_7 (K_2 K_4 K_5 + K_2 K_4 K_6 + K_2 K_5 K_6) (1 - R_0) \\
 & + K_3 K_8 (K_2 K_4 K_5 + K_2 K_4 K_6 + K_2 K_5 K_6) (1 - R_0) \\
 & + 2\mu K_3 (K_2 K_4 K_5 + K_2 K_4 K_6 + K_2 K_5 K_6) (1 - R_0) \\
 & + 2\mu K_7 (K_2 K_4 K_5 + K_2 K_4 K_6 + K_2 K_5 K_6) (1 - R_0) \\
 & + 2\mu K_8 (K_2 K_4 K_5 + K_2 K_4 K_6 + K_2 K_5 K_6) (1 - R_0) \\
 & + \mu^2 (K_2 K_4 K_5 + K_2 K_4 K_6 + K_2 K_5 K_6) (1 - R_0) \\
 & + K_3 K_7 K_8 (K_2 K_4 + K_2 K_5) (1 - R_0) \\
 & + 2\mu K_3 K_7 (K_2 K_4 + K_2 K_5) (1 - R_0) \\
 & + 2\mu K_3 K_8 (K_2 K_4 + K_2 K_5) (1 - R_0) \\
 & + 2\mu K_7 K_8 (K_2 K_4 + K_2 K_5) (1 - R_0) \\
 & + \mu^2 (K_3 + K_7 + K_8) (K_2 K_4 + K_2 K_5) (1 - R_0)
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 C_5 > & K_3 K_7 K_8 (K_2 + K_4 + K_5 + K_6) + 2\mu K_3 K_7 K_8 + 2\mu K_3 K_7 (K_2 + K_4 + K_5 + K_6) \\
 & + 2\mu K_3 K_8 (K_2 + K_4 + K_5 + K_6) + 2\mu K_7 K_8 (K_2 + K_4 + K_5 + K_6) \\
 & + \mu^2 K_3 (K_2 + K_4 + K_5 + K_6) + \mu^2 K_7 (K_2 + K_4 + K_5 + K_6) \\
 & + \mu^2 K_8 (K_2 + K_4 + K_5 + K_6) + \mu^2 K_3 K_7 + \mu^2 K_3 K_8 + \mu^2 K_7 K_8 \\
 & + K_4 K_5 K_6 (K_3 + K_7 + K_8 + 2\mu) \\
 & + (K_2 K_6 + K_4 K_5 + K_4 K_6 + K_5 K_6) (K_3 K_7 + K_3 K_8 + K_7 K_8 + 2\mu (K_3 + K_7 + K_8) + \mu^2) \\
 & + K_2 K_4 K_5 K_6 (1 - R_0) \\
 & + K_3 (K_2 K_4 K_5 + K_2 K_4 K_6 + K_2 K_5 K_6) (1 - R_0) \\
 & + K_7 (K_2 K_4 K_5 + K_2 K_4 K_6 + K_2 K_5 K_6) (1 - R_0) \\
 & + K_8 (K_2 K_4 K_5 + K_2 K_4 K_6 + K_2 K_5 K_6) (1 - R_0) \\
 & + 2\mu (K_2 K_4 K_5 + K_2 K_4 K_6 + K_2 K_5 K_6) (1 - R_0) \\
 & + K_3 K_7 (K_2 K_4 + K_2 K_5) (1 - R_0) \\
 & + K_3 K_8 (K_2 K_4 + K_2 K_5) (1 - R_0) \\
 & + K_7 K_8 (K_2 K_4 + K_2 K_5) (1 - R_0) \\
 & + 2\mu (K_3 + K_7 + K_8) (K_2 K_4 + K_2 K_5) (1 - R_0) \\
 & + \mu^2 (K_2 K_4 + K_2 K_5) (1 - R_0)
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 C_6 &> K_3K_7K_8 + K_3K_7(K_2 + K_4 + K_5 + K_6) + K_3K_8(K_2 + K_4 + K_5 + K_6) \\
 &+ K_7K_8(K_2 + K_4 + K_5 + K_6) + 2\mu(K_3 + K_7 + K_8)(K_2 + K_4 + K_5 + K_6) \\
 &+ 2\mu K_3K_7 + 2\mu K_3K_8 + 2\mu K_7K_8 + \mu^2(K_2 + K_3 + K_4 + K_5 + K_6 + K_7 + K_8) \\
 &+ K_4K_5K_6 + (K_2K_6 + K_4K_5 + K_4K_6 + K_5K_6)(K_3 + K_7 + K_8 + 2\mu) \\
 &+ (K_2K_4K_5 + K_2K_4K_6 + K_2K_5K_6)(1 - R_0) \\
 &+ (K_3 + K_7 + K_8)(K_2K_4 + K_2K_5)(1 - R_0) \\
 &+ 2\mu(K_2K_4 + K_2K_5)(1 - R_0)
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 C_7 &> (K_3 + K_7 + K_8)(K_2 + K_4 + K_5 + K_6) \\
 &+ 2\mu(K_2 + K_3 + K_4 + K_5 + K_6 + K_7 + K_8) + K_3K_7 + K_3K_8 + K_7K_8 + \mu^2 \\
 &+ K_2K_6 + K_4K_5 + K_4K_6 + K_5K_6 \\
 &+ (K_2K_4 + K_2K_5)(1 - R_0)
 \end{aligned}$$

$$C_8 = (2\mu + K_2 + K_3 + K_4 + K_5 + K_6 + K_7 + K_8)$$

Finalemnt, si $R_0 < 1$, alors les coefficients du polynôme caractéristique C_i , $i = 0, \dots, 8$ sont tous positifs, et selon la règle de Descartes, tous les valeurs propres sont négatives, donc E_0 est localement asymptotiquement stable dans Ω . ■

Théorème 2.3 *Le point d'équilibre endémique du système (2.2) E_1 , est localement asymptotiquement stable dans Ω si $R_0 > 1$*

Preuve. Le système (2.2) a un unique point d'équilibre endémique E_1 , dans l'ensemble Ω . La matrice Jacobienne au point E_1 est donnée par,

$$J(E_1) = \begin{pmatrix}
 -(\mu + \alpha\mu(R_0 - 1)) & 0 & -\frac{\alpha}{R_0} & -\frac{\alpha}{R_0} & -\frac{\alpha}{R_0} & 0 & 0 & 0 & 0 \\
 \alpha\mu(R_0 - 1) & -K_2 & \frac{\alpha}{R_0} & \frac{\alpha}{R_0} & \frac{\alpha}{R_0} & 0 & 0 & 0 & 0 \\
 0 & \beta_1 & -K_4 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\
 0 & \beta_2 & 0 & -K_5 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\
 0 & 0 & 0 & \lambda_1 & -K_6 & 0 & 0 & 0 & 0 \\
 0 & \beta_3 & 0 & \varphi & 0 & -K_7 & 0 & 0 & 0 \\
 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \lambda_2 & -K_3 & 0 & 0 \\
 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \lambda_3 & -K_8 & 0 \\
 0 & 0 & 0 & \gamma_1 & 0 & \gamma_2 & 0 & \gamma_3 & \gamma_4 & -\mu
 \end{pmatrix}$$

Les valeurs propres de $J(E_1)$ sont $\{-\mu, -K_3, -K_7, -K_8, \rho_1\}$, où ρ_1 est l'ensemble des racines du polynôme suivant,

$$P(Z) = Z^5 + C_4Z^4 + C_3Z^3 + C_2Z^2 + C_1Z + C_0 \quad (2.5)$$

avec

$$C_0 = \alpha\mu K_2K_4K_5K_6(R_0 - 1)$$

$$\begin{aligned}
 C_1 &= \alpha\mu(K_2K_4K_5 + K_2K_4K_6 + K_2K_5K_6 + K_4K_5K_6)(R_0 - 1) \\
 &+ \mu(K_2K_4K_5 + K_2K_4K_6 + K_2K_5K_6 + K_4K_5K_6) \\
 &- \frac{\mu}{R_0}\alpha[\beta_1(K_5 + K_6) + \beta_2(K_4 + K_6) + \lambda_1\beta_2]
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 C_2 = & \alpha\mu (K_2K_4 + K_2K_5 + K_2K_6 + K_4K_5 + K_4K_6 + K_5K_6) (R_0 - 1) \\
 & + (K_2K_4K_5 + K_2K_4K_6 + K_2K_5K_6 + K_4K_5K_6) \\
 & - \frac{1}{R_0} \alpha [\beta_1 (K_5 + K_6) + \beta_2 (K_4 + K_6) + \lambda_1\beta_2] \\
 & + \mu (K_2K_4 + K_2K_5 + K_2K_6 + K_4K_5 + K_4K_6 + K_5K_6) \\
 & - \frac{\mu}{R_0} \alpha (\beta_1 + \beta_2)
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 C_3 = & \mu (K_2 + K_4 + K_5 + K_6) \\
 & + \alpha\mu (K_2 + K_4 + K_5 + K_6) (R_0 - 1) \\
 & + (K_2K_4 + K_2K_5 + K_2K_6 + K_4K_5 + K_4K_6 + K_5K_6) \\
 & - \frac{1}{R_0} \alpha (\beta_1 + \beta_2)
 \end{aligned}$$

$$C_4 = \mu + K_2 + K_4 + K_5 + K_6 + \alpha\mu (R_0 - 1)$$

D'après (2.3) et (2.4), on a,

$$C_0 = \alpha\mu K_2K_4K_5K_6 (R_0 - 1)$$

$$\begin{aligned}
 C_1 > & \mu K_4K_5K_6 \\
 & + \alpha\mu (K_2K_4K_5 + K_2K_4K_6 + K_2K_5K_6 + K_4K_5K_6) (R_0 - 1)
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 C_2 > & K_4K_5K_6 + \mu (K_2K_6 + K_4K_5 + K_4K_6 + K_5K_6) \\
 & + \alpha\mu (K_2K_4 + K_2K_5 + K_2K_6 + K_4K_5 + K_4K_6 + K_5K_6) (R_0 - 1)
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 C_3 > & \mu (K_2 + K_4 + K_5 + K_6) \\
 & + K_2K_6 + K_4K_5 + K_4K_6 + K_5K_6 \\
 & + \alpha\mu (K_2 + K_4 + K_5 + K_6) (R_0 - 1)
 \end{aligned}$$

$$C_4 = \mu + K_2 + K_4 + K_5 + K_6 + \alpha\mu (R_0 - 1)$$

Finalemnt, si $R_0 > 1$, alors les coefficients du polynôme (2.5) $(C_i)_{i=0,\dots,4}$ sont tous positifs ,d'après la règle de Descartes, tous les racines de ce polynôme sont négatives, donc les valeurs propres de $J(E_1)$ sont négatives .C'est pourquoi E_1 est localement asymptotiquement stable dans Ω . ■

Chapitre 3

Simulation numérique de notre modèle

Afin de comprendre pour prévoir l'évolution et le mode de transmission du Covid-19, on présente quelques résultats obtenus par la simulation numérique du modèle proposé au chapitre 2.

Dans ce chapitre, on confirme d'abord les résultats théoriques de les sections 4 et 5 du chapitre 2, puis, on effectue une simulation numérique du modèle proposé, en considérant plusieurs scénarios, en variant les paramètres α , γ_1 , γ_2 , γ_3 et γ_4 , pour voir leurs impacts sur l'évolution du Covid-19.

Par la suite, on considère une population de taille $N = 45,000,000$ (la population de l'Algérie), on fixe le pas pour notre modèle discret à 5 jours. Un taux de mortalité naturelle de 12 décès pour 1000 habitants par an, c.à.d. sur un pas de 5 jours $\mu = 1.644e - 4$.

1 Stabilité numérique des points d'équilibres

Cette section contient la confirmation numérique de la stabilité des points d'équilibre E_0 et E_1 qu'on a déjà étudiés théoriquement dans les sections 4 et 5 du chapitre 2.

1.1 Le point d'équilibre sans maladie E_0

On prend les valeurs des paramètres opérationnels du tableau 3.1.

α	β_1	β_2	β_3	γ_1	γ_2	γ_3	
0.24	0.55	0.30	0.15	0.22	0.176	0.088	
γ_4	λ_1	λ_2	λ_3	φ	δ_1	δ_2	μ
0.132	0.7998	0.9998	0.99984	0.2	0.02	0.04	$1.6440e^{-04}$

TABLEAU 3.1 – les valeurs des paramètres opérationnels pour stabilité de E_0 .

La figure 3.1 montre la convergence du point sans maladie E_0 dans le graphe 3D de (Susceptibles, Exposés, Infectés).

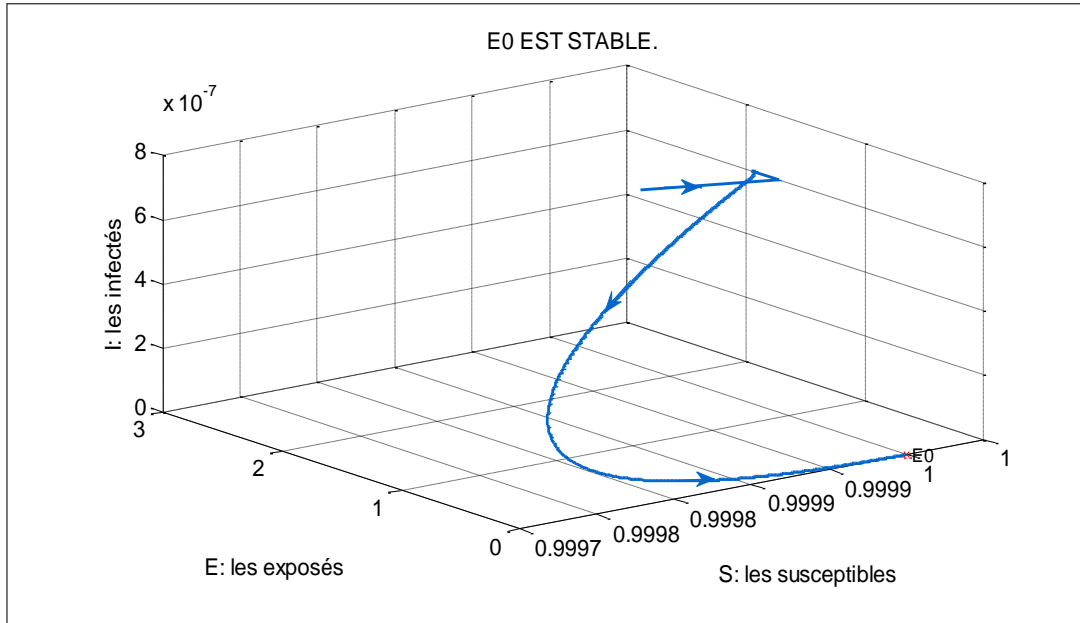


FIGURE 3.1 – Stabilité du point sans maladie E_0 ($S_0 = 44,999,965$, $E_0 = 10$ (exposés), $I_0^a = 10$, $I_0^{s_1} = 10$, $I_0^{s_2} = 0$, $I_0^{H_1} = 5$, $I_0^{H_2} = 0$, $I_0^{H_3} = 0$, $R_0 = 0$ (immunisé), et $D_0 = 0$ sont les conditions initiales).

D'après la figure 3.1, on voit bien qu'après un temps assez grand la solution du système converge vers le point d'équilibre sans maladie $E_0 = (1, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0)^T$, ça veut dire la disparition de la Covid 19, car $R_0 = 0.998 < 1$, d'où ce point est localement asymptotiquement stable dans l'ensemble Ω . Le calcul numérique montre aussi le non existence du point endémique E_1 dans Ω ,

$$E_1 = \begin{pmatrix} 1.001714965150673 \\ -0.000000281893927 \\ -0.000000704208583 \\ -0.000000084568178 \\ -0.000000383963159 \\ -0.000000059197725 \\ -0.000000053418766 \\ -0.000000310226643 \\ -0.001631108105290 \end{pmatrix}$$

1.2 Le point d'équilibre endémique E_1

Pour les valeurs des paramètres opérationnels du tableau 3.2.

α	β_1	β_2	β_3	γ_1	γ_2	γ_3	
0.45	0.55	0.30	0.15	0.15	0.12	0.09	
γ_4	λ_1	λ_2	λ_3	φ	δ_1	δ_2	μ
0.06	0.79984	0.99984	0.99984	0.2	$0.2e^{-04}$	$0.4e^{-04}$	$1.644e^{-04}$

TABLEAU 3.2 – les valeurs des paramètres opérationnels pour stabilité de E_1 .

La figure 3.2 illustre la convergence du point endémique E_1 dans le graphe 3D de (Susceptibles, Exposés, Infectés).

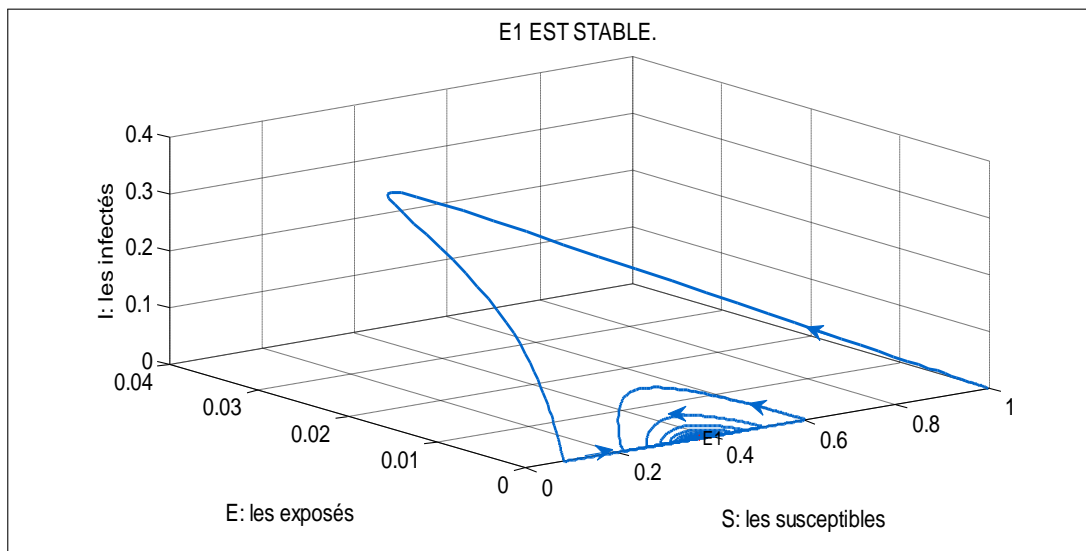


FIGURE 3.2 – Stabilité du point endémique E_1 ($S_0 = 44,999,965$, $E_0 = 10$ (exposés), $I_0^a = 10$, $I_0^{S_1} = 10$, $I_0^{S_2} = 0$, $I_0^{H_1} = 5$, $I_0^{H_2} = 0$, $I_0^{H_3} = 0$, $R_0 = 0$ (immunisé), et $D_0 = 0$ sont les conditions initiales).

À partir de la figure 3.2, on remarque qu'après une trop longue période la solution du système converge vers le point d'équilibre endémique

$$E_1 = \begin{pmatrix} 0.372948305360638 \\ 0.000103070353833 \\ 0.000377510878796 \\ 0.000030921106150 \\ 0.000205816377313 \\ 0.000021644774305 \\ 0.000020415856214 \\ 0.000226291620444 \\ 0.626008481203074 \end{pmatrix}$$

autrement dit la Covid-19 persiste parce que $R_0 = 2.6813 > 1$, Alors le point d'équilibre E_1 est localement asymptotiquement stable dans l'ensemble Ω .

2 Simulation de quelques scenarios

Dans cette section on va simuler deux scenarios :

- L'influence des mesures non pharmaceutiques (port de masque, le confinement, le distanciation, ...) pour faire face à la maladie, qui sont représentées par le paramètre α dans notre modèle.
- L'influence de la prise en charge des autorités pour la maladie qui est représentée par les paramètres $\gamma_1, \gamma_2, \gamma_3$ et γ_4 .

2.1 L'influence de α

L'un des plus grands problèmes rencontrés par les autorités dans la maîtrise de la propagation du Covid-19 est de sensibiliser les gens à respecter les mesures de protection contre le Covid-19. Dans notre modèle, le paramètre α le taux d'infection est en relation avec ces mesures. Notre but dans cette sous section est de simuler ce paramètre pour voir son impact sur la propagation de cette maladie.

En variant la valeur de $\alpha = (0.45//0.55//0.65)$, on obtient les résultats dans les figures 3.3-3.4-3.5-3.6-3.7.

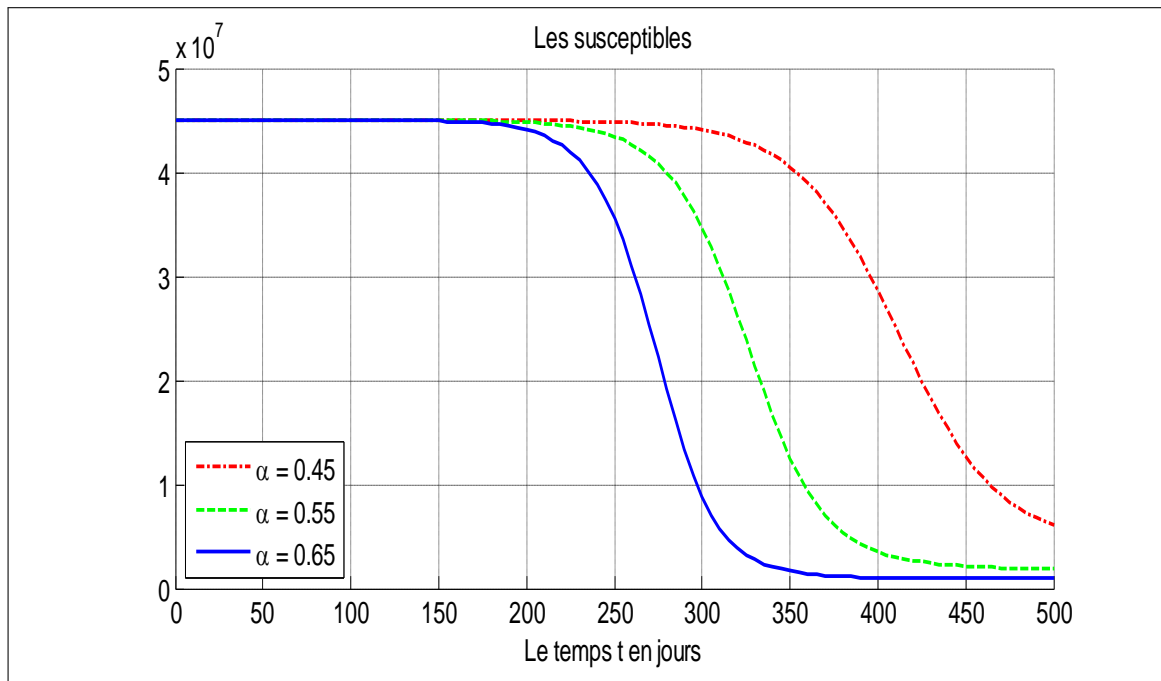


FIGURE 3.3 – Effet de mesures de protection sur les susceptibles ($S_0 = 44,999,965$, $E_0 = 10$ (exposés), $I_0^a = 10$, $I_0^{s_1} = 10$, $I_0^{s_2} = 0$, $I_0^{H_1} = 5$, $I_0^{H_2} = 0$, $I_0^{H_3} = 0$, $R_0 = 0$ (immunisé), et $D_0 = 0$ sont les conditions initiales).

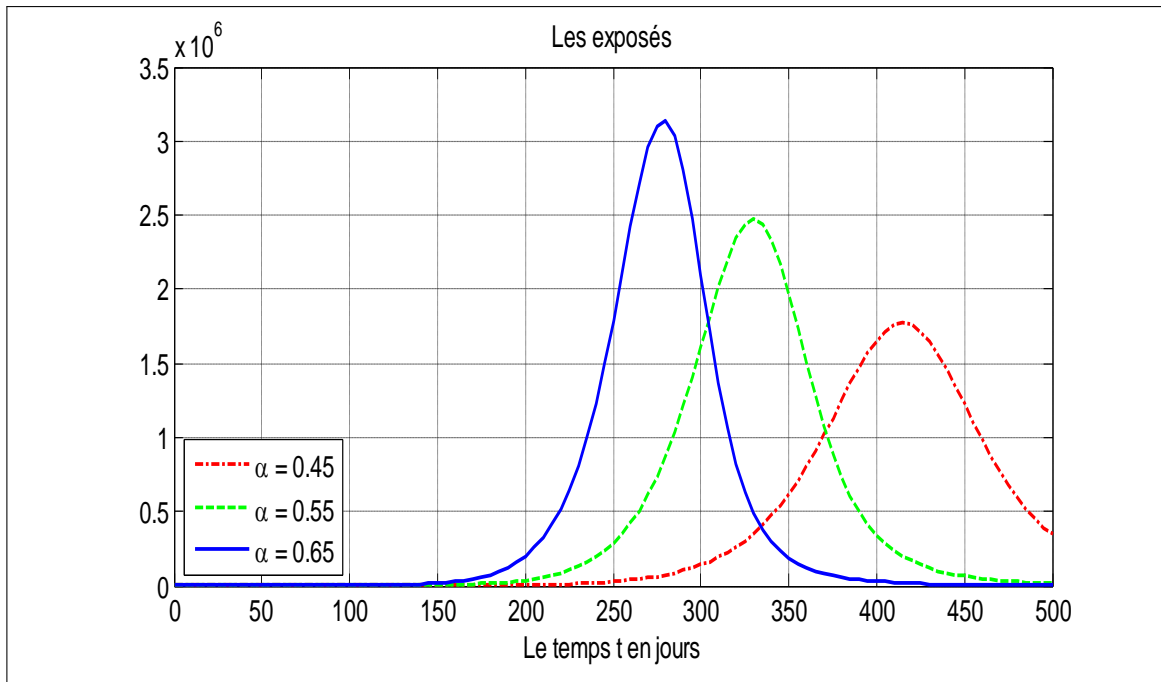


FIGURE 3.4 – Effet de mesures de protection sur les exposés ($S_0 = 44,999,965$, $E_0 = 10$ (exposés), $I_0^a = 10$, $I_0^{s_1} = 10$, $I_0^{s_2} = 0$, $I_0^{H_1} = 5$, $I_0^{H_2} = 0$, $I_0^{H_3} = 0$, $R_0 = 0$ (immunisé), et $D_0 = 0$ sont les conditions initiales).

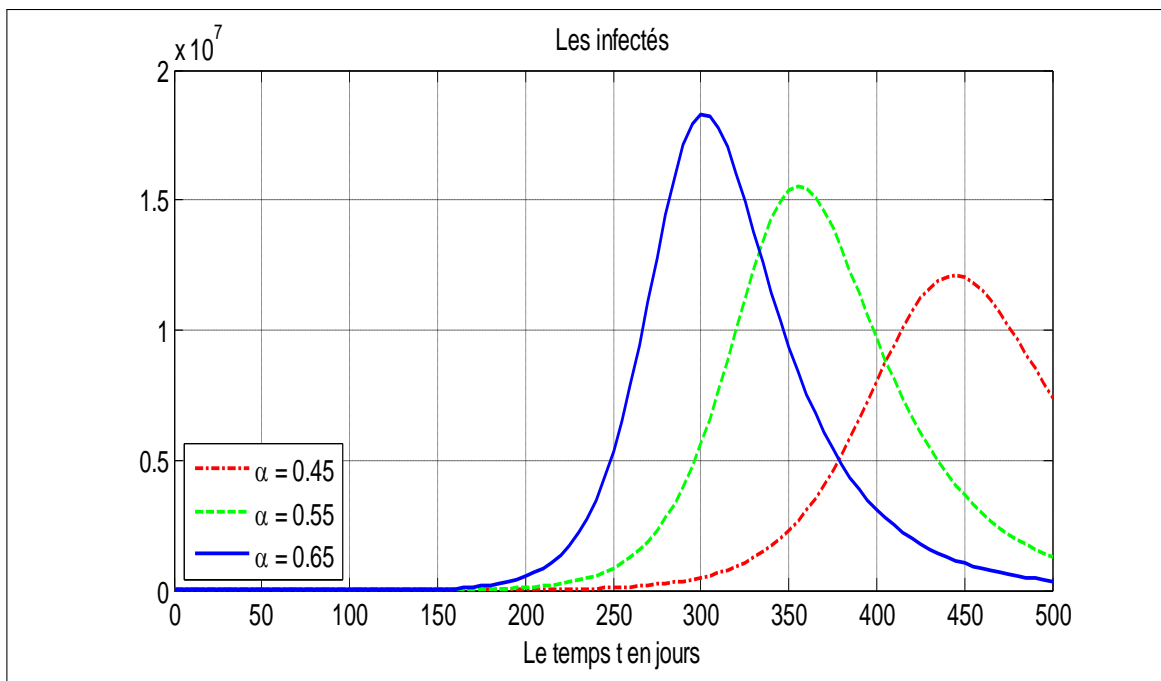


FIGURE 3.5 – Effet de mesures de protection sur les infectés ($S_0 = 44,999,965$, $E_0 = 10$ (exposés), $I_0^a = 10$, $I_0^{s_1} = 10$, $I_0^{s_2} = 0$, $I_0^{H_1} = 5$, $I_0^{H_2} = 0$, $I_0^{H_3} = 0$, $R_0 = 0$ (immunisé), et $D_0 = 0$ sont les conditions initiales).

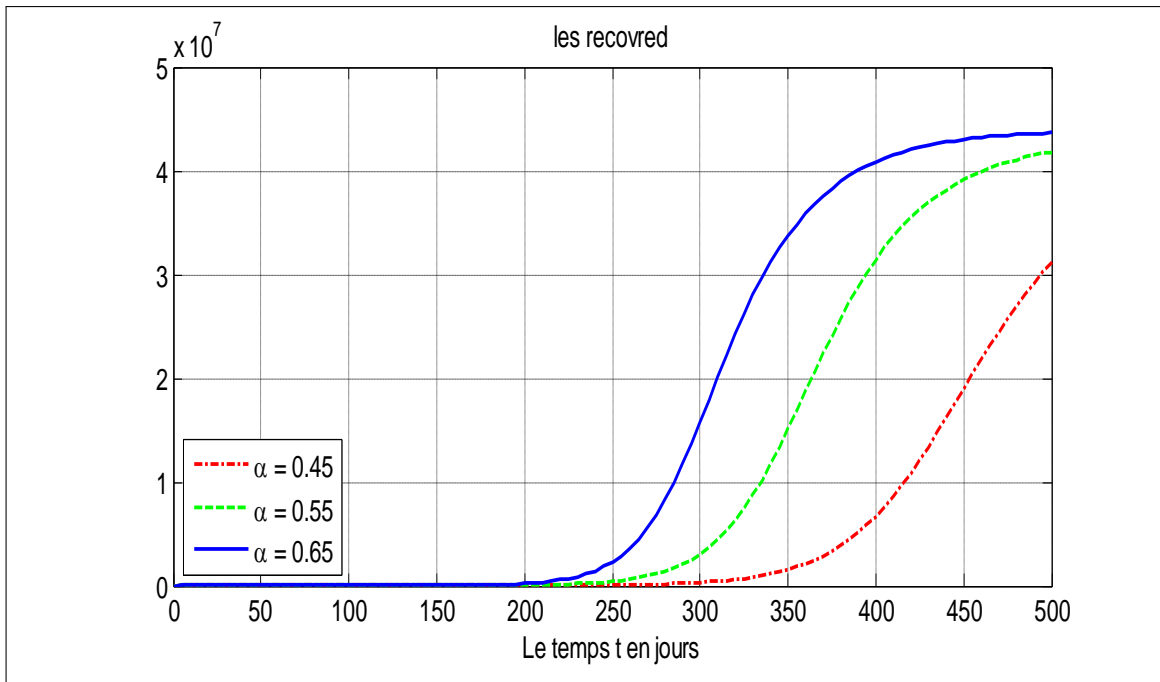


FIGURE 3.6 – Effet de mesures de protection sur les immunisés ($S_0 = 44,999,965$, $E_0 = 10$ (exposés), $I_0^a = 10$, $I_0^{s_1} = 10$, $I_0^{s_2} = 0$, $I_0^{H_1} = 5$, $I_0^{H_2} = 0$, $I_0^{H_3} = 0$, $R_0 = 0$ (immunisé), et $D_0 = 0$ sont les conditions initiales).

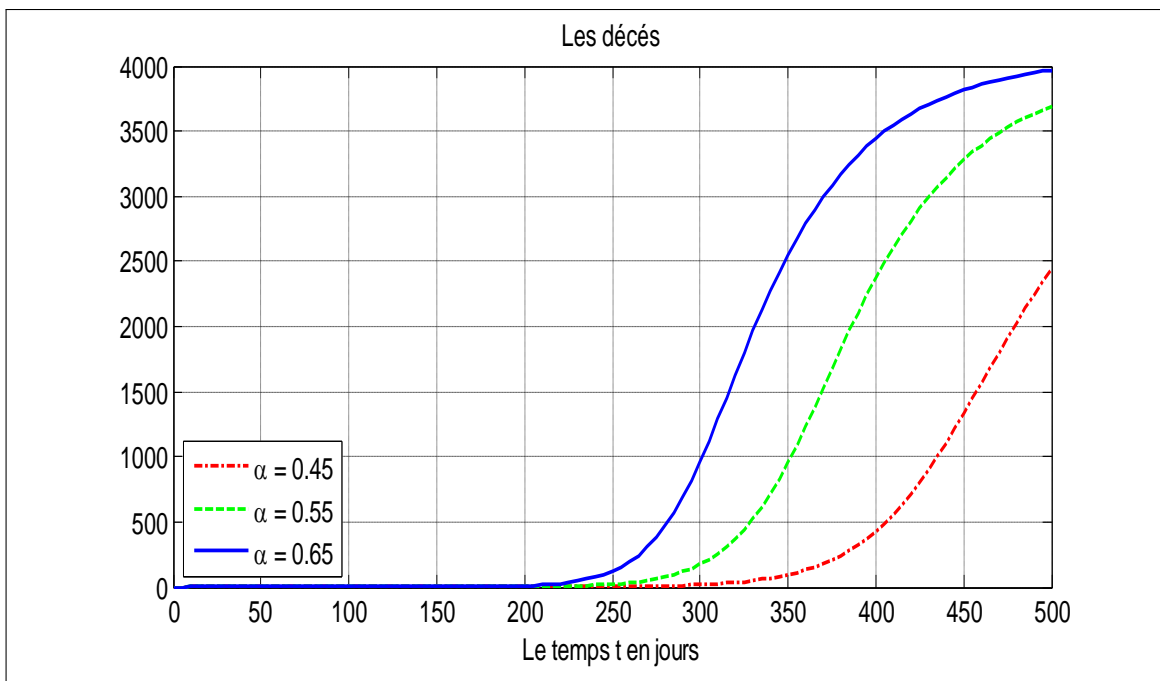


FIGURE 3.7 – Effet de mesures de protection sur les décès ($S_0 = 44,999,965$, $E_0 = 10$ (exposés), $I_0^a = 10$, $I_0^{s_1} = 10$, $I_0^{s_2} = 0$, $I_0^{H_1} = 5$, $I_0^{H_2} = 0$, $I_0^{H_3} = 0$, $R_0 = 0$ (immunisé), et $D_0 = 0$ sont les conditions initiales).

Les figures 3.3-3.4-3.5-3.6-3.7 montrent l'influence de α sur les deux états de la maladie les plus importants qui sont les infectés ($I^a + I^{S1} + I^{S1} + I^{H1} + I^{H2} + I^{H3}$) et les décès (D).

Plus le α est grand, plus le pic de courbe de I est élevé et rapidement et en plus la courbe de D augmente plus vite, cela veut dire que plus les gens ne respectent pas les mesures de protection plus on aura assez d'infectés et la maladie se propage rapidement, donc trop de décès.

2.2 L'influence de la prise en charge

A cause de la rapidité de la propagation du Covid-19 et du manque des moyens, les autorités ont trouvé des difficultés à faire face à la maladie,

- Ils n'ont pas fourni les tests pour isoler les infectés avant qu'ils contaminent d'autres personnes,
- pas de traitement pour les malades,
- pas de prise hospitalière (pas assez de lits, pas assez d'appareils de ventilation,..).

Ces facteurs sont les causes principales de l'aggravation de la propagation du Covid-19. Dans notre modèle, ces facteurs sont représentés par les paramètres γ_1 , γ_2 , γ_3 et γ_4 . Le but de cette sous section est de montrer numériquement que la prise en charge est pertinente pour combattre une maladie comme le Covid-19.

En variant les paramètres de prise en charge dans le tableau 3.3.

γ_1	0.15	0.18	0.21
γ_2	0.12	0.14	0.17
γ_3	0.06	0.07	0.08
γ_4	0.09	0.11	0.13

TABLEAU 3.3 – Les valeurs de γ_1 , γ_2 , γ_3 et γ_4

on obtient les résultats dans les figures 3.8-3.9-3.10-3.11-3.12.

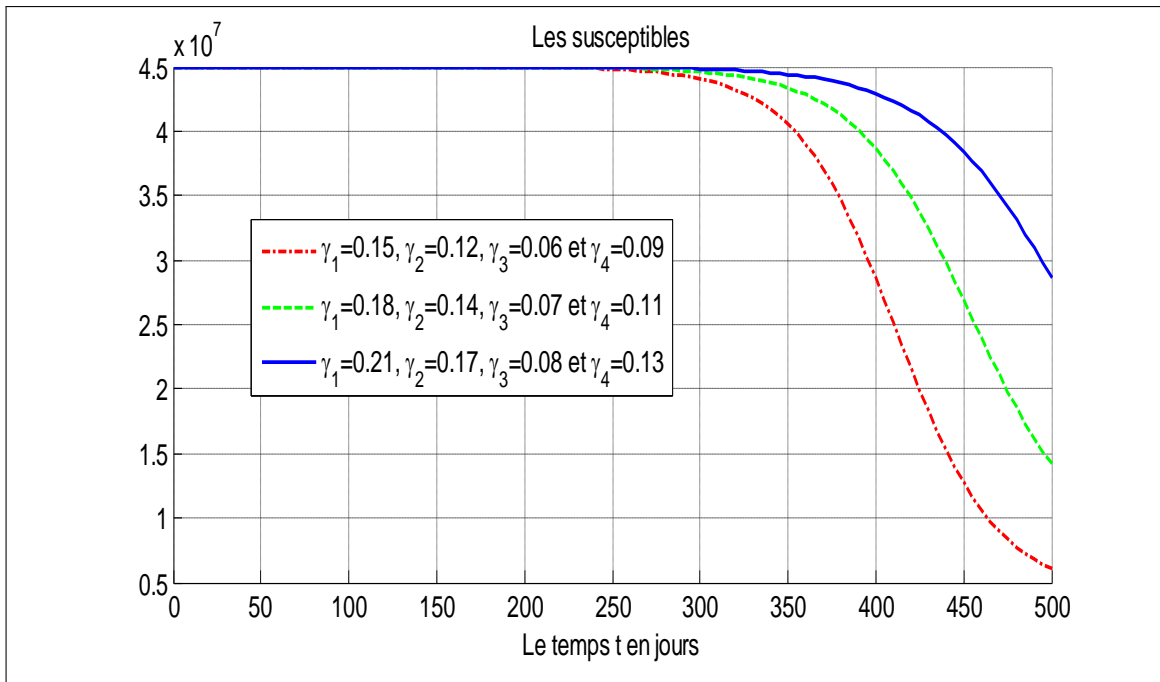


FIGURE 3.8 – Effet de la pris en charge sur les susceptibles ($S_0 = 44,999,965$, $E_0 = 10$ (exposés), $I_0^a = 10$, $I_0^{s_1} = 10$, $I_0^{s_2} = 0$, $I_0^{H_1} = 5$, $I_0^{H_2} = 0$, $I_0^{H_3} = 0$, $R_0 = 0$ (immunisé), et $D_0 = 0$ sont les conditions initiales).

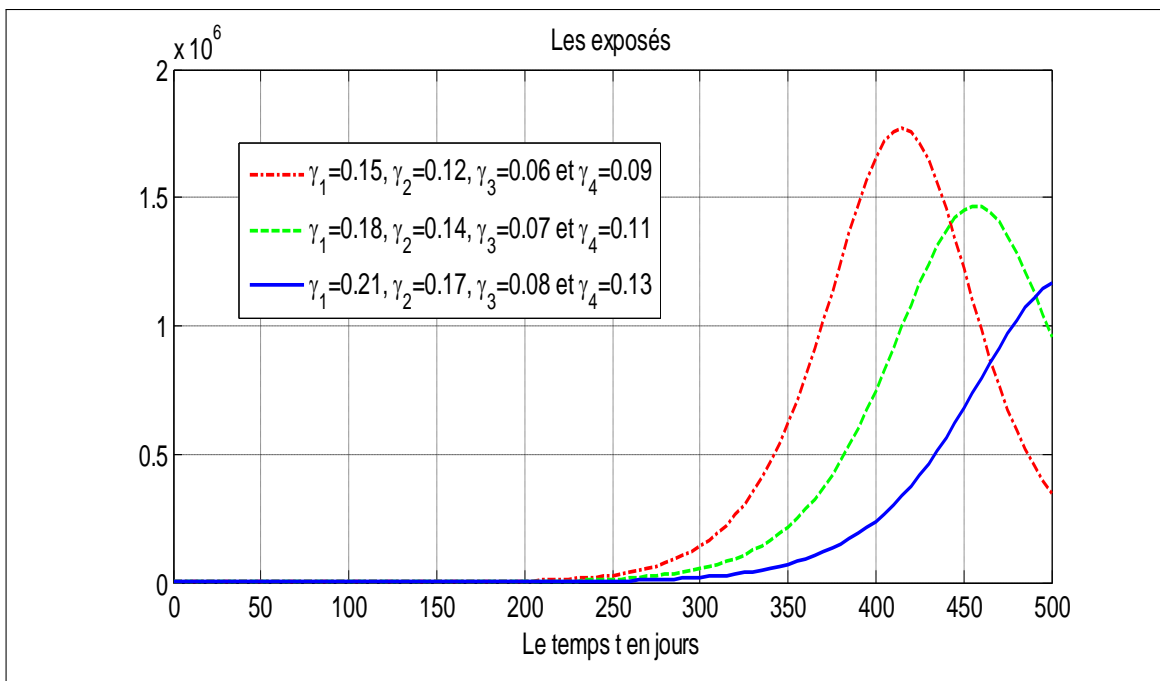


FIGURE 3.9 – Effet de la pris en charge sur les exposés ($S_0 = 44,999,965$, $E_0 = 10$ (exposés), $I_0^a = 10$, $I_0^{s_1} = 10$, $I_0^{s_2} = 0$, $I_0^{H_1} = 5$, $I_0^{H_2} = 0$, $I_0^{H_3} = 0$, $R_0 = 0$ (immunisé), et $D_0 = 0$ sont les conditions initiales).

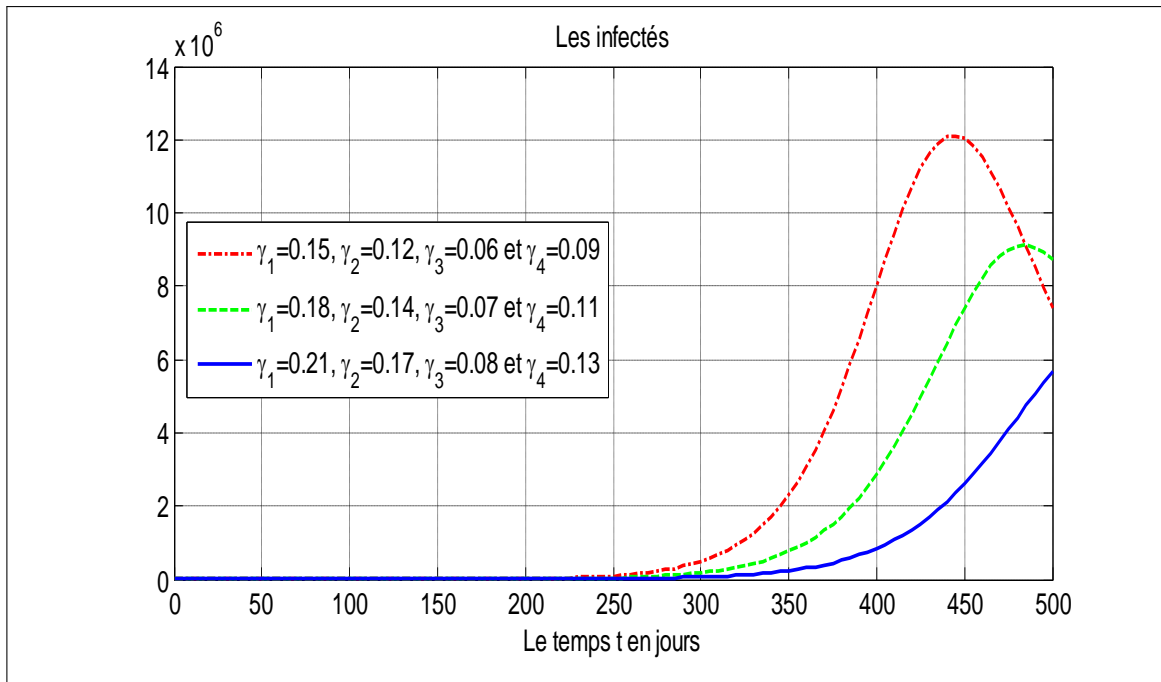


FIGURE 3.10 – Effet de la pris en charge sur les infectés ($S_0 = 44,999,965$, $E_0 = 10$ (exposés), $I_0^a = 10$, $I_0^{s_1} = 10$, $I_0^{s_2} = 0$, $I_0^{H_1} = 5$, $I_0^{H_2} = 0$, $I_0^{H_3} = 0$, $R_0 = 0$ (immunisé), et $D_0 = 0$ sont les conditions initiales).

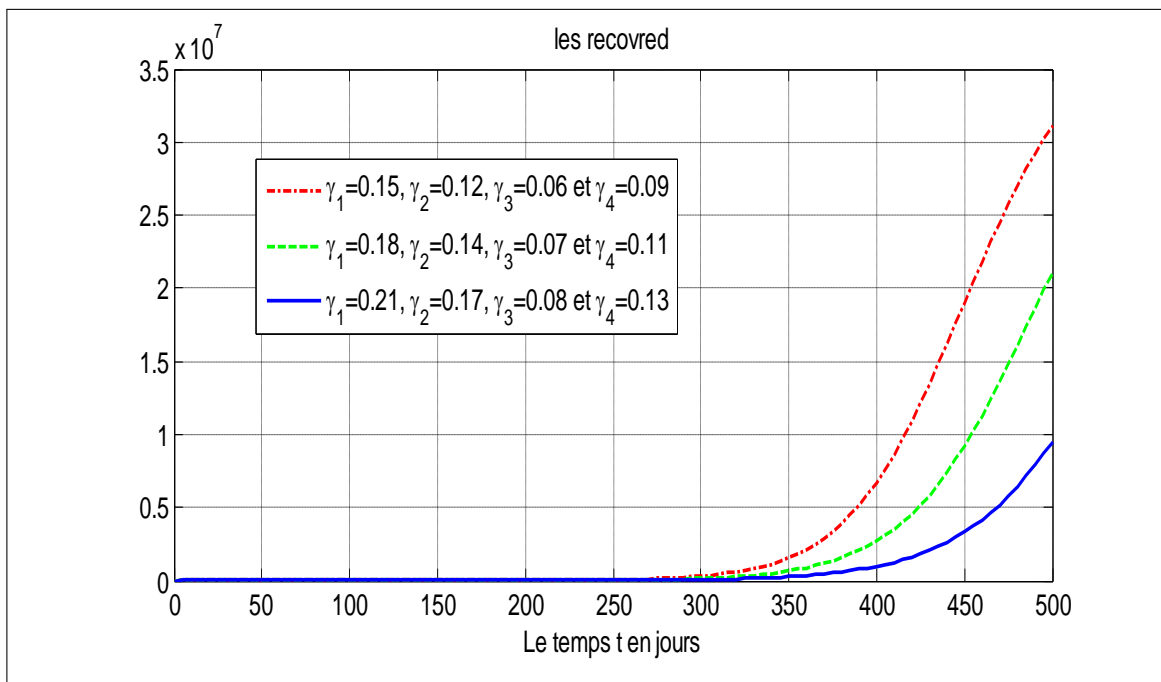


FIGURE 3.11 – Effet de la pris en charge sur les immunisés ($S_0 = 44,999,965$, $E_0 = 10$ (exposés), $I_0^a = 10$, $I_0^{s_1} = 10$, $I_0^{s_2} = 0$, $I_0^{H_1} = 5$, $I_0^{H_2} = 0$, $I_0^{H_3} = 0$, $R_0 = 0$ (immunisé), et $D_0 = 0$ sont les conditions initiales).

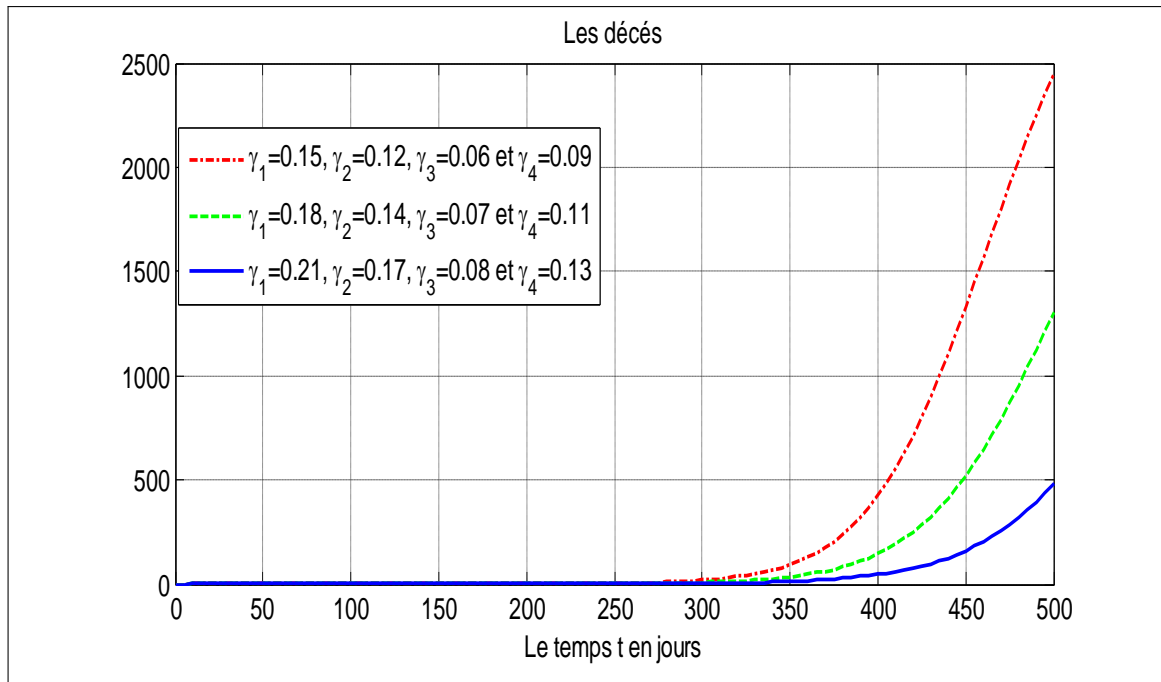


FIGURE 3.12 – Effet de la pris en charge sur les décès ($S_0 = 44,999,965$, $E_0 = 10$ (exposés), $I_0^a = 10$, $I_0^{s_1} = 10$, $I_0^{s_2} = 0$, $I_0^{H_1} = 5$, $I_0^{H_2} = 0$, $I_0^{H_3} = 0$, $R_0 = 0$ (immunisé), et $D_0 = 0$ sont les conditions initiales).

Les figures 3.8-3.9-3.10-3.11-3.12 montrent l'effet de γ_1 , γ_2 , γ_3 et γ_4 sur les deux états de la maladie les plus importants qui sont les infectés ($I^a + I^{s_1} + I^{s_2} + I^{H_1} + I^{H_2} + I^{H_3}$) et les décès (D).

Plus γ_1 , γ_2 , γ_3 et γ_4 sont grands, plus le pic de courbe de I est moins élevé, de plus, la courbe de D augmente lentement, autrement dit que plus les autorités prennent en charge les infectés, on aura moins de malades, alors moins de décès.

Conclusion

Après avoir fait une modélisation et une analyse mathématiques par un modèle discret, on a trouvé que le système admet deux points d'équilibre,

- E_0 l'équilibre sans maladie qui est localement asymptotiquement stable si le $R_0 < 1$,
- E_1 l'équilibre avec maladie (endémique) qui est localement asymptotiquement stable si le $R_0 > 1$ sinon il n'existe pas,

et on a confirmé cela numériquement. Et après la simulation numérique des scénarios représentatifs de la prise en charge et les mesures de protection non pharmaceutique ($\alpha, \gamma_1, \gamma_2, \gamma_3$, et γ_4) on a découvert que ces derniers ont un impact direct et très important sur la propagation du Covid-19. Le respect des mesures de protection et la prise en charge des malades réduisent le nombre des infectés donc diminuent le nombre de décès.

Pour que cette maladie disparaisse, il faut avoir une prise en charge des infectés, et les gens doivent respecter les mesures de protection non pharmaceutique.

Annexe

Annexe A

La règle de Descartes

Dans un polynôme d'une seule variable à coefficients réels qui sont ordonnés par ordre décroissant des exposants, le nombre de racines positives de ce polynôme est le nombre de changements de signe entre ses coefficients consécutifs différents de zéro. Donc, si les coefficients du polynôme sont tout de même signe alors les racines de ce polynôme sont tout négatifs [23].

Exemple :

$$P(x) = x^3 + 2x^2 - x - 2$$

Il y a exactement un changement de signe donc une racine positive.

Annexe B

Les programmes Matlab utilisés dans ce mémoire

on a les données laissé les données dans un fichier séparé des programmes qui appelé donnees

```
n = 500; % Pour la stabilité on prend n = 200000.
if q == 1 %Pour la stabilité de E0 on prend ces valeurs,
%Taux de mortalité naturel
mu = 1.644e-04;
%Taux de transmission
alpha = 0.24;
% I -> R
gamma1 = 0.22;
gamma2 = 0.8*gamma1;
gamma3 = 0.6*gamma1;
gamma4 = 0.4*gamma1;
%Ih2 -> D et Ih3 -> D
delta1 = 0.02;
delta2 = 0.04;
%=====
%E-> IA, Is ,Ih
beta1 = 0.55;
beta2 = 0.30;
beta3 = 0.15;
% Is1 -> Is2
lambda1 = 0.8 - m_u;
% Is1 -> Ih1
```

```

phi = 0.2;
%Ih1 -> Ih2
lambda2 = 1-m_u;
%Ih1 -> Ih2
lambda3 = 1-m_u;
else%et pour la stabilité de E1 on prend ces valeurs,
%Taux de mortalité naturel
m_u = 1.6440e-04;% en 6jours car le pas = 6jours (2.74e-5/1jours)
% Taux de transmission
alpha = 0.45; % pour la stabilité alpha = 0.25
% I -> R
gamma1 = 0.15;
gamma2 = 0.8*gamma1;
gamma4 = 0.6*gamma1;
gamma3 = 0.4*gamma1;
%Ih2 -> D et Ih3 -> D
delta1 = 0.2e-4;
delta2 = 0.4e-4;
%=====
%E -> IA, Is ,Ih
beta1 = 0.55;
beta2 = 0.30;
beta3 = 0.15;
% Is1 -> Is2
lambda1 = 0.8 - m_u;
%Is1 -> Ih1
phi = 0.2;
%Ih1 -> Ih2
lambda2 = 1-m_u;
%Ih1 -> Ih2
lambda3 = 1-m_u;

```

Programmes de convergence de E_0 et E_1

```

clc
clear all
close all

%N est une population subdivisée en 7 sous-populations
%S : les individus susceptibles.
%E : les individus infecte mais non infectieux.
%Ia : les individus infectes asymptomatiques.
%Is : les individus infectes symptomatiques.
%IH : les individus infectes hospitalisés.
%R : les individus immunisés du COVID-19.
%D : les individus décédés de la maladie.

%On donne la valeur initiale de chaque sous-population
N = 45000000;
S(1)=1 - 35/N;

```

```

E(1)=10/N;
Ia(1)=10/N;
Is1(1)=10/N;
Is2(1)=0/N;
IH1(1)=5/N;
IH2(1)=0/N;
IH3(1)=0/N;
R(1)=0;
D(1)=0;

point = 1; % pour la stabilité de E1 on prend point = 2
[n,alpha,gamma1,gamma2,gamma4,gamma3,delta1,delta2, ...
m_u,beta1,beta2,beta3,lambda1,phi,lambda2,lambda3] = donnees(point);

h = 5; %le pas de discrétisation
t = 0 :h :n; %la période
nn = length(t)-1;

for i=1 :nn
    S(i+1)= S(i)+ m_u - alpha*S(i)*(Ia(i)+Is1(i)+Is2(i))- m_u*S(i);
    E(i+1)= E(i)+ alpha*S(i)*(Ia(i)+Is1(i)+Is2(i))- (beta1+beta2+beta3+m_u)*E(i);
    Ia(i+1)= Ia(i)+ beta1*E(i)- (gamma1+m_u)*Ia(i);
    Is1(i+1)= Is1(i)+ beta2*E(i)- (lambda1+phi+m_u)*Is1(i);
    Is2(i+1)= Is2(i) + lambda1*Is1(i) - (gamma2+m_u)*Is2(i);
    IH1(i+1)= IH1(i)+ beta3*E(i) + phi*Is1(i) - (lambda2+m_u)*IH1(i);
    IH2(i+1)= IH2(i) + lambda2*IH1(i) - (lambda3+delta1+gamma3+m_u)*IH2(i);
    IH3(i+1)= IH3(i) + lambda3*IH2(i) - (delta2+gamma4+m_u)*IH3(i);
    R(i+1)= R(i) + gamma1*Ia(i) + gamma2*Is2(i) + gamma3*IH2(i) + gamma4*IH3(i) -
m_u*R(i);
    D(i+1)= D(i) + delta1*IH2(i) + delta2*IH3(i);
end

%%%%%%%%%%%% Le taux de reproduction R0 %%%%%%%%%%%%%
R0 = alpha*(beta2*(gamma1+m_u)*(gamma2+m_u)+beta1*(lambda1+phi+m_u)...
*(gamma2+m_u)+lambda1*beta2*(gamma1+m_u))/((gamma1+m_u)*(gamma2+m_u)...
*(lambda1+phi+m_u)*(beta1+beta2+beta3+m_u));

%%%%%%%%%%%% Les points d'équilibres %%%%%%%%%%%%%
E0 = [1,0,0,0,0,0,0,0];

E1=[1/R0,
(m_u/(beta1+beta2+beta3+m_u))*((R0-1)/R0),
(m_u*beta1/((beta1+beta2+beta3+m_u)*(gamma1+m_u)))*((R0-1)/R0),
(m_u*beta2/((beta1+beta2+beta3+m_u)*(lambda1+phi+m_u)))*((R0-1)/R0),
(m_u*lambda1*beta2/((beta1+beta2+beta3+m_u)*(lambda1+phi+m_u))*...
(gamma2+m_u))*((R0-1)/R0),
(m_u/((beta1+beta2+beta3+m_u)*(lambda2+m_u)))*(beta3+(phi*beta2/...
(lambda1+phi+m_u))*((R0-1)/R0),
(lambda2/(lambda3+delta1+gamma3+m_u))*(m_u/((beta1+beta2+beta3+m_u))*...

```

```

(lambda2+m_u))* (beta3+(phi*beta2/(lambda1+phi+m_u)))*((R0-1)/R0),
(lambda2*lambda3/((lambda3+delta1+gamma3+m_u)*(delta2+gamma4+m_u)))*...
(m_u/((beta1+beta2+beta3+m_u)*(lambda2+m_u)))*...
(beta3+(phi*beta2/(lambda1+phi+m_u)))*((R0-1)/R0),
(1/(beta1+beta2+beta3+m_u))*(beta1*gamma1/(gamma1+m_u)+lambda1*beta2*gamma2/...
((lambda1+phi+m_u)*(gamma2+m_u))+lambda2/((lambda2+m_u))*...
(lambda3+delta1+gamma3+m_u))*(gamma3+lambda3*gamma4/(delta2+gamma4+m_u -
u))* (beta3+(phi*beta2/(lambda1+phi+m_u)))*((R0-1)/R0)];
%%%%%%%%%%

plot3(S,E,Ia+Is1+Is2+IH1+IH2+IH3)
hold on

plot3(E0(1),E0(2),E0(3)+E0(4)+E0(5)+E0(6)+E0(7)+E0(8),'rx')
%Pour stabilité de E1 plot3(E1(1),E1(2),E1(3)+E1(4)+E1(5)+E1(6)+E1(7)+E1(8),'rx')

text(E0(1),E0(2),E0(3)+E0(4)+E0(5)+E0(6)+E0(7)+E0(8),' E0')
%Pour stabilité de E1 text(E1(1),E1(2),E1(3)+E1(4)+E1(5)+E1(6)+E1(7)+E1(8),' E1')

title('E0 EST STABLE.')
%Pour stabilité de E1 title('E1 EST STABLE.')

xlabel('S : les susceptibles')
ylabel('E : les exposés')
zlabel('I : les infectés')
grid

```

Effet des mesures de protection non pharmaceutique, et de la prise en charge

```

clc
clear all
close all

%N est une population subdivisée en 7 sous-populations
%S : les individus susceptibles.
%E : les individus infectés mais non infectieux.
%Ia : les individus infectés asymptomatiques.
%Is : les individus infectés symptomatiques.
%IH : les individus infectés hospitalisés.
%R : les individus immunisés du COVID-19.
%D : les individus décédés de la maladie.

%On donne la valeur initiale de chaque sous-population
N = 45000000;
S(1)=1 - 35/N;
E(1)=10/N;
Ia(1)=10/N;
Is1(1)=10/N;
Is2(1)=0/N;
IH1(1)=5/N;
IH2(1)=0/N;

```

```

IH3(1)=0/N;
R(1)=0;
D(1)=0;

point = 2;
[n,alpha,gamma1,gamma2,gamma4,gamma3,delta1,delta2, ...
m_u,beta1,beta2,beta3,lambda1,phi,lambda2,lambda3] = donnees(point);

h = 5;
t = 0 :h :n;
nn = length(t)-1;
k=6;
for gamma1=[0.15,0.18,0.21]%pour  $\alpha$ , for alpha=[0.45,0.55,0.65]
gamma2 = 0.8*gamma1; %pou  $\alpha$ , les gammas i restent les mêmes du fichier donnees
gamma4 = 0.6*gamma1;
gamma3 = 0.4*gamma1;
for i=1 :nn
S(i+1)= S(i)+ m_u - alpha*S(i)*(Ia(i)+Is1(i)+Is2(i))- m_u*S(i);
E(i+1)= E(i)+ alpha*S(i)*(Ia(i)+Is1(i)+Is2(i))-(beta1+beta2+beta3+m_u)*E(i);
Ia(i+1)= Ia(i)+ beta1*E(i)-(gamma1+m_u)*Ia(i);
Is1(i+1)= Is1(i)+ beta2*E(i)-(lambda1+phi+m_u)*Is1(i);
Is2(i+1)= Is2(i) + lambda1*Is1(i) - (gamma2+m_u)*Is2(i);
IH1(i+1)= IH1(i)+ beta3*E(i) + phi*Is1(i) - (lambda2+m_u)*IH1(i);
IH2(i+1)= IH2(i) + lambda2*IH1(i) - (lambda3+delta1+gamma3+m_u)*IH2(i);
IH3(i+1)= IH3(i) + lambda3*IH2(i) - (delta2+gamma4+m_u)*IH3(i);
R(i+1)= R(i) + gamma1*Ia(i) + gamma2*Is2(i) + gamma3*IH2(i) + gamma4*IH3(i) -
m_u*R(i);
D(i+1)= D(i) + delta1*IH2(i) + delta2*IH3(i);
end

%Pour faire la différence entre les graphes, on change la couleur
c=input('color=')

hold on
figure(1)
plot(t,S*N,c)
title('Les susceptibles')
legend('\gamma_1=0.15, \gamma_2=0.12, \gamma_3=0.06 et \gamma_4=0.09',
'\gamma_1=0.18, \gamma_2=0.14,\gamma_3=0.07 et \gamma_4=0.11',
'\gamma_1=0.21, \gamma_2=0.17, \gamma_3=0.08 et \gamma_4=0.13',3)
%pour  $\alpha$ , legend('\alpha = 0.45','\alpha = 0.55','\alpha =0.65',3)
grid;

hold on
figure(2)
plot(t,E*N,c)
title('Les exposés')
legend('\gamma_1=0.15, \gamma_2=0.12, \gamma_3=0.06 et \gamma_4=0.09',
'\gamma_1=0.18, \gamma_2=0.14,\gamma_3=0.07 et \gamma_4=0.11',
'\gamma_1=0.21, \gamma_2=0.17, \gamma_3=0.08 et \gamma_4=0.13',3)

```

```

%pour  $\alpha$ , legend('\ $\alpha = 0.45$ ','\ $\alpha = 0.55$ ','\ $\alpha = 0.65$ ',3)
grid;

hold on
figure(3)
plot(t,(Ia + Is1 + Is2 + IH1 + IH2 + IH3)*N,c)
title('Les infectés')
legend('\ $\gamma_1=0.15$ , \ $\gamma_2=0.12$ , \ $\gamma_3=0.06$  et \ $\gamma_4=0.09$ ',
'\ $\gamma_1=0.18$ , \ $\gamma_2=0.14$ ,\ $\gamma_3=0.07$  et \ $\gamma_4=0.11$ ',
'\ $\gamma_1=0.21$ , \ $\gamma_2=0.17$ , \ $\gamma_3=0.08$  et \ $\gamma_4=0.13$ ',3)
%pour  $\alpha$ , legend('\ $\alpha = 0.45$ ','\ $\alpha = 0.55$ ','\ $\alpha = 0.65$ ',3)
grid;

hold on
figure(4)
plot(t,R*N,c)
title('les recovred')
legend('\ $\gamma_1=0.15$ , \ $\gamma_2=0.12$ , \ $\gamma_3=0.06$  et \ $\gamma_4=0.09$ ',
'\ $\gamma_1=0.18$ , \ $\gamma_2=0.14$ ,\ $\gamma_3=0.07$  et \ $\gamma_4=0.11$ ',
'\ $\gamma_1=0.21$ , \ $\gamma_2=0.17$ , \ $\gamma_3=0.08$  et \ $\gamma_4=0.13$ ',3)
%pour  $\alpha$ , legend('\ $\alpha = 0.45$ ','\ $\alpha = 0.55$ ','\ $\alpha = 0.65$ ',3)
grid

hold on
figure(5)
plot(t,D*N,c)
title('Les décès')
legend('\ $\gamma_1=0.15$ , \ $\gamma_2=0.12$ , \ $\gamma_3=0.06$  et \ $\gamma_4=0.09$ ',
'\ $\gamma_1=0.18$ , \ $\gamma_2=0.14$ ,\ $\gamma_3=0.07$  et \ $\gamma_4=0.11$ ',
'\ $\gamma_1=0.21$ , \ $\gamma_2=0.17$ , \ $\gamma_3=0.08$  et \ $\gamma_4=0.13$ ',3)
%pour  $\alpha$ , legend('\ $\alpha = 0.45$ ','\ $\alpha = 0.55$ ','\ $\alpha = 0.65$ ',3)
grid

%Le taux de reproduction R0
R0(k) =  $\alpha$ *( $\beta_2$ *( $\gamma_1+m_u$ )*( $\gamma_2+m_u$ )+ $\beta_1$ *( $\lambda_1+\phi+m_u$ )...
*( $\gamma_2+m_u$ )+ $\lambda_1$ * $\beta_2$ *( $\gamma_1+m_u$ ))/(( $\gamma_1+m_u$ )*( $\gamma_2+m_u$ )...
*( $\lambda_1+\phi+m_u$ )*( $\beta_1+\beta_2+\beta_3+m_u$ ));
k=k+1;
end

```

Bibliographie

- [1] A. J. Scheen : "Obésité et COVID-19 : le choc fatal entre deux pandémies". *Médecine des Maladies Métaboliques* (2020), 14(5), 437-444. [12](#)
- [2] A. Kouidere, B. Khajji, A. El Bhih, O. Balatif, M. Rachik : "A mathematical modeling with optimal control strategy of transmission of COVID-19 pandemic virus". *Commun. Math. Biol. Neurosci.* Published : 11-05-2020. [16](#)
- [3] B. H. Foya, W.Brian, M. Kayur, S. Anita, Gautam I. Menone, B.Carl : "Comparing COVID-19 vaccine allocation strategies in India :A mathematical modelling study", *International Journal of Infectious Diseases*, 2021 Feb;103 :431-438. doi : 10.1016/j.ijid.2020.12.075. Epub 2020 Dec 31 [19](#)
- [4] D. Okuonghae, A. Omame : "Analysis of a mathematical model for COVID-19 population dynamics in Lagos, Nigeria", *Chaos, Solitons and Fractals*, Volume 139, October 2020, 110032 [18](#)
- [5] D. Seraphin, G. Guilsou Kolaye, H. Abboubakar, A. Adamou, D. Irepran : "Mathematical modeling, analysis and numerical simulation of the COVID-19 transmission with mitigation of control strategies used in Cameroon", *Chaos Solitons and Fractals*. 2020 Oct; 139 : 110281. Published online 2020 Sep 18. doi : 10.1016/j.chaos.2020.110281 [18](#)
- [6] E. Elibol : "Otolaryngological symptoms in COVID-19". *European Archives of Oto-Rhino-Laryngology*, volume 278, pages 1233–1236 (2021). [10](#)
- [7] F. Ndaïrou, I. Area, J. J. Nieto, D. F. Torres : "Mathematical modeling of COVID-19 transmission dynamics with a case study of Wuhan". *Chaos Solitons and Fractals*. 2020 June; 135 : 109846. Published online 2020 Apr 27. doi : 10.1016/j.chaos.2020.109846 [15](#)
- [8] H. S. Arakelyan : "Vision Symptoms of COVID 19". Mar 2021. [9](#), [10](#)
- [9] H. ZHAO, X. LU, Y.DENG, Y. Tang, J. Lu : "COVID-19 : asymptomatic carrier transmission is an underestimated problem". *Epidemiology and Infection*, 2020, vol. 148. [10](#)
- [10] J. Wenzel : "Origins of SARS-CoV-1 and SARS-CoV-2 are often poorly explored in leading publications". *Cladistics*, Volume36, Issue 4, August 2020, pages 374-379. [9](#)
- [11] L. Morawska, D. K. Milton : "It Is Time to Address Airborne Transmission of Coronavirus Disease 2019 (COVID-19)". *Clinical Infectious Diseases*, Volume 71, Issue 9, 1 November 2020, pages 2311–2313. [11](#)
- [12] L. Semenzato, J. Botton, J. Drouin, F. Cuenot, R.Dray-Spira, A. Weill and M. Zureik : "Maladies chroniques, états de santé et risque d'hospitalisation et de décès hospitalier pour COVID-19 lors de la première vague de l'épidémie en France : étude de cohorte de 66 millions de personnes". [12](#)

- [13] R. Frutos, L. Gavotte, CA. Devaux : "Understanding the origin of COVID-19 requires to change the paradigm on zoonotic emergence from the spillover model to the viral circulation model". *Infection, Genetics and Evolution*, Available online 18 March 2021, 104812. doi : 10.1016/j.meegid.2021.104812. [9](#)
- [14] R. Verity, L. C Okell, I. Dorigatti, P. Winskill, C. Whittaker, N. Imai, G. Cuomo-Dannenburg, H. Thompson, P. GT Walker, H. Fu, A. Dighe, J. T. Griffin, M. Baguelin, S. Bhatia, A. Boonyasiri, A. Cori, Z. Cucunubá, R. FitzJohn, K. Gaythorpe, W. Green, A. Hamlet, W. Hinsley, D. Laydon, G. Nedjati-Gilani, S. Riley, S. v. Elsland, E. Volz, H. Wang, Y. Wang, X. Xi, C. A. Donnelly, A. C. Ghani, N. M. Ferguson : "Estimates of the severity of COVID-19 disease". *MedRxiv*, 2020. [10](#)
- [15] S. A. Lauer, K. H. Grantz, Q. Bi, F. K. Jones, Q. Zheng, H. R. Meredith, A. S. Azman, N. G. Reich, J. Lessler : " The incubation period of coronavirus disease 2019 (COVID-19) from publicly reported confirmed cases : estimation and application". *Annals of internal medicine*, 2020, vol. 172, no 9, p. 577-582. [10](#)
- [16] S. Annas, P. Muh. Isbar , Muh. Rifandi, S. Wahidah, S. Syafruddin : "Stability Analysis and Numerical Simulation of SEIR Model for pandemic COVID-19 spread in Indonesia", July 2020 *Chaos Solitons and Fractals* 139. [17](#)
- [17] S. A. Rachidi and I. Rkain : "Alerte COVID-19. *PAMJ-Clinical Medicine*, 2020, vol. 4, no 105. [10](#)
- [18] S. Bentout, A. Tridane, S. Djilali, T. M. Touaoula, : "Age-Structured Modeling of COVID-19 Epidemic in the USA, UAE and Algeria", *Alexandria Engineering Journal*, volume 60, Issue 1, February 2021, Pages 401-411 [20](#)
- [19] S. Felsenstein, J. A. Herbert, P. S. McNamara and C. M. Hedrich : "COVID-19 : Immunology and treatment options. *Clinical Immunology*" (2020), 108448. [13](#)
- [20] T. Alasadi : "Coronavirus". March 2020, doi : 10.13140/RG.2.2.31073.86882 [10](#)
- [21] T. Sardar, S. Nadim, S. Rana, J. Chattopadhyay : "Assessment of lockdown effect in some states and overall India : A predictive mathematical study on COVID-19 outbreak" *Chaos, Solitons and Fractals* Volume 139, October 2020, 110078.06 Aug 2020 [17](#)
- [22] X. Peng, X. Xu, Y. Li, L. Cheng, X. Zhou and B. Ren : "Transmission routes of 2019-nCoV and controls in dental practice". *International Journal of Oral Science*, volume 12, Article number : 9 (2020). doi : 10.1038/s41368-020-0075-9. [11](#)
- [23] X. Wang : "A simple proof of Descartes's rule of signs". *The American Mathematical Monthly*(2004), 111(6), 525. [46](#)
- [24] Z. Wu, J. M. McGoogan : "Characteristics of and Important Lessons From the Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) Outbreak in China : Summary of a Report of 72314 Cases From the Chinese Center for Disease Control and Prevention". *JAMA*, 2020, 323(13), 1239-1242. doi : 10.1001/jama.2020.2648. [11](#), [12](#)
- [25] Allocution liminaire du Directeur général de l'OMS lors du point presse sur la COVID-19 - 11 mars 2020 (Internet).
<https://www.who.int/fr/director-general/speeches/detail/who-director-general-opening-remarks-at-the-media-briefing-on-covid-19-11-march-2020>. (consulté le 10 mai 2021). [7](#), [8](#)
- [26] COVID-19 Dashboard by the Center for Systems Science and Engineering (CSSE) at Johns Hopkins University (JHU) (Internet).
<https://gisanddata.maps.arcgis.com/apps/dashboards/bda7594740fd40299423467b48e9ecf6>. (consulté le 10 mai 2021). [7](#), [8](#)

-
- [27] Naming the coronavirus disease (COVID-19) and the virus that causes it (Internet).
[https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/technical-guidance/naming-the-coronavirus-disease-\(covid-2019\)-and-the-virus-that-causes-it](https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/technical-guidance/naming-the-coronavirus-disease-(covid-2019)-and-the-virus-that-causes-it).nom. (consulté le 10 mai 2021). 8
- [28] Novel Coronavirus(2019-nCoV), situation report-1 (Internet).
https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200121-sitrep-1-2019-ncov.pdf?sfvrsn=20a99c10_4. (consulté le 10 mai 2021). 8
- [29] Novel Coronavirus (2019-nCoV) Situation Report-11 (Internet).
https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200131-sitrep-11-ncov.pdf?sfvrsn=de7c0f7_4. (consulté le 10 mai 2020). 8
- [30] Summary of probable SARS cases with onset of illness from 1 November 2002 to 31 July 2003. (Internet), OMS, 31 décembre 2003.
<https://www.who.int/publications/m/item/summary-of-probable-sars-cases-with-onset-of-illness-from-1-november-2002-to-31-july-2003>. (consulté le 10 mai 2020). 9
- [31] Tracking Coronavirus Vaccinations Around the World (Internet).
<https://www.nytimes.com/interactive/2021/world/covid-vaccinations-tracker.html>. (consulté le 10 mai 2020). 14
- [32] Vaccins contre la COVID-19 (Internet).
<https://www.who.int/fr/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/covid-19-vaccines>. (consulté le 10 mai 2020). 14