

N° d'ordre : 4053

ANNÉE : 2009



THÈSE / UNIVERSITÉ DE RENNES 1
sous le sceau de l'Université Européenne de Bretagne
pour le grade de

DOCTEUR DE L'UNIVERSITÉ DE RENNES 1

Mention : Mathématiques et applications

Ecole doctorale Matisse

présentée par

Adamou OTTO

préparée à l'unité de recherche UMR 6625 IRMAR

Institut de Recherche Mathématique de Rennes

UFR Mathématiques en cotutelle

avec **L'UNIVERSITE ABDOU MOUMOUNI**

de Niamey, Niger

Intitulé de la thèse :

**Etude de
quelques modèles
épidémiologiques
par les méthodes
du calcul formel**

**Thèse soutenue à la faculté des sciences
de l'université Abdou Moumouni Niamey, Niger**

le 8 décembre 2009

devant le jury composé de :

Issoufou KOUADA

Professeur, Université Abdou Moumouni / président

Moulaye BARKATOU

Professeur, Université de Limoges / rapporteur

Pierre-yves BOELLE

MCU-CH, Université Pierre et Marie Curie / rapporteur

Marie-Francoise ROY,

Professeur, Université de Rennes1 / directrice de thèse

Issoufou KATAMBE

Maître de conférences, Université Abdou Moumouni

co-directeur de thèse

Michelle COSTE,

Professeur, Université de Rennes1 / examinateur

REMERCIEMENTS

Je remercie très sincèrement :

- Professeur Marie-Francoise Roy de l'Université de Rennes1 qui a accepté de diriger cette thèse.
Professeur Michel Coste de l'Université de Rennes1 qui a accepté d'examiner cette thèse. Je réitère toute ma gratitude à ce couple pour l'attention qu'il m'a accordée lors de mes séjours de recherche à l'IRMAR de l'Université de Rennes1.
- Professeur Issoufou KOUADA de l'Université Abdou Moumouni de Niamey président du jury de cette thèse.
- Maître de conférence Issoufou KATAMBE de l'Université Abdou moumouni de Niamey qui a accepté de co-diriger cette thèse.
- Professeur M'hamed El Kahoui de l'Université de Marrakech pour notre fructueuse collaboration durant ses séjours invités à L'IRMAR, il a aussi participé à l'amélioration sensible de cette thèse.
- Docteur Thierry van Ellefterre modélisateur à GlaxoSmithKline pour notre collaboration active.
- Professeur Moulay BARKATOU de l'Université de Limoges et MCU-CH Pierre-Yves BOELLE de l'Université Pierre et Marie Curie qui ont accepté d'être les rapporteurs de cette thèse.
- Les enseignants chercheurs et le personnel administratif du département de Mathématiques et Informatique de la Faculté des Sciences de l'Université Abdou Moumouni de Niamey pour leur contribution à cette thèse.
- Les autorités du Ministère des Enseignements Secondaire et Supérieur de la Recherche et de la Technologie et du Ministère de la Fonction Publique et du Travail qui ont autorisé ma mise en position de stage.
- Ma famille qui a su comprendre et partager les sacrifices qu'implique ce projet. Qu'elle reï; $\frac{1}{2}$ oive l'expression de ma reconnaissance.
- Mes parents et amis qui m'ont toujours soutenu.
- L'IRMAR et l'école doctorale Matisse, en particulier l'équipe de Géométrie Algébrique réelle qui m'a accueilli chaleureusement, et m'ont permis de travailler dans les meilleures conditions possibles.
- Le RAGAAD, le SARIMA, le CIMPA et la région Bretagne pour leurs apports financiers, conditions indispensables pour mes séjours de recherche.

Table des matières

Introduction	4
1 Modélisation épidémiologique	7
1.1 Le pourquoi et le comment	7
1.2 Taux de reproduction de base	9
1.3 Trois modèles de base	9
1.3.1 Le modèle endémique de base <i>SIS</i>	9
1.3.2 Le modèle épidémique de base <i>SIR</i>	10
1.3.3 Le modèle endémique de base <i>SIR</i>	13
2 Notions préliminaires	17
2.1 Systèmes dynamiques	18
2.1.1 Stabilité des équilibres	18
2.1.2 Invariance et stabilité globale	19
2.1.3 Bifurcation transcritique et bifurcation de Hopf	21
2.2 Bases de Groebner	24
2.2.1 Notation	24
2.2.2 Réduction et division	25
2.2.3 Définition des bases de Groebner	27
2.2.4 Algorithme de Buchberger	29
2.2.5 Systèmes polynomiaux avec un nombre fini de solutions	30
2.3 Domaine de stabilité	32
2.3.1 Sous-résultants	32
2.3.2 Indice de Cauchy	33
2.3.3 Indice de Cauchy et domaine de stabilité	34
2.3.4 Critère de Routh-Hurwitz	35
2.4 Matrices positives et stabilité	36
2.4.1 Notation	36
2.4.2 Matrices positives	37
2.4.3 Perron-Frobenius pour une matrice strictement positive	41
2.4.4 Perron-Frobenius pour une matrice positive irréductible	43
2.4.5 Z -matrices et stabilité	45

3	Étude de la stabilité de l'équilibre sans maladie dans les modèles épidémiologiques	47
3.1	Détermination des équilibres	48
3.2	Factorisation du polynôme caractéristique à l'équilibre sans maladie	50
3.3	Structure de la matrice jacobienne à l'équilibre sans maladie.	51
3.4	Un critère de stabilité globale de l'équilibre sans maladie.	54
3.5	Une classe de modèles épidémiologiques	55
4	Analyse de quelques modèles épidémiologiques	57
4.1	Échange de stabilité des équilibres	57
4.2	Un modèle de type <i>SEIRS</i>	60
4.2.1	Détermination des équilibres	61
4.2.2	Stabilité de l'équilibre sans maladie	62
4.2.3	Bifurcation et stabilité de l'équilibre endémique	62
4.3	Un modèle de type <i>SEIT</i>	64
4.3.1	Détermination des équilibres	67
4.3.2	Stabilité de l'équilibre sans maladie	68
4.3.3	Bifurcation et stabilité de l'équilibre endémique	68
5	Un modèle de maladie bactérienne à deux souches avec traitement antibiotique	72
5.1	Les équilibres du modèle	73
5.2	Stabilité des équilibres	75
5.2.1	Stabilité de l'équilibre E_0	75
5.2.2	Stabilité de l'équilibre E_1	75
5.2.3	Stabilité de l'équilibre E_2	77
5.2.4	Stabilité de l'équilibre E_3	77
5.3	Bifurcations des points d'équilibres	78
5.3.1	Echange de stabilité entre E_0 et E_1	78
5.3.2	Echange de stabilité entre E_0 et E_2	79
5.3.3	Echange de stabilité entre E_1 et E_3	79
5.3.4	Echange de stabilité entre E_2 et E_3	80
5.4	Représentation des domaines de stabilité des équilibres dans le plan (β_1, β_2)	80
	Bibliographie	87

Introduction

Les systèmes dynamiques sont très répandus en modélisation biologique, et en particulier en épidémiologie [21, 32, 39]. Dans beaucoup de modèles, les systèmes obtenus dépendent polynomialement des variables d'état et des paramètres, nous citons à titre d'exemple [3, 46, 28, 11, 2, 41, 29, 16] mais la liste est très loin d'être exhaustive. Il est donc naturel de penser à utiliser l'arsenal algorithmique et logiciel développé en algèbre commutative effective, e.g. [5, 20, 58], en algèbre réelle, e.g. [4, 7] ainsi qu'en algèbre différentielle [51, 40] pour étudier de tels systèmes.

Durant les dernières années les méthodes algébriques, et les logiciels de calcul formel, ont été largement utilisés pour étudier les systèmes issus de la modélisation biologique. Une application classique de telles méthodes consiste en la détection et l'étude de la stabilité des équilibres de ces modèles, voir e.g. [36, 24, 14, 59, 49, 29]. D'autres questions telles que l'existence, ou pas, d'un comportement périodique ou de cycles limites ont récemment été considérées, voir e.g. [53, 54, 8, 50, 9, 10].

Dans ce travail nous nous concentrons sur l'étude, par des méthodes algébriques, de la stabilité et des bifurcations des points d'équilibre dans les modèles épidémiologiques donnés par des champs de vecteurs polynomiaux. Les méthodes algébriques développées jusqu'à présent, voir e.g. [36, 24, 14, 49, 59], suivent en gros le schéma suivant. On utilise des critères de stabilité classiques du genre Routh-Hurwitz ou Liénard-Chipart pour exprimer le problème comme une formule du premier ordre dans le langage des corps ordonnés. On simplifie ensuite la formule obtenue en utilisant des algorithmes d'élimination des quantificateurs [55, 18, 61, 62, 19, 35] et de simplification développés en algèbre réelle [15, 12, 13]. Cette approche a l'avantage d'être complètement algorithmique, mais elle atteint vite ses limites vue la nature extrêmement complexe, et donc très coûteuse en temps et en espace de calcul, de l'élimination des quantificateurs. Il arrive par exemple que cette démarche produise une condition complexe pour un modèle donné alors que des calculs à la main, inspirés par des considérations épidémiologiques, réussissent à produire une condition équivalente très simple, voir e.g. [14, section 8].

L'une des raisons principales de cette limitation réside dans le fait qu'on regarde les systèmes issus de la modélisation épidémiologique comme étant

des systèmes dynamiques polynomiaux généraux. Autrement dit, on ne tient pas compte de certaines de leurs propriétés structurelles qui, comme nous le verrons au chapitre 3, simplifient considérablement les calculs. Une autre raison est qu'en général les coordonnées de certains points d'équilibre ne s'expriment pas de manière rationnelle en termes des paramètres, ce qui nous oblige à mener les calculs, forcément plus coûteux, sur une extension algébrique du corps des paramètres du système. Nous verrons à travers des exemples dans les chapitres 4 et 5 que les conclusions qu'on peut tirer de ces calculs directs peuvent être retrouvées par d'autres calculs, nettement plus simples et plus riches en information, concernant les bifurcations des équilibres.

Cette thèse est divisée en cinq chapitres. Dans les deux premiers chapitres nous rappelons les notions de base de la modélisation épidémiologique ainsi que des outils mathématiques dont nous aurons besoin.

Le chapitre 1 est une brève introduction à la modélisation en épidémiologie. Nous y définissons le *taux de reproduction de base*, un concept central en épidémiologie. Nous analysons aussi dans ce chapitre trois exemples de modèles épidémiologiques de base. Ce chapitre est essentiellement destiné aux mathématiciens, un public qui n'est pas forcément familier avec la modélisation en épidémiologie.

Le chapitre 2 est divisé en quatre sections. Les concepts mathématiques que nous y exposons sont de nature élémentaire pour un mathématicien. Nous les avons introduit dans le but de rendre plus agréable, pour un épidémiologiste, la lecture des autres chapitres. Dans la section 2.1 nous rappelons des résultats classiques sur la stabilité locale et globale des équilibres d'un système dynamique. Nous donnons ensuite une description sommaire et plutôt intuitive de quelques bifurcations locales de codimension 1. Nous traitons le cas de la bifurcation transcritique avec plus de rigueur parce qu'elle se produit naturellement dans les modèles épidémiologiques comme nous le verrons aux chapitres 4 et 5. Dans la section 2.2 nous exposons la théorie des bases de Groebner dans les algèbres de polynômes à coefficients dans un corps arbitraire \mathbb{K} . Ce cadre général nous est d'une grande utilité pratique. En effet, typiquement un modèle épidémiologique déterministe est donné par une famille de champs de vecteurs $f = (f_1, \dots, f_n)$, où $f_i \in \mathbb{Q}[v, x]$ est un polynôme en termes des paramètres $v = v_1, \dots, v_k$ et des variables d'état $x = x_1, \dots, x_n$. Sachant que seuls les équilibres persistants, i.e. ceux qui ne sont pas détruits par perturbation générique des paramètres, sont pertinents, nous pouvons regarder la famille de champs de vecteurs $f(v, x)$ comme étant un champ de vecteurs polynomial à coefficients dans le corps $\mathbb{Q}(v)$. Le calcul d'une base de Groebner du système $f_1 = \dots = f_n = 0$, avec $\mathbb{Q}(v)$ comme corps de base, nous fournit alors, après factorisation, des paramétrisations explicites en fonction de v des équilibres persistants de f . Dans la section 2.3 nous rappelons deux résultats classiques, à savoir le critère de

Liénard-Chipart et celui de Routh-Hurwitz, qui donnent des conditions semi-algébriques nécessaires et suffisantes pour qu'une matrice carrée à coefficient réels soit stable, i.e. ses valeurs propres sont de partie réelle strictement négative. Dans la section 2.4 nous donnons quelques résultats fondamentaux de la théorie des matrices positives. Le théorème de Perron-Frobenius, voir les théorèmes 2.4.4 et 2.4.6, ainsi qu'un critère de stabilité pour les Z -matrices, voir le théorème 2.4.7, jouent un rôle capital pour établir les résultats du chapitre 3.

Le chapitre 3 est structuré comme suit. Dans la section 3.1 nous montrons comment déterminer les équilibres persistants d'une famille polynomiale de champs de vecteurs. Nous expliquons ensuite dans la section 3.2 pourquoi fréquemment le polynôme caractéristique à l'équilibre sans maladie d'un modèle épidémiologique se factorise. La section 3.3 est consacrée à l'étude de la structure de la matrice jacobienne à l'équilibre sans maladie. De cette structure nous tirons des conditions nécessaires et suffisantes pour la stabilité de cet équilibre. Une classe de modèles épidémiologiques est étudiée dans la section 3.5. Pour cette classe nous montrons que la condition de stabilité de l'équilibre sans maladie est particulièrement facile à obtenir. Un critère de stabilité globale de l'équilibre sans maladie est donné dans la section 3.4. Les résultats de ce chapitre sont publiés dans [23].

Dans le chapitre 4 nous traitons en utilisant le calcul formel des modèles déjà connus. Tous les modèles que nous traitons dans ce chapitre ont exactement un équilibre sans maladie et au plus un équilibre endémique. Nous commençons par donner dans la section 4.1 le schéma général que nous suivrons pour traiter ces exemples. Dans les sections 4.2 et 4.3 nous étudions deux modèles classiques de types *SEIRS* et *SEIT* respectivement.

Dans le chapitre 5 nous étudions un système qui modélise une population envahie par une bactérie à deux souches et soumise à un traitement antibiotique. L'une des souches est supposée sensible au traitement alors que l'autre y est résistante. Nous montrons que ce modèle a au plus quatre équilibres, et nous donnons une étude complète de leurs stabilité et de leurs bifurcations. Les résultats de ce chapitre font partie d'un article en cours de rédaction.

Chapitre 1

Modélisation épidémiologique

1.1 Le pourquoi et le comment

L'épidémiologie est l'étude de l'état de santé des populations, de leurs variations et de leurs causes. Une maladie est dite *endémique* si elle persiste dans une population. Elle est dite *épidémique* si elle apparaît pendant une période relativement courte dans une population (moins d'une année). L'épidémiologie s'occupe aussi bien des facteurs comme les agents infectieux, le mode de transmission, la période de latence, la période infectieuse, la susceptibilité, la vaccination et la résistance que des facteurs sociaux, culturels, démographiques, économiques et géographiques.

La modélisation épidémiologique a pour but essentiel de comprendre et contrôler, dans la mesure du possible, la propagation d'une maladie infectieuse transmissible. Elle consiste en gros à construire un modèle mathématique qui permet de rendre compte de la dynamique de la maladie en question à l'échelle macroscopique, i.e. à l'échelle de la population, à partir de données et d'hypothèses de nature microscopique sur la population, i.e. à l'échelle de l'individu, ainsi que sur l'agent pathogène.

L'approche compartimentale est très souvent utilisée dans la construction des modèles épidémiologiques. Elle consiste à partitionner la population en compartiments disjoints dont la taille varie en fonction du temps. Chaque compartiment regroupe les individus qui se trouvent dans le même état vis-à-vis de la maladie. Les différentes connaissances dont on dispose en ce qui concerne la maladie sont ensuite utilisées pour déterminer les taux de transfert entre les différents compartiments. Par exemple, dans un modèle de type *SEIR*, voir la figure 1.1.1, la population est divisée en quatre compartiments, à savoir les susceptibles *S*, les exposés *E*, les infectieux *I* et les immunisés *R*. Un individu dans le compartiment *S* est complètement susceptible, c'est-à-dire il peut contracter la maladie par contact avec ceux du compartiment *I*. Il est alors transféré au compartiment *E* qui contient les individus infectés mais pas encore infectieux. Après une période de latence, qui dépend de la

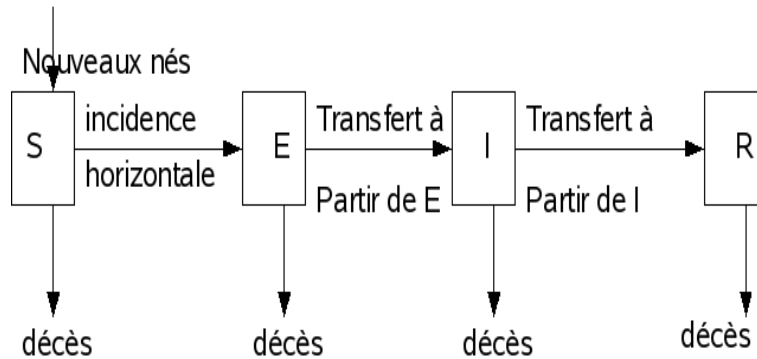


FIG. 1.1.1 – Diagramme de transfert du modèle *SEIR*

maladie, un individu dans E devient infectieux à son tour et il est transféré au compartiment I . À la fin de sa période d’infectiosité, qui elle aussi dépend de la maladie, l’individu rejoint le compartiment R des individus ayant acquis une immunité permanente contre la maladie en question.

Le taux de transfert de S à E est le taux d’infection des susceptibles par leurs contacts avec les infectieux. Si $S(t)$ est le nombre de susceptibles à l’instant t , $I(t)$ est le nombre des infectieux et N est la taille de la population, alors $s(t) = \frac{S(t)}{N}$ et $i(t) = \frac{I(t)}{N}$ sont les fractions des susceptibles et infectieux respectivement. Soit β le nombre moyen de contacts adéquats (i.e. contacts suffisants pour la transmission) pour une personne par unité de temps. Si on suppose que le taux de contacts β ne dépend pas de la taille de la population et ne varie pas avec le temps alors $\beta \frac{I}{N} = \beta i$ est le nombre moyen de contacts avec les infectés par unité de temps pour un susceptible, et $\beta \frac{I}{N} S = \beta N i s$ est le nombre de nouveaux cas par unité de temps. Cette forme d’incidence bilinéaire est appelée *incidence horizontale standard*, voir e.g. [30, 31]. L’*incidence verticale* qui est le taux d’infection des nouveaux nés par leurs mères est quelques fois incluse dans les modèles épidémiologiques en supposant qu’une fraction fixée de nouveaux nés est infectée verticalement [32]. Des formes variées d’incidences non linéaires sont considérées, voir e.g., [34, 47, 48]. Pour un mécanisme de sondage incluant les incidences non linéaires qui peut conduire à la périodicité dans les modèles épidémiologiques voir [33].

Les taux de transfert de E à I et de I à R sont inversement proportionnels respectivement à la période de latence et à la période d’infectiosité. Ils sont donc de la forme σE et νI . Tenant compte du taux de natalité, de l’hypothèse que les nouveaux nés sont susceptibles, et du taux de mortalité, supposé le même pour tous les compartiments, on aboutit à un système d’équations différentielles ordinaires dépendant des paramètres.

1.2 Taux de reproduction de base

L'une des questions fondamentales concernant une maladie infectieuse est de savoir dans quelles circonstances elle peut proliférer dans une population donnée. Dans beaucoup de cas, la population a une situation d'équilibre où la maladie est absente. En termes mathématiques, cela signifie que le modèle épidémiologique a un équilibre sans maladie (c'est-à-dire tous les compartiments contenant des individus infectés sont vides). La question de savoir si la maladie risque de proliférer peut alors être cernée par l'étude de la stabilité de cet équilibre.

Intuitivement, une maladie peut proliférer dans une population si en moyenne un individu infectieux en infecte plus qu'un. Ceci permet de définir *le taux de reproduction de base* R_0 comme étant le nombre moyen d'infections causées quand un individu infectieux typique est introduit dans une population complètement susceptible durant toute sa période d'infectiosité, voir e.g. [32, 22]. Il est implicitement supposé que l'individu se mélange à la population hôte exactement de la même façon que la population se mélangerait.

Pour une très large classe de modèles épidémiologiques, il est prouvé dans [21, 22, 56] que l'équilibre sans maladie est localement asymptotiquement stable si $R_0 < 1$ et instable si $R_0 > 1$. Lorsque l'équilibre sans maladie est instable, c'est-à-dire la maladie peut proliférer dans la population, plusieurs situations peuvent se présenter. La plus simple consiste en l'apparition d'un *équilibre endémique* globalement stable, voir e.g. [42, 43, 60, 44, 25]. Il est aussi possible que plusieurs équilibres endémiques, ou des oscillations périodiques, apparaissent, voir e.g. [47, 34, 3]. D'autres phénomènes beaucoup plus complexes peuvent se manifester, voir e.g. [57, 6].

1.3 Trois modèles de base

Pour comprendre le comportement des modèles épidémiologiques il est utile d'étudier d'abord les trois modèles de base que sont le *SIS* endémique, le *SIR* épidémique ainsi que le *SIR* endémique. Nous présentons ces modèles, chacun dans une sous-section à part. Nous nous inspirons ici très largement de l'article [32].

1.3.1 Le modèle endémique de base *SIS*

Le modèle de base *SIS* est le plus simple modèle de maladie infectieuse qui ne confère pas d'immunité. Ainsi les susceptibles peuvent être infectés et redevenir susceptibles après rétablissement. C'est un modèle endémique parce qu'il peut arriver que la maladie peut persister. Le modèle avec la

dynamique vitale est donné par

$$\begin{aligned}\dot{S} &= \mu N - \mu S - \beta IS/N + \gamma I, \\ \dot{I} &= \beta IS/N - \gamma I - \mu I,\end{aligned}\tag{1.3.1}$$

où $N = S + I$ est la taille de la population et les paramètres β, μ et γ sont respectivement le paramètre de transmission, le taux de natalité supposé égal au taux de mortalité et le taux de perte d'infectiosité.

Les nouveaux nés sont tous supposés susceptibles. Les naissances équilibrent les décès de telle sorte que la taille de la population N soit constante.

En divisant les équations par N et en posant $i(t) = I(t)/N$ et $s(t) = S(t)/N = 1 - i(t)$ on obtient

$$\dot{i} = \beta i(1 - i) - (\gamma + \mu)i.\tag{1.3.2}$$

Cette équation contient la fraction infectée i , mais ne contient pas la taille N de la population. La substitution $y = i^{-1}$ la transforme en l'équation différentielle linéaire

$$\dot{y} = -(\beta - \gamma - \mu)y + \beta.$$

La solution générale de l'équation (1.3.2) est donc

$$i(t) = \begin{cases} \frac{e^{(\gamma+\mu)(R_0-1)t}}{R_0(e^{(\gamma+\mu)(R_0-1)t}-1)/(R_0-1)+1/i_0} & \text{pour } R_0 \neq 1 \\ \frac{1}{\beta t + 1/i_0} & \text{pour } R_0 = 1 \end{cases}$$

où $R_0 = \beta/(\gamma + \mu)$ est le taux de reproduction de base. Le théorème suivant découle directement de la solution explicite.

Théorème 1.3.1. *La solution $i(t)$ de l'équation (1.3.2) approche 0 quand $t \rightarrow +\infty$ si $R_0 \leq 1$ et approche $1 - 1/R_0$ quand $t \rightarrow +\infty$ si $R_0 > 1$.*

Ce théorème signifie que pour une maladie sans immunité, quelle que soit la fraction infectée initiale positive, la fraction infectée approche une valeur constante endémique si le nombre de contacts dépasse 1. Sinon, la maladie a tendance à disparaître. Pour le modèle *SIS* les courbes solutions restent sur la ligne $s + i = 1$, toute courbe approche le point $(s, i) = (1/R_0, 1 - 1/R_0)$ quand $R_0 > 1$ et approche le point $(s, i) = (1, 0)$ quand $R_0 \leq 1$.

1.3.2 Le modèle épidémique de base *SIR*

Le modèle épidémique de base *SIR* est donné par le système d'équations différentielles ordinaires suivant

$$\begin{aligned}\dot{S} &= -\beta IS/N, \\ \dot{I} &= \beta IS/N - \gamma I, \\ \dot{R} &= \gamma I,\end{aligned}\tag{1.3.3}$$

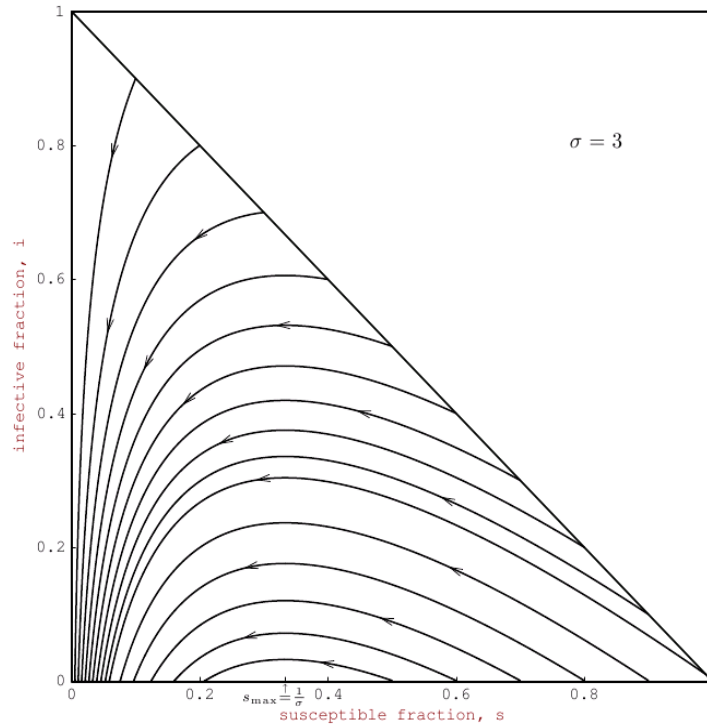


FIG. 1.3.1 – Portrait de phase du modèle épidémique classique SIR avec $R_0 = 3$.

où $N(t) = S(t) + I(t) + R(t)$ est la taille de la population, et β et γ ont la même signification que dans le modèle SIS . Le portrait de phase du système (1.3.3) est représenté dans la figure 1.3.1 qu'on peut trouver dans [32, p. 605]. Ce modèle utilise l'incidence standard et les infectés récupèrent au taux γI correspondant à un temps d'attente exponentiel $e^{-\gamma t}$. Puisque le modèle épidémique SIR est utilisé pour des périodes de temps relativement courtes, il n'a pas de dynamique vitale.

En divisant dans (1.3.3) les équations par la taille constante N de la population totale on obtient

$$\begin{cases} \dot{s} = -\beta i s, \\ \dot{i} = \beta i s - \gamma i, \end{cases} \quad (1.3.4)$$

avec $r(t) = 1 - s(t) - i(t)$. Le triangle T dans le plan (s, i) donné par

$$T = \{(s, i) | s \geq 0, i \geq 0, s + i \leq 1\}$$

est positivement invariant et une solution unique existe dans T pour tout temps positif et toutes données initiales. Donc le modèle est mathématiquement et épidémiologiquement bien posé. Ici $R_0 = \beta/\gamma$ est le taux de contact

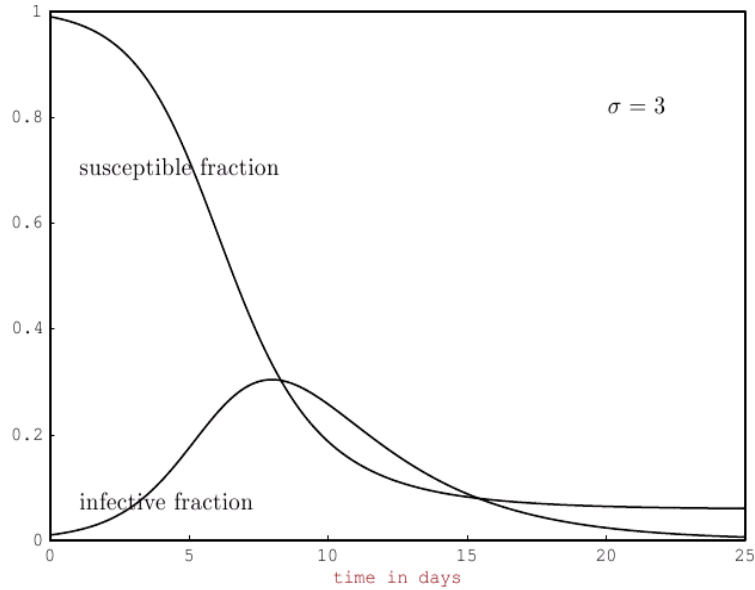


FIG. 1.3.2 – Solutions du modèle épidémique classique *SIR* avec $R_0 = 3$ et $1/\gamma = 3$ jours.

β par unité de temps multiplié par la période moyenne d'infection $1/\gamma$. Ainsi il a une interprétation propre comme le nombre moyen de contacts adéquats d'un infecté typique durant la période infectieuse.

Théorème 1.3.2. *Soit $(s(t), i(t))$ une solution de (1.3.4) dans T . Si $R_0 s(0) \leq 1$ alors $i(t)$ commence par croître jusqu'à une valeur maximale $i_{max} = i(0) + s(0) - 1/R_0 - [\ln(R_0 s(0))]/R_0$ et ensuite décroît vers 0 quand $t \rightarrow +\infty$. La fraction des susceptibles $s(t)$ est une fonction décroissante et la valeur limite s_∞ est l'unique solution dans $(0, 1/R_0)$ de l'équation*

$$i(0) + s(0) - s_\infty + [\ln(s_\infty/s(0))]/R_0 = 0.$$

Les trajectoires typiques dans T sont montrées dans la figure 1.3.1, et les solutions comme fonctions du temps sont montrées dans la figure 1.3.2. Les résultats du théorème sont épidémiologiquement raisonnables puisque l'infection diminue et il n'y a pas d'épidémie si beaucoup d'individus sont immunisés. Donc un infecté typique en infecte en moyenne moins d'un nouveau infecté ($R_0 s(0) \leq 1$). Mais si un infecté typique en infecte en moyenne plus qu'un ($R_0 s_0 > 1$), alors les infectés augmentent et l'épidémie apparaît. La vitesse à laquelle une épidémie progresse dépend des caractéristiques de la maladie en question.

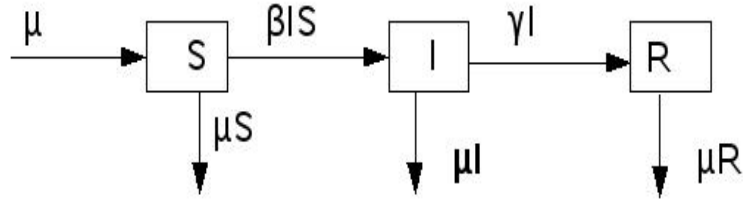


FIG. 1.3.3 – Diagramme de transfert du modèle *SIR* endémique

1.3.3 Le modèle endémique de base *SIR*

Le modèle *SIR* endémique de base est donné par le système d'équations différentielles ordinaires suivant :

$$\begin{aligned} \dot{S} &= \mu N - \mu S - \beta IS/N \\ \dot{I} &= \beta IS/N - (\gamma + \mu)I \\ \dot{R} &= \gamma I - \mu R \end{aligned} \quad (1.3.5)$$

où $N(t) = S(t) + I(t) + R(t)$ est la taille de la population, et β, μ et γ ont la même signification que dans le modèle *SIS*. Le modèle *SIR* endémique est différent du modèle *SIR* épidémique par l'arrivée des nouveaux nés dans la classe des susceptibles au taux μN et les décès dans les classes aux taux μS , μI et μR . Le taux de natalité est égal au taux de mortalité, ainsi la taille N de la population est constante. En divisant les équations du système (1.3.5) par N on obtient le système

$$\begin{aligned} \dot{s} &= \mu - \mu s - \beta is \\ \dot{i} &= \beta is - (\gamma + \mu)s \end{aligned} \quad (1.3.6)$$

avec $r(t) = 1 - s(t) - i(t)$. Le triangle $T = \{(s, i) | s \geq 0, i \geq 0, s + i \leq 1\}$ est positivement invariant, et le modèle est bien posé. Pour ce modèle, la quantité seuil $R_0 = \beta/(\gamma + \mu)$ est le produit du taux de contact par la période moyenne d'infection ajustée par les décès $1/(\gamma + \mu)$.

Théorème 1.3.3. *Soit $(s(t), i(t))$ la solution de (1.3.6) dans T . Si $R_0 \leq 1$ ou $s(0) = 0$, alors toute solution qui commence dans T approche l'équilibre sans maladie $(1, 0)$. Si $R_0 > 1$, alors toute solution avec $i(0) > 0$ approche l'équilibre endémique $(s_e, i_e) = (1/R_0, \mu(R_0 - 1)/\beta)$.*

La coordonnée i_e de l'équilibre endémique est négative pour $R_0 < 1$, elle coïncide avec la valeur 0 de celle de l'équilibre sans maladie lorsque

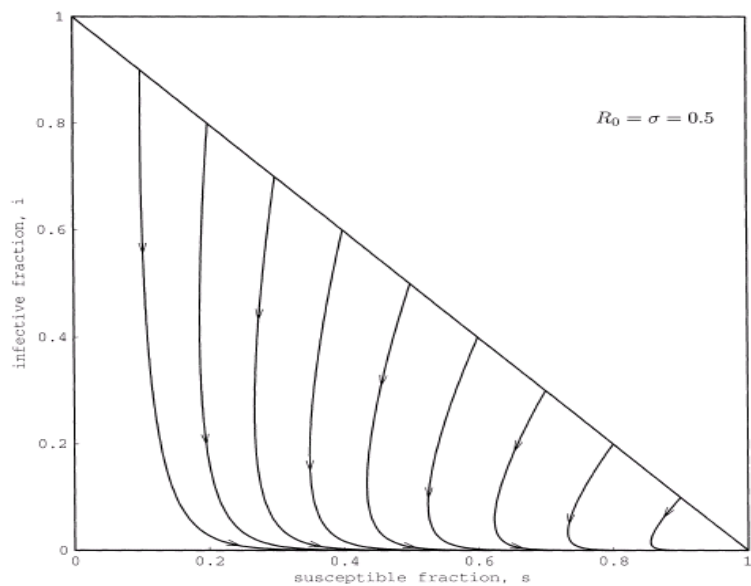


FIG. 1.3.4 – Portrait de phase du modèle *SIR* endémique avec $R_0 = 0.5$.

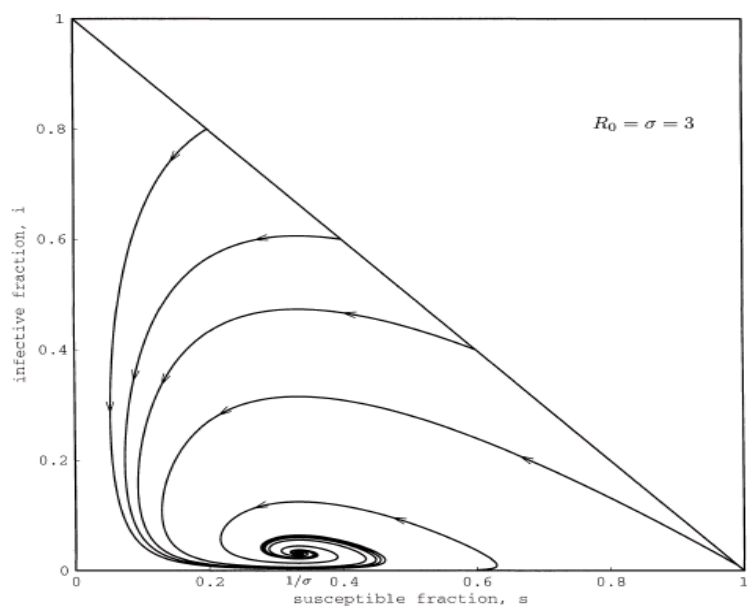


FIG. 1.3.5 – Portrait de phase du modèle *SIR* endémique avec $R_0 = 3$, $1/\gamma = 3$ jours et $1/\mu = 60$ jours.

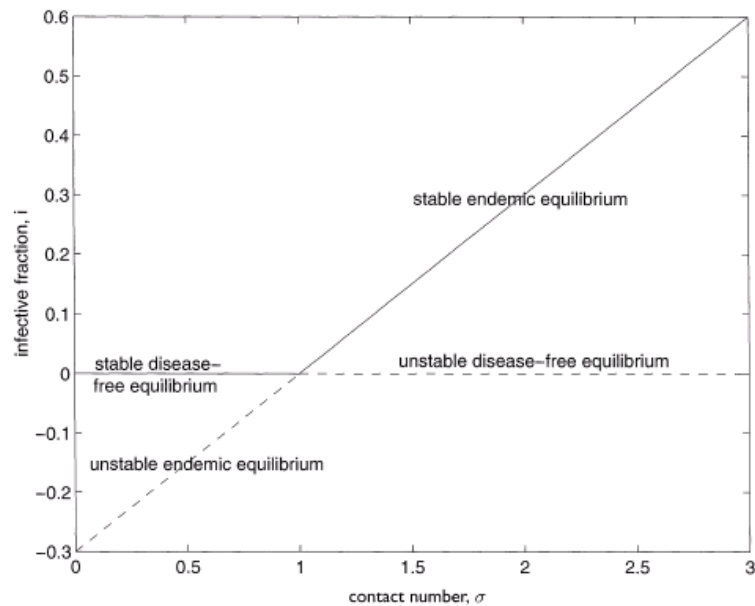


FIG. 1.3.6 – Diagramme de bifurcation du modèle SIR endémique qui montre l’échange de stabilité entre l’équilibre sans maladie et l’équilibre endémique quand $R_0 = 1$.

$R_0 = 1$ et devient positive pour $R_0 > 1$, voir les figures 1.3.6 et 1.3.7. L’équilibre endémique donné par $(s_e, i_e) = (1/R_0, \mu(R_0 - 1)/\beta)$ est instable lorsque $R_0 < 1$ et est localement asymptotiquement stable lorsque $R_0 > 1$ alors que l’équilibre sans maladie donné par $(s, i) = (1, 0)$ est localement asymptotiquement stable lorsque $R_0 < 1$ et instable lorsque $R_0 > 1$. Ainsi les deux équilibres échangent leur stabilité lorsque $R_0 = 1$ et l’équilibre endémique devient épidémiologique et localement asymptotiquement stable lorsque $R_0 > 1$. C’est un cas typique de bifurcation transcritique. Nous étudierons avec plus de détails ce phénomène dans les chapitres qui suivent.

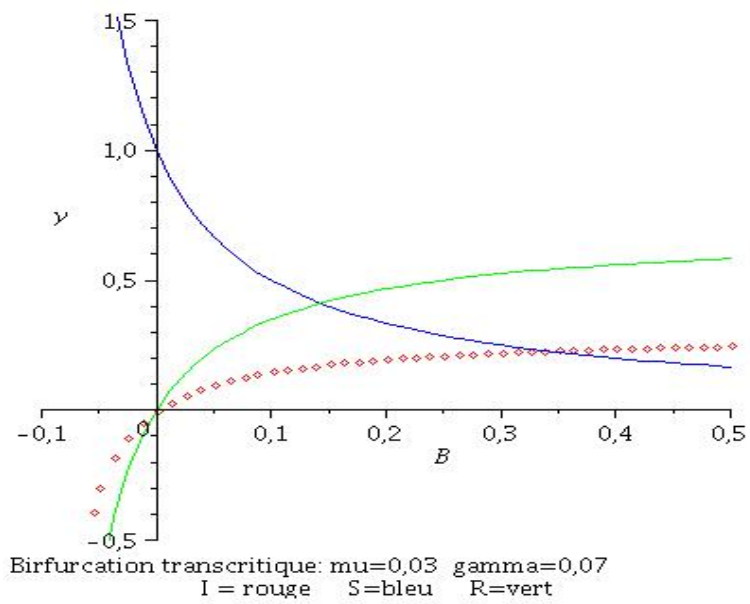


FIG. 1.3.7 – Les courbes de S , I et R lors de la bifurcation du modèle SIR endémique avec $\gamma = 0.07$, $\mu = 0.03$.

Chapitre 2

Notions préliminaires

Dans ce chapitre nous exposons les outils mathématiques dont nous aurons besoin dans la suite. Les concepts que nous rappelons ici sont classiques et pour la plupart de nature élémentaire pour un mathématicien. Nous les introduisons ici dans le but de rendre plus facile, pour un épidémiologiste, la lecture des autres chapitres.

Ce chapitre est constitué de quatre sections indépendantes les unes des autres.

Dans la section 2.1 nous rappelons des résultats classiques sur la stabilité locale et globale des équilibres d'un système dynamique. Nous donnons ensuite une description sommaire et plutôt intuitive de quelques bifurcations locales de codimension 1. Nous traitons le cas de la bifurcation transcritique avec plus de rigueur parce qu'elle se produit naturellement dans les modèles épidémiologiques comme nous le verrons aux chapitres 4 et 5.

Dans la section 2.2 nous exposons la théorie des bases de Groebner dans les algèbres de polynômes à coefficients dans un corps arbitraire \mathbb{K} . Ce cadre général nous est d'une grande utilité pratique. En effet, typiquement un modèle épidémiologique déterministe est donné par une famille de champs de vecteurs $f = (f_1, \dots, f_n)$, où $f_i \in \mathbb{Q}[v, x]$ est un polynôme en termes des paramètres $v = v_1, \dots, v_k$ et des variables d'état $x = x_1, \dots, x_n$. Sachant que seuls les équilibres persistants, i.e. ceux qui ne sont pas détruits par perturbation générique des paramètres, sont pertinents nous pouvons regarder la famille de champs de vecteurs $f(v, x)$ comme étant un champ de vecteurs polynomial à coefficients dans le corps $\mathbb{Q}(v)$. Le calcul d'une base de Groebner du système $f_1 = \dots = f_n = 0$, avec $\mathbb{Q}(v)$ comme corps de base, nous fournit alors, après factorisation, des paramétrisations explicites en fonction de v des équilibres persistants de f .

Dans la section 2.3 nous rappelons deux résultats classiques, à savoir le critère de Liénard-Chipart et celui de Routh-Hurwitz, qui donnent des conditions semi-algébriques nécessaires et suffisantes pour qu'une matrice

carrée à coefficient réels soit stable, i.e. ses valeurs propres sont de partie réelle strictement négative.

Dans la section 2.4 nous donnons quelques résultats fondamentaux de la théorie des matrices positives. Le théorème de Perron-Frobenius, voir les théorèmes 2.4.4 et 2.4.6, ainsi qu'un critère de stabilité pour les Z -matrices, voir le théorème 2.4.7, jouent un rôle capital pour établir les résultats du chapitre 3.

2.1 Systèmes dynamiques

Dans cette section nous rappelons quelques concepts classiques de la théorie des systèmes dynamiques. Nous nous concentrons essentiellement sur les questions relatives aux points d'équilibre. Nous renvoyons aux ouvrages classiques [27, 63, 17] pour plus de détails.

Dans toute la suite nous considérons un champ de vecteurs différentiable $f(x) : \mathcal{U} \rightarrow \mathbb{R}^n$, où \mathcal{U} est un ouvert de \mathbb{R}^n et $x = x_1, \dots, x_n$ est la liste des variables d'état. Le système d'équations différentielles ordinaires associé est alors

$$\dot{x} = f(x).$$

Le flux engendré par le système différentiel est noté $\phi(t, x)$. C'est-à-dire étant donné $x \in \mathbb{R}^n$, $\phi(t, x)$ est la solution du système différentiel $\dot{x} = f(x)$ qui commence en x pour $t = 0$.

En général, il n'existe pas de formules closes pour résoudre les systèmes d'équations différentielles ordinaires non linéaires. Devant cette impossibilité on se tourne vers l'étude du comportement qualitatif des solutions, mais là encore le problème est très loin d'être facile. Les solutions constantes, appelés *points d'équilibre* ou encore *points fixes*, sont les solutions les plus simples qu'un système différentiel donné peut avoir. Si le système en question est donné par le champ de vecteurs $f = (f_1, \dots, f_n)$ alors les équilibres sont donnés par le système d'équations $f_1 = \dots = f_n = 0$. L'une des questions les plus fondamentales est alors d'étudier le comportement topologique du flux $\phi(t, x)$ engendré par f au voisinage des points d'équilibre.

2.1.1 Stabilité des équilibres

Définition 2.1.1. *Un équilibre x^* du champ de vecteurs $f(x) : \mathcal{U} \rightarrow \mathbb{R}^n$ est dit stable si toute solution suffisamment proche de x^* reste proche de x^* , c'est-à-dire*

$$\forall \varepsilon > 0 \exists \eta > 0 \forall x \in \mathcal{U} (|x - x^*| < \eta \implies \forall t \geq 0 |\phi(t, x) - x^*| < \varepsilon),$$

où $\phi(t, x)$ est le flux engendré par f .

Lorsque x^* n'est pas stable on dit qu'il est instable.

L'équilibre x^* est dit localement asymptotiquement stable s'il est stable et toute solution qui commence suffisamment proche de x^* converge vers x^* quand t vers $+\infty$, c'est-à-dire

$$\exists \eta > 0 \quad \forall x \in \mathcal{U} \quad (|x - x^*| < \eta \implies \lim_{t \rightarrow +\infty} \phi(t, x) = x^*).$$

L'équilibre x^* est dit globalement asymptotiquement stable sur $\mathcal{V} \subseteq \mathcal{U}$ s'il est stable et toute solution converge vers x^* quand t vers $+\infty$, c'est-à-dire

$$\forall x \in \mathcal{V} \quad \lim_{t \rightarrow +\infty} \phi(t, x) = x^*.$$

Lorsqu'un équilibre x^* est stable mais pas asymptotiquement stable on dit que la stabilité est *neutre*, c'est-à-dire les trajectoires qui commencent au voisinage de x^* restent au voisinage de cet équilibre sans pour autant y converger lorsque $t \rightarrow +\infty$.

Une approche classique pour l'étude de la stabilité asymptotique locale du système $\dot{x} = f(x)$ près de l'équilibre x^* consiste à considérer le système différentiel linéaire $\dot{z} = \partial_x f(x^*).z$, où $\partial_x f(x^*)$ est la matrice jacobienne de f évaluée en x^* . Le flux engendré par le système différentiel $\dot{z} = \partial_x f(x^*).z$ n'est rien d'autre que $\exp(t\partial_x f(x^*)).z = \partial_x \phi(t, x^*).z$. Un résultat fondamental dû à Hartman et Grobman, voir par exemple [17, Théorème 7.2], affirme que dans le cas *hyperbolique* où la matrice $\partial_x f(x^*)$ n'a pas de valeur propre imaginaire pure, le comportement du flux $\phi(t, x)$ près de x^* est topologiquement équivalent à celui du flux $\exp(t\partial_x f(x^*)).z$ près de l'équilibre 0. En particulier, toujours dans le cas hyperbolique, x^* est asymptotiquement stable si et seulement si 0 l'est pour le système linéaire $\dot{z} = \partial_x f(x^*).z$. Ce qui de manière équivalente revient à dire que les valeurs propres de $\partial_x f(x^*)$ sont à partie réelle strictement négative. Nous donnerons dans les sections 2.3 et 2.4 d'autres conditions équivalentes plus algorithmiques, voir les théorèmes 2.3.3, 2.3.4 et 2.4.7.

2.1.2 Invariance et stabilité globale

Soit $f : \mathcal{U} \rightarrow \mathbb{R}^n$ un champ de vecteurs et soit $\phi(t, x)$ le flux engendré par f . Un sous-ensemble \mathcal{V} de \mathcal{U} est dit *positivement* (resp. *négativement*) *invariant* par f si pour tout $x \in \mathcal{V}$ on a $\phi(t, x) \in \mathcal{V}$ pour $t \geq 0$ (resp. $t \leq 0$). Dans le cas où \mathcal{V} est à la fois positivement et négativement invariant par f on dit que \mathcal{V} est invariant par f .

Étant donné $x \in \mathcal{U}$, l'ensemble ω_+ -limite noté $\omega_+(x)$ (resp. l'ensemble ω_- -limite noté $\omega_-(x)$) de x est l'ensemble des point z tels qu'il existe une suite t_n qui tend vers $+\infty$ (resp. $-\infty$) et $\phi(t_n, x)$ tend vers z . C'est un fait classique que les ensembles ω -limites sont fermés et invariants par f .

Dans la suite nous serons principalement concernés par l'invariance positive du cône \mathbb{R}_+^n par un champ de vecteurs donné $f(x)$. Cela est équivalent à la propriété suivante, voir [63]

$$\forall x \in \mathbb{R}_+^n \quad (x_i = 0 \Rightarrow f_i(x) \geq 0).$$

Supposons que f est de classe \mathcal{C}^∞ et considérons la dérivée de Lie \mathcal{L}_f associée au champ de vecteurs f . C'est la dérivation de $\mathcal{C}^\infty(\mathcal{U}, \mathbb{R})$ définie par $\mathcal{L}_f \varphi = \sum f_i \partial_{x_i} \varphi$. La dérivée de Lie permet par exemple d'exprimer le développement de Taylor du flux $\phi(t, x)$ engendré par f . En effet, si $x^* \in \mathbb{R}^n$ alors le développement de Taylor d'ordre m de $\phi_i(t, x^*)$ autour de 0 est

$$\sum_{k=0}^m \left(\frac{\mathcal{L}_f^k \phi_i}{k!} \right) (x^*) t^k.$$

En particulier, si f est analytique alors \mathcal{L}_f donne le développement en série entière de chaque $\phi_i(t, x^*)$. Une autre situation où \mathcal{L}_f s'avère être utile est de décider de l'invariance d'un sous-ensemble donné par des équations implicites. Plus précisément, soit $\mathcal{V} \subseteq \mathcal{U}$ un sous-ensemble donné par une famille d'équations $\varphi_j(x) = 0$, $j \in J$. Si pour tout $j \in J$ la dérivée de Lie $\mathcal{L}_f \varphi_j$ est dans l'idéal engendré par les φ_k alors \mathcal{V} est invariant par f .

Définition 2.1.2. Soit $f : \mathcal{U} \rightarrow \mathbb{R}^n$ un champ de vecteurs, $\phi(t, x)$ le flux engendré par f et soit \mathcal{V} un sous-ensemble de \mathcal{U} positivement invariant par f . Une application continue $\ell : \mathcal{V} \rightarrow \mathbb{R}_+^*$ est appelée fonction de Lyapunov pour f dans \mathcal{V} si pour $x \in \mathcal{V}$ on a $\ell(\phi(t', x)) \leq \ell(\phi(t, x))$ lorsque $t < t'$.

Une fonction de Lyapunov, lorsqu'elle existe, permet de déterminer la stabilité globale d'un équilibre. Elle permet aussi de déterminer la stabilité d'un équilibre lorsque la linéarisation ne permet pas de conclure.

Théorème 2.1.1 (Lyapunov-Lasalle). Soit $f : \mathcal{U} \rightarrow \mathbb{R}^n$ un champ de vecteurs et soit $\phi(t, x)$ le flux engendré par f . Soit \mathcal{V} un sous-ensemble fermé de \mathcal{U} et supposons que f a une fonction de Lyapunov ℓ dans \mathcal{V} qui est différentiable dans un ouvert contenant \mathcal{V} . Soit \mathcal{I} le plus grand ensemble invariant de f contenu dans $\{x \in \mathcal{V} \mid \dot{\ell}(x) = 0\}$. Alors on a les propriétés suivantes.

1. Pour tout x tel que $\phi(t, x)$ reste positivement dans \mathcal{V} on a $\omega_+(x) \subseteq \mathcal{I}$.
2. Si \mathcal{I} est un singleton, disons x^* , et \mathcal{V} est compact alors x^* est un équilibre de f et toute solution $\phi(t, x)$ qui reste positivement dans \mathcal{U} tend vers x^* quand t tend vers $+\infty$. En particulier, si \mathcal{V} est positivement invariant par f alors x^* est globalement asymptotiquement stable dans \mathcal{V} .

Démonstration. 1. Soit $x \in \mathcal{V}$ tel que $\phi(t, x)$ reste positivement dans \mathcal{V} . L'application $\ell(\phi(t, x))$ est décroissante positive et par suite elle a une limite

c lorsque t tend vers $+\infty$. Soit $z \in \omega_+(x)$ et soit t_n une suite telle que $\lim t_n = +\infty$ et $\lim \phi(t_n, x) = z$. Puisque $\phi(t_n, x) \in \mathcal{V}$ et \mathcal{V} est fermé on a $z \in \mathcal{V}$. En plus, on a $\lim \ell(\phi(t_n, x)) = \ell(z) = c$ puisque ℓ est continue. Étant donné $t \in \mathbb{R}$ tel que $y = \phi(t, z)$ soit définie, on a $y \in \omega_+(x)$ selon le fait que $\omega_+(x)$ est invariant par f . Cela donne $\ell(y) = \ell(\phi(t, z)) = c$ et après l'application de l'opérateur ∂_t on obtient $\dot{\ell}(\phi(t, z)) = 0$ et en particulier $\dot{\ell}(z) = 0$. Cela prouve que le sous-ensemble invariant $\omega_+(x)$ est contenu dans $\{y \in \mathcal{V} \mid \dot{\ell}(y) = 0\}$, et puisque \mathcal{S} est le plus grand sous-ensemble invariant de $\{y \in \mathcal{V} \mid \dot{\ell}(y) = 0\}$ on a $\omega_+(x) \subseteq \mathcal{S}$.

2. Supposons que $\mathcal{S} = \{x^*\}$. Alors x^* est un équilibre de f puisque \mathcal{S} est invariant par f . Maintenant soit $x \in \mathcal{V}$ tel que $\phi(t, x)$ reste positivement dans \mathcal{V} et soit une suite (t_n) telle que $\lim t_n = +\infty$. Clairement, toute valeur d'adhérence $\phi(t_n, x)$ appartient à $\omega_+(x) \subseteq \mathcal{S} = \{x^*\}$ et par suite x^* est la seule valeur d'adhérence de $\phi(t_n, x)$. D'un autre côté, puisque \mathcal{V} est compact la suite $\phi(t_n, x)$ a au moins une valeur d'adhérence. Donc x^* est la seule valeur d'adhérence de $\phi(t_n, x)$ et $\lim \phi(t_n, x) = x^*$. Puisque cela vaut pour toute suite (t_n) telle que $\lim t_n = +\infty$ on a $\lim_{t \rightarrow +\infty} \phi(t, x) = x^*$. \square

2.1.3 Bifurcation transcritique et bifurcation de Hopf

Soient $\mathcal{U} \subseteq \mathbb{R}^n$ et $\mathcal{V} \subseteq \mathbb{R}^k$ deux ouverts et $f(v, x) : \mathcal{V} \times \mathcal{U} \rightarrow \mathbb{R}^n$ une application différentiable, nous dirons par la suite que $f(v, x)$ est une *famille différentiable de champs de vecteurs*. Nous noterons par $\phi(t, v, x)$ la famille de flux engendrée par f . Lorsqu'on fait varier les paramètres v la famille $\phi(t, v, x)$ subit en général des changements qualitatifs. Il se peut par exemple que des équilibres apparaissent ou disparaissent, tout comme il se peut qu'il changent de stabilité. D'autres phénomènes beaucoup plus complexes peuvent apparaître. L'étude de ces changements qualitatifs s'appelle *la théorie de la bifurcation*.

Nous donnons dans cette sous-section deux cas de bifurcations *locales*, à savoir la bifurcation transcritique et la bifurcation de Hopf. Elles seront par la suite utilisées au chapitre 4.

Bifurcation transcritique

Considérons la famille d'équations différentielles

$$\dot{x} = vx + x^2,$$

où v est un paramètre réel. Pour chaque valeur de v l'équation correspondante a deux équilibres, à savoir $\psi_1(v) = 0$ et $\psi_2(v) = -v$. La matrice jacobienne du système en $\psi_1(v)$ possède v comme seule valeur propre, et celle en $\psi_2(v)$ possède $-v$ comme seule valeur propre. Alors trois cas se présentent selon la valeur du paramètre v .

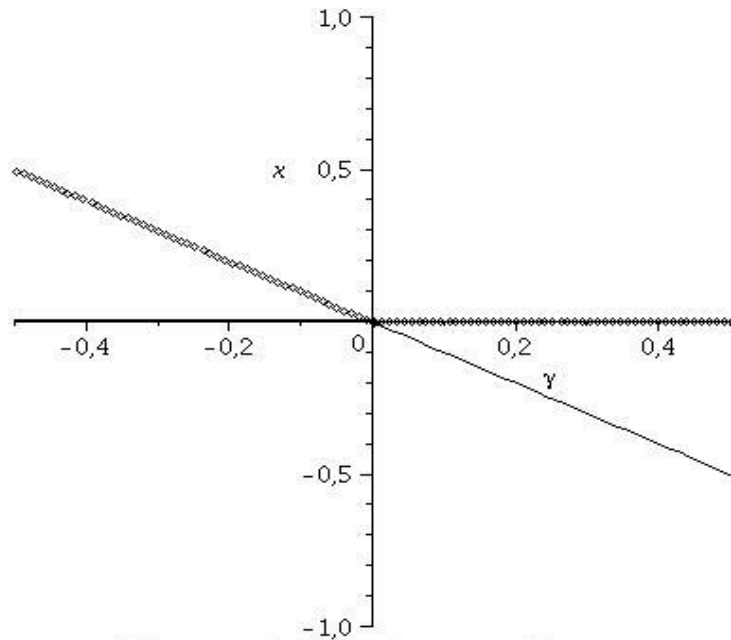


FIG. 2.1.1 – Diagramme de la bifurcation transcritique.

1. Si $v > 0$ alors $\psi_1(v)$ est instable et $\psi_2(v)$ asymptotiquement stable.
2. Si $v = 0$ alors $\psi_1(v) = \psi_2(v)$ est l'unique équilibre, il est stable et l'équation devient $\dot{x} = x^2$.
3. Si $v < 0$ alors $\psi_1(v)$ est asymptotiquement stable et $\psi_2(v)$ est instable.

En résumé, lorsque le paramètre v traverse la valeur 0 dans le sens croissant il y a un échange de stabilité entre les deux équilibres. Cette bifurcation est appelée *bifurcation transcritique*. Son diagramme de bifurcation est représenté dans la figure 2.1.1.

Nous utiliserons la bifurcation transcritique au chapitre 4 pour étudier les échanges de stabilité, dans certains modèles épidémiologiques, entre les équilibres sans maladie et les équilibres endémiques. Nous donnons maintenant la définition formelle de cette bifurcation ainsi que le théorème de Sotomayor [52].

Définition 2.1.3. Soit $f(v, x) : \mathcal{V} \times \mathcal{U} \rightarrow \mathbb{R}^n$ une famille différentiable de champs de vecteurs, où $\mathcal{V} \subseteq \mathbb{R}$ et $\mathcal{U} \subseteq \mathbb{R}^n$ sont des ouverts. On dit que $f(v, x)$ subit une bifurcation transcritique en $(v^*, x^*) \in \mathcal{V} \times \mathcal{U}$ s'il existe $\varepsilon > 0$, un voisinage \mathcal{W} de x^* et des applications différentiables $\psi_1, \psi_2 :]v^* - \varepsilon, v^* + \varepsilon[\rightarrow \mathbb{R}^n$ et $\lambda_1, \lambda_2 :]v^* - \varepsilon, v^* + \varepsilon[\rightarrow \mathbb{R}$ qui vérifient les propriétés suivantes.

1. La seule valeur propre de $\partial_x f(v^*, x^*)$ avec partie réelle nulle est 0 et elle est simple.
2. Pour $v \in]v^* - \varepsilon, v^* + \varepsilon[$, $\psi_1(v)$ et $\psi_2(v)$ sont les seuls équilibres de $f(v, x)$ dans \mathcal{W} , de plus on a $\psi_i(v^*) = x^*$ et $\psi_1(v) \neq \psi_2(v)$ pour $v \neq v^*$.
3. $\lambda_i(v)$ est une valeur propre de $\partial_x f(v, \psi_i(v))$, avec $\lambda_i(v^*) = 0$, et $\lambda_1(v)\lambda_2(v) < 0$ pour $v \neq v^*$.

Le théorème suivant donne les conditions génériques pour qu'une bifurcation transcritique se manifeste, voir [52].

Théorème 2.1.2. Soit $f(v, x) : \mathcal{V} \times \mathcal{U} \rightarrow \mathbb{R}^n$ une famille de classe \mathcal{C}^2 de champs de vecteurs, où $\mathcal{V} \subseteq \mathbb{R}$ et $\mathcal{U} \subseteq \mathbb{R}^n$ sont des ouverts, et soit $(v^*, x^*) \in \mathcal{V} \times \mathcal{U}$ tel que x^* soit un équilibre de $f(v^*, x)$. Supposons que 0 est la seule valeur propre de $\partial_x f(v^*, x^*)$ avec partie réelle nulle et elle est simple, et soit V_d (resp. V_g) un vecteur propre de $\partial_x f(v^*, x^*)$ (resp. ${}^t\partial_x f(v^*, x^*)$) associé à 0. Si les conditions

1. ${}^tV_g \cdot \partial_v f(v^*, x^*) = 0$,
2. ${}^tV_g \cdot \partial_{vx}^2 f(v^*, x^*) \cdot V_d \neq 0$,
3. ${}^tV_g \cdot \partial_{xx}^2 f(v^*, x^*) \cdot (V_d, V_d) \neq 0$

sont vérifiées alors la famille de champs de vecteurs $f(v, x)$ subit une bifurcation transcritique en (v^*, x^*) .

Bifurcation de Hopf

Définition 2.1.4. Un cycle limite est une trajectoire fermée isolée.

Considérons un système autonome d'équations différentielles ordinaires

$$\dot{x} = f(v, x)$$

dépendant d'un paramètre $v \in \mathbb{R}$, où f est différentiable.

1. Supposons que pour tout $|v|$ suffisamment petit le système correspondant a un équilibre $x^*(v)$.
2. La matrice jacobienne $A(v) = \partial_x f(v, x^*(v))$ a une paire de valeurs propres $\lambda_1(v)$, $\lambda_2(v)$ complexes conjuguées, avec $\lambda_1 = a(v) + b(v)i$ et $a(v)$ change de signe lorsque v passe par 0, qui deviennent imaginaires pures quand $v = 0$, c'est-à-dire $a(0) = 0$, et $b(0) > 0$.

Alors quand v passe par 0 l'équilibre change de stabilité et le système $\dot{x} = f(v, x)$ a un cycle limite. Cette bifurcation est appelée *bifurcation de Hopf*.

Soit $\chi(Z)$ le polynôme caractéristique de $A(v)$ et définissons les polynômes χ_1 et χ_2 par $\chi(Z) = \chi_1(Z^2) + Z\chi_2(Z^2)$. Alors χ a deux racines imaginaires pures si et seulement si les polynômes χ_1 et χ_2 ont une racine commune strictement négative. Ceci donne un critère utile pour détecter une bifurcation de Hopf.

2.2 Bases de Groebner

Lorsqu'on veut étudier algorithmiquement la nature des équilibres d'un système différentiel $\dot{x} = f(x)$ de dimension n la première question qu'on rencontre est de trouver ces équilibres, ce qui revient à résoudre le système d'équations $f(x) = 0$. La question est loin d'être évidente, et elle l'est encore moins lorsqu'il s'agit d'une famille de champs de vecteurs au lieu d'un seul.

Dans beaucoup de modèles épidémiologiques les champs de vecteurs dépendent polynomialement des variables d'états et des paramètres. Il est donc naturel de penser à utiliser l'arsenal algorithmique développé en algèbre commutative effective, e.g. [1, 5, 20], et en algèbre réelle, e.g., [4], pour résoudre les systèmes polynomiaux.

Dans cette section nous rappelons le concept de base de Groebner, un concept central en algèbre commutative effective. On peut voir les bases de Groebner comme étant une généralisation au cas non linéaire de la méthode d'élimination habituellement utilisée pour résoudre les systèmes linéaires. Par exemple, étant donnés des polynômes $p_1, \dots, p_s \in \mathbb{Q}[X_1, \dots, X_n]$ tels que le système

$$p_1(X) = \dots = p_s(X) = 0$$

a un nombre fini de solutions dans \mathbb{C} , le calcul d'une base de Groebner fournit un système équivalent qui contient une équation en la variable X_1 toute seule, des équations en X_1, X_2 et ainsi de suite. Ceci nous permet donc de réduire le problème à résoudre en cascade des systèmes polynomiaux à une seule variable.

2.2.1 Notation

Dans toute la suite de cette section nous désignons par \mathbb{K} un corps commutatif quelconque. L'algèbre des polynômes en les indéterminées X_1, \dots, X_n à coefficients dans \mathbb{K} est notée $\mathbb{A}_n = \mathbb{K}[X_1, \dots, X_n]$. Un *monôme* de \mathbb{A}_n est de la forme $m = X_1^{\alpha_1} \dots X_n^{\alpha_n}$. Tout polynôme p de \mathbb{A}_n s'écrit de manière unique comme combinaison linéaire finie, à coefficients dans \mathbb{K} , de monômes. On a donc

$$p = \sum p_\alpha X^\alpha = \sum_{j=1}^s c_j m_j,$$

où $\alpha = (\alpha_1, \dots, \alpha_n)$ et $X^\alpha = X_1^{\alpha_1} \dots X_n^{\alpha_n}$. Le scalaire p_α (resp. c_j) est appelé le coefficient du monôme X^α (resp. m_j). Le degré du monôme X^α est $|\alpha| = \alpha_1 + \dots + \alpha_n$. Les termes non nuls de l'une ou l'autre des représentations de p comme somme sont appelés les termes de p .

En fait, l'ensemble des monômes de \mathbb{A}_n muni de la multiplication est un monoïde commutatif isomorphe à $(\mathbb{N}^n, +)$. Il est librement engendré par X_1, \dots, X_n , et on le note \mathbb{M}_n .

Définition 2.2.1. *Un ordre monomial sur \mathbb{M}_n est un ordre total \preceq qui vérifie les propriétés suivantes.*

- i) *Si $m_1, m_2, m' \in \mathbb{M}_n$ et $m_1 \prec m_2$ alors $m'm_1 \prec m'm_2$.*
- ii) *\preceq est un bon ordre, c'est-à-dire que tout ensemble non vide de monômes a un plus petit élément.*

Soit \preceq un ordre monomial sur \mathbb{M}_n . Alors, toute suite de \mathbb{M}_n strictement décroissante pour \preceq termine. En particulier, on a la relation $1 \prec X_i$ pour tout i car sinon on aurait $X_i \prec 1$ pour un certain i , et par récurrence $X_i^{k+1} \prec X_i^k$ pour tout $k \geq 0$, ce qui formerait une suite infinie strictement décroissante. En conséquence, 1 est le plus petit élément de \mathbb{M}_n pour tout ordre monomial.

Exemple 2.2.1. *Voici trois exemples classiques d'ordre monomial et un exemple d'un ordre qui ne l'est pas.*

1. *Ordre lexicographique, ou ordre du dictionnaire. Il est donné par $X^\alpha \prec_{lex} X^\beta$ si et seulement si $\alpha_k < \beta_k$ pour $k = \min\{i \mid \alpha_i \neq \beta_i\}$, ou autrement dit, si la première valeur non nulle de la suite $\alpha_1 - \beta_1, \alpha_2 - \beta_2 \dots$ est strictement négative.*
2. *Ordre lexicographique gradué (ordre du degré total raffiné par \prec_{lex}). Il est donné par $X^\alpha \prec_{grlex} X^\beta$ si et seulement si $|\alpha| < |\beta|$ ou ($|\alpha| = |\beta|$ et $X^\alpha \prec_{lex} X^\beta$).*
3. *Ordre lexicographique renversé (n'est pas un ordre monomial). Il est donné par $X^\alpha \prec_{revlex} X^\beta$ si et seulement si $\alpha_k > \beta_k$ pour $k = \max\{i \mid \alpha_i \neq \beta_i\}$, ou autrement dit, si la dernière valeur non nulle de la suite $\alpha_1 - \beta_1, \alpha_2 - \beta_2 \dots$ est strictement positive.*
4. *Ordre lexicographique renversé gradué (ordre du degré total raffiné par \prec_{revlex}). Il est donné par $X^\alpha \prec_{grrevlex} X^\beta$ si et seulement si $|\alpha| < |\beta|$ ou ($|\alpha| = |\beta|$ et $X^\alpha \prec_{revlex} X^\beta$).*

Lorsqu'on choisit un ordre monomial \preceq sur \mathbb{M}_n il devient possible, comme pour les polynômes à une variable, de définir le monôme dominant et le coefficient dominant de tout polynôme de \mathbb{A}_n . Plus précisément, étant donné un polynôme $p = \sum p_\alpha X^\alpha$ de \mathbb{A}_n le *monôme de tête* ou *monôme dominant* de p , noté $mt(p)$, est le plus grand des X^α par rapport à \preceq tels que $p_\alpha \neq 0$. Le coefficient de p attaché au monôme $mt(p)$ est appelé le *coefficient de tête* ou *coefficient dominant* de p . Il est noté $ct(p)$. Le *terme de tête* ou *terme dominant* de p , noté $tt(p)$, est tout simplement $ct(p)mt(p)$. La compatibilité de \preceq avec le produit montre directement que $mt(pq) = mt(p)mt(q)$. Il en résulte que $ct(pq) = ct(p)ct(q)$ et $tt(pq) = tt(p)tt(q)$.

2.2.2 Réduction et division

La division euclidienne d'un polynôme f en une seule indéterminée X par un polynôme g non nul en la même indéterminée exprime f sous la forme

$qg + r$ pour des polynômes q et r tels que le degré de r soit strictement inférieur à celui de g . Le reste r est l'unique représentant de la classe de f modulo l'idéal gA_1 ayant cette propriété de degré. Dans le cas d'un anneau de polynômes en plusieurs indéterminées, dans lequel les idéaux ne sont plus nécessairement principaux, il est donc naturel d'autoriser une division par toute une famille de diviseurs g_1, \dots, g_s . L'objectif étant d'exprimer f sous la forme $q_1g_1 + \dots + q_s g_s + r$, où r a une certaine propriété d'unicité analogue à celle qu'on a dans le cas d'une indéterminée.

On fixe un ordre monomial \preceq sur M_n . Un polynôme f non nul de \mathbb{A}_n est dit réductible par un polynôme g non nul de \mathbb{A}_n si $mt(g)$ divise $mt(f)$. Un polynôme f non nul de \mathbb{A}_n est dit réductible par une famille $\{g_i\}_{i \in \{1, \dots, s\}}$ de polynômes non nuls de \mathbb{A}_n si f est réductible par l'un des g_i . Dans le cas d'une seule indéterminée, f est réductible par g si et seulement si $\deg(f) \geq \deg(g)$. En plusieurs indéterminées, remarquons que la notion de divisibilité d'un monôme m par un monôme m' n'est pas équivalente à la relation d'ordre $m' \preceq m$.

Lorsqu'un polynôme f de \mathbb{A}_n est réductible par un polynôme non nul g de \mathbb{A}_n , la *réduction* de f par g consiste en le polynôme $f_1 = f - tg$ où $t = tt(g)^{-1}tt(f)$. Réduire un polynôme f non nul de \mathbb{A}_n par une famille $\{g_i\}_{i \in \{1, \dots, s\}}$ de polynômes non nuls de \mathbb{A}_n c'est réduire f par un des g_i convenable. Notons dès à présent que rien n'impose le choix de i dans les cas d'ambiguïté où plusieurs g_i permettent la réduction. De même, *Diviser* un polynôme f non nul de \mathbb{A}_n par un polynôme g non nul de \mathbb{A}_n , respectivement par une famille $\{g_i\}_{i \in \{1, \dots, s\}}$ de polynômes non nuls de \mathbb{A}_n , c'est le réduire autant de fois que nécessaire jusqu'à aboutir à un polynôme irréductible par g , respectivement par la famille $\{g_i\}_{i \in \{1, \dots, s\}}$. Comme on l'a fait observer, divisibilité et ordre ne sont pas des notions équivalentes. Il se peut même qu'un polynôme f ne soit pas réductible par un polynôme g mais qu'un terme de f , autre que le terme de tête, soit lui réductible par g . L'algorithme suivant propose une division qui renvoie un reste dont tous les termes sont irréductibles.

Algorithm 1 Division en plusieurs indéterminées.

Entrée: Un polynôme f et des polynômes non nuls g_1, \dots, g_s .

Sortie: Des polynômes r, q_1, \dots, q_s tels que $f = q_1g_1 + \dots + q_sg_s + r$ et aucun monôme de r ne soit réductible par $\{g_i\}_{i \in \{1, \dots, s\}}$.

```
1:  $r \leftarrow 0$ ; pour  $i$  de 1 à  $s$ , faire  $q_i \leftarrow 0$ .
2: while  $f \neq 0$  do
3:   if  $mt(g_i)$  divise  $mt(f)$  pour un certain  $i$ , choisir un tel  $i$  then
4:      $q_i \leftarrow q_i + tt(g_i)^{-1}tt(f)$  et  $f \leftarrow f - tt(g_i)^{-1}tt(f)g_i$ .
5:   else
6:      $r \leftarrow r + tt(f)$  et  $f \leftarrow f - tt(f)$ .
7:   end if
8: end while
9: return  $r, q_1, \dots, q_s$ .
```

2.2.3 Définition des bases de Groebner

Considérons une famille finie g_1, \dots, g_s dans \mathbb{A}_n et notons \mathcal{I} l'idéal qu'elle engendre. Étant donné $f \in \mathcal{I}$, la division de f par g_1, \dots, g_s suivant l'algorithme 1 produit en général un reste r non nul. En plus, vu que le choix du diviseur à chaque réduction n'est pas unique le reste r peut changer en fonction des choix des diviseurs. Il est donc naturel de chercher un système générateur de \mathcal{I} qui réduit à 0 tout polynôme $f \in \mathcal{I}$, et ce indépendamment du choix du diviseur à chaque étape de la division. Un système générateur de \mathcal{I} ayant cette propriété est appelé une *base de Groebner* de \mathcal{I} .

Définition 2.2.2. Soient M un monoïde commutatif et S une partie de M . On dit que S est une partie stable de M si pour tout $m \in M$ et tout $s \in S$ on a $ms \in S$.

De façon analogue aux idéaux donnés par des générateurs, étant donnée une famille $\{s_i\}_{i \in I}$ d'éléments de M , l'ensemble

$$S = \{ms_i \in M \mid m \in M, i \in I\} = \bigcup_{i \in I} Ms_i$$

est une partie stable du monoïde M , appelée la partie stable de M engendrée les s_i .

Exemple 2.2.2. Dans le cas du monoïde \mathbb{M}_2 , engendré par X, Y , on obtient une représentation en escalier des parties stables de la façon suivante. Chaque monôme $m = X^a Y^b$ est représenté par le point de \mathbb{N}^2 de coordonnées entières (a, b) . Pour un monôme fixé $s = X^{a_0} Y^{b_0}$, la partie stable $s\mathbb{M}_2$ engendrée par s est ainsi représentée par les points entiers (a, b) tels que $a \geq a_0$ et $b \geq b_0$,

c'est-à-dire par un quadrant issu de (a_0, b_0) . Une partie stable générale étant une union de parties stables de la forme $s\mathbb{M}$, elle est représentée par une union de quadrants de \mathbb{N}^2 , dont les coins sont disposés le long d'une forme en escalier.

Considérons maintenant un idéal \mathcal{I} de \mathbb{A}_n . Il est alors clair que $mt(\mathcal{I}) = \{mt(p) \mid p \in \mathcal{I} \setminus \{0\}\}$ est une partie stable de \mathbb{M}_n . D'autre part, étant donné un système générateur g_1, \dots, g_s de \mathcal{I} la partie stable engendrée par les monômes de tête des g_i est contenue dans $mt(\mathcal{I})$. Mais l'égalité n'est pas vérifiée pour tout système générateur. Elle est en fait une propriété caractéristique des bases de Groebner.

Théorème 2.2.1 (Théorème et Définition). *Soit \mathcal{I} un idéal de \mathbb{A}_n et \preceq un ordre monomial sur \mathbb{M}_n . Un sous-ensemble fini G de $\mathcal{I} \setminus \{0\}$ est une base de Groebner de \mathcal{I} pour l'ordre \preceq si l'une des propriétés équivalentes suivantes est vérifiée.*

1. *La partie stable de \mathbb{M}_n engendrée par $mt(G)$ est égale à $mt(\mathcal{I})$.*
2. *Les ensembles $mt(G)$ et $mt(\mathcal{I})$ engendrent le même idéal.*
3. *Tout polynôme f non nul de \mathcal{I} est réductible par G .*
4. *Pour tout $f \in \mathbb{A}_n$, il existe un unique r dans \mathbb{A}_n dont aucun monôme ne soit divisible par un monôme de $mt(G)$ et tel que $f - r$ soit dans l'idéal \mathcal{I} .*
5. *Pour tout $f \in \mathcal{I}$, le reste de la division de f par G est nul.*

Démonstration. "1. \Rightarrow 2.". Il suffit de montrer que tout élément de $mt(\mathcal{I})$ est dans l'idéal engendré par $mt(G)$. Mais d'après 1. tout monôme $m \in mt(\mathcal{I})$ est de la forme $m = m_1 m_2$, où $m_1 \in \mathbb{M}_n$ et $m_2 \in mt(G)$.

"2. \Rightarrow 3.". Soit $f \in \mathcal{I}$ et posons $m = mt(f)$. D'après 2. on peut écrire m sous la forme $m = \sum_i h_i mt(g_i)$, où les g_i sont dans G . Le fait que m et les $mt(g_i)$ sont des monômes implique qu'on peut supposer que les h_i sont aussi des monômes. Il en résulte alors que l'un des $mt(g_i)$ divise m .

"3. \Rightarrow 4.". Soit $f \in \mathcal{I}$, et notons que par l'algorithme 1 on peut écrire $f = g + r$, où $g \in \mathcal{I}$ et tous les monômes de r sont irréductibles par G . Si $f = g_1 + r_1$ est une autre écriture ayant les mêmes propriétés que l'écriture $f = g + r$ alors $r - r_1 \in \mathcal{I}$ et tous ses monômes sont irréductibles par G . Tenant compte de la propriété 3. il nous reste $r = r_1$ comme seule possibilité.

"4. \Rightarrow 5.". Si $f \in \mathcal{I}$ l'algorithme 1 de division nous fournit $f = g + r$. D'autre part, on peut écrire $f = f + 0$ et donc l'unicité de cette écriture nous donne $r = 0$.

"5. \Rightarrow 1.". Soit $f \in \mathcal{I}$ non nul et posons $m = mt(f)$. Si l'algorithme 1 produit 0 comme reste alors f est en particulier réductible par G . Il existe donc $g \in G$ tel que $mt(g)$ divise m . \square

Il nous faut à présent montrer que tout idéal de \mathbb{A}_n possède une base de Groebner, et ce pour tout ordre monomial sur \mathbb{M}_n . La contrainte limitante est la finitude imposée par la définition. Sans elle il suffirait de prendre $\mathcal{I} \setminus \{0\}$ comme système de générateurs de \mathcal{I} . L'existence des bases de Groebner repose en fait sur l'existence d'un système générateur fini pour toute partie stable de \mathbb{M}_n .

Théorème 2.2.2 (Théorème de la base de Hilbert). *L'anneau des polynômes \mathbb{A}_n est nœtherien. En particulier, de tout système générateur d'un idéal on peut extraire un système générateur fini.*

Comme conséquence directe du théorème de la base de Hilbert, on a l'existence des bases de Groebner.

Corollaire 2.2.1. *Pour tout ordre monomial \preceq sur \mathbb{M}_n , tout idéal non nul \mathcal{I} de \mathbb{A}_n admet une base de Groebner.*

2.2.4 Algorithme de Buchberger

Définition 2.2.3 (S-polynômes). *Soient \preceq un ordre monomial sur \mathbb{M}_n et p_1, p_2 deux polynômes non nuls de \mathbb{A}_n . Posons $m_1 = mt(p_1)$, $m_2 = mt(p_2)$ et $m = ppcm(m_1, m_2) = n_1 m_1 = n_2 m_2$. On appelle S-polynôme de p_1 et p_2 toute combinaison linéaire de la forme $l_1 p_1 + l_2 p_2$, où l_1 et l_2 sont des polynômes tels que $mt(l_i) = n_i$ et $tt(l_1)tt(p_1) + tt(l_2)tt(p_2) = 0$.*

En pratique, on se restreint à des termes et on pose

$$Spoly(p_1, p_2) = l_1 p_1 + l_2 p_2 \quad \text{pour} \quad l_1 = ct(p_2)n_1, l_2 = -ct(p_1)n_2.$$

Comme les S-polynômes sont des éléments de l'idéal considéré, ils se réduisent nécessairement à zéro par toute base de Groebner de l'idéal. À l'inverse, étant donné un système générateur $P = p_1, \dots, p_s$ d'un idéal dont les S-polynômes des générateurs pris deux à deux ne se réduisent pas tous à zéro par P , alors après adjonction à P des restes non nuls des divisions correspondantes on aboutit à un nouveau système générateur du même idéal qui par construction réduit à zéro les S-polynômes initiaux. L'algorithme de Buchberger montre qu'on aboutit à une base de Groebner en répétant cette opération un nombre fini de fois. Le théorème suivant donne une caractérisation des bases de Groebner par les S-polynômes.

Théorème 2.2.3. *Soit $P = p_1, \dots, p_s$ un système générateur d'un idéal \mathcal{I} de \mathbb{A}_n . Alors P est une base de Groebner de \mathcal{I} si et seulement si tous les S-polynômes de P se réduisent à zéro par P .*

Démonstration. Voir [20] page 85. □

Algorithm 2 Algorithme de Buchberger.

Entrée: Un ensemble fini P de polynômes p_i et un ordre monomial \preceq .

Sortie: Une base de Groebner réduite G pour l'idéal engendré par P .

```
1: Initialiser  $G$  à  $P$  et  $S$  à l'ensemble des paires d'éléments de  $G$ .
2: while  $S \neq \emptyset$  do
3:   Choisir une paire  $p = \{g_1, g_2\}$  et la retirer de  $S$ .
4:   Calculer  $Spoly(g_1, g_2)$  et le réduire par  $G$  pour obtenir un reste  $r$ .
5:   if  $r \neq 0$  then
6:     Adjoindre à  $S$  toutes les paires  $\{g, r\}$  pour  $g \in G$ .
7:     Retirer de  $G$  les polynômes dont le monôme de tête est divisible par
       celui de  $r$  et y adjoindre  $r$ .
8:   end if
9: end while
10: return  $G$ .
```

Notons qu'à chaque étape de la boucle l'idéal engendré par G est le même. D'autre part, si l'algorithme termine cela veut dire qu'on a obtenu un système générateur G qui réduit à zéro tous ses S-polynômes. Par le théorème 2.2.3 G est une base de Groebner de l'idéal qu'elle engendre. Pour montrer la terminaison de l'algorithme il suffit de constater que la partie stable $mt(G)$, et donc l'idéal de \mathbb{A}_n qu'elle engendre, croit strictement au fur et à mesure de l'exécution de la boucle. La terminaison est donc assurée par le théorème de la base de Hilbert.

2.2.5 Systèmes polynomiaux avec un nombre fini de solutions

Considérons un système polynomial

$$p_1(X_1, \dots, X_n) = \dots = p_s(X_1, \dots, X_n) = 0, \quad (2.2.1)$$

où les p_i sont dans $\mathbb{A}_n = \mathbb{K}[X_1, \dots, X_n]$. Une question fondamentale est de savoir si un tel système a un nombre fini de solutions dont les coordonnées sont dans la clôture algébrique $\overline{\mathbb{K}}$ du corps \mathbb{K} . Notons d'abord que l'ensemble des solutions ne change pas si on ajoute à ce système toutes les équations données par des polynômes dans l'idéal \mathcal{I} engendré p_1, \dots, p_s . On peut donc parler des solutions, appelés aussi les zéros, d'un idéal. Pour un idéal \mathcal{I} de \mathbb{A}_n l'ensemble $\mathcal{Z}(\mathcal{I})$ des zéros de \mathcal{I} dans $\overline{\mathbb{K}}^n$ est appelé *l'ensemble algébrique* défini par \mathcal{I} .

Considérons maintenant un ordre monomial \preceq sur \mathbb{M}_n et un idéal \mathcal{I} de \mathbb{A}_n . Si on pose $\Delta(\mathcal{I}) = \mathbb{M}_n \setminus mt(\mathcal{I})$, alors les éléments de $\Delta(\mathcal{I})$ sont tout simplement les monômes qu'on ne peut pas réduire par une base de Groebner

de \mathcal{I} pour l'ordre \preceq . Il en résulte donc que tout élément $f \in \mathbb{A}_n$ irréductible par une base de Groebner de \mathcal{I} est combinaison linéaire à coefficients dans \mathbb{K} des monômes dans $\Delta(\mathcal{I})$. D'autre part, le théorème 2.2.1 nous dit que tout polynôme $f \in \mathbb{A}_n$ est congru modulo \mathcal{I} à un polynôme dont tous les monômes sont irréductibles. Ceci signifie donc que $\Delta(\mathcal{I})$ est une base du \mathbb{K} -espace vectoriel \mathbb{A}_n/\mathcal{I} .

Théorème 2.2.4 (Nullstellensatz de Hilbert). *Soient \mathcal{I} un idéal de \mathbb{A}_n et $p \in \mathbb{A}_n$ un polynôme qui s'annule sur $\mathcal{Z}(\mathcal{I})$. Alors il existe un entier positif m tel que $p^m \in \mathcal{I}$.*

Nous pouvons maintenant montrer comment on peut décider à l'aide d'une base de Groebner de la finitude du nombre de zéros d'un idéal de \mathbb{A}_n .

Corollaire 2.2.2. *Soient \mathcal{I} un idéal de \mathbb{A}_n et G une base de Groebner de \mathcal{I} pour un ordre monomial \preceq sur \mathbb{M}_n . Alors $\mathcal{Z}(\mathcal{I})$ est fini si et seulement si pour tout $i = 1, \dots, n$ il existe $d_i \geq 0$ tel que G contient un polynôme de monôme dominant $X_i^{d_i}$.*

Démonstration. Supposons que $\mathcal{Z}(\mathcal{I})$ est fini et soit $i = 1, \dots, n$. Il existe alors un polynôme non nul $P_i(X_i)$ qui s'annule sur $\mathcal{Z}(\mathcal{I})$. Par le théorème 2.2.4 une puissance $P_i^{m_i}$ est dans l'idéal \mathcal{I} . Il est clair que $mt(P_i^{m_i}) = X_i^{n_i}$, où $n_i \geq 0$. Le fait que G est une base de Groebner de \mathcal{I} entraîne alors l'existence d'un $g \in G$ tel que $mt(g)$ divise $mt(P_i^{m_i})$. Il en résulte donc que $mt(g) = X_i^{d_i}$, où $d_i \geq 0$.

Réciproquement, si pour tout $i = 1, \dots, n$ il existe $g_i \in G$ tel que $mt(g_i) = X_i^{d_i}$ avec $d_i \geq 0$ alors les monômes irréductibles par G sont dans $\{X^{\alpha_i} \mid \alpha_i < d_i\}$. Comme cet ensemble est fini il en est de même pour $\Delta(\mathcal{I})$, ce qui prouve que \mathbb{A}_n/\mathcal{I} est de dimension finie. Pour tout $i = 1, \dots, n$ posons $\mathcal{I}_i = \mathcal{I} \cap \mathbb{K}[X_i]$. le fait que $\mathbb{K}[X_i]/\mathcal{I}_i$ s'identifie à un sous-espace vectoriel de \mathbb{A}_n/\mathcal{I} entraîne alors que $\mathbb{K}[X_i]/\mathcal{I}_i$ est de dimension finie. Donc \mathcal{I}_i contient un polynôme non nul $P_i(X_i)$. Il est clair que $\mathcal{Z}(\mathcal{I})$ est contenu dans l'ensemble des zéros du système

$$P_1(X_1) = \dots = P_n(X_n) = 0,$$

et que ce système a un nombre fini de solutions. Il en résulte donc que $\mathcal{Z}(\mathcal{I})$ est fini. \square

En fait, lorsque le corps \mathbb{K} est infini et $\mathcal{Z}(\mathcal{I})$ est fini, il arrive très souvent que la base de Groebner de \mathcal{I} pour l'ordre lexicographique $X_1 \prec X_2 \prec \dots \prec X_n$ soit de la forme $g_1(X_1), X_2 - h_2(X_1), \dots, X_n - h_n(X_1)$, avec $\deg(h_i) < \deg(g_1)$. Ceci tient au fait qu'en choisissant au hasard un nombre fini de points dans \mathbb{K}^n , avec \mathbb{K} infini, on est presque sûr que les X_1 -coordonnées de ces points sont deux à deux distinctes.

2.3 Domaine de stabilité

En théorie du contrôle on a souvent affaire à des systèmes d'équations différentielles linéaires dont les coefficients dépendent de paramètres. Étant donné un tel système

$$Y'(t) = AY(t) \quad (2.3.1)$$

avec $A = (a_{ij}(\lambda))_{1 \leq i, j \leq n}$, $Y \in \mathbb{R}^n$ et $\lambda \in \mathbb{R}^k$, il est important de déterminer pour quelles valeurs des paramètres toutes les racines complexes du polynôme caractéristique de A

$$P = \det(XI_n - A) \quad (2.3.2)$$

sont à partie réelle strictement négative. En effet, si x_1, \dots, x_r sont les racines complexes de P avec les multiplicités respectives μ_1, \dots, μ_r , les fonctions

$$e^{x_1 t}, e^{x_2 t}, \dots, e^{x_r t}, \dots, t^{\mu_1 - 1} e^{x_1 t}, \dots, t^{\mu_r - 1} e^{x_r t}$$

forment une base des composantes des solutions du système (2.3.1), et quand tous les x_i ont leur partie réelle strictement négative, toutes les solutions du système (2.3.1) tendent vers 0 lorsque t tend vers $+\infty$, et ce pour toute valeur initiale possible. C'est la raison pour laquelle l'ensemble des polynômes de degré n dont toutes les racines complexes ont une partie réelle strictement négative est appelé *domaine de stabilité de degré n* . Si le polynôme caractéristique d'une matrice réelle A d'ordre n appartient au domaine de stabilité de degré n alors A est dite *stable*.

Dans cette section nous exposons les critères de Liénard-Chipart et de Routh-Hurwitz qui donnent des conditions, semi-algébriques sur les coefficients d'un polynôme P , équivalentes au fait que P appartienne au domaine de stabilité. L'ouvrage [4] est notre référence de base.

2.3.1 Sous-résultants

Soit \mathbb{D} un anneau commutatif unitaire. Considérons $P, Q \in \mathbb{D}[X]$ deux polynômes non nuls de degrés respectifs $p > q$, et écrivons

$$P = a_p X^p + a_{p-1} X^{p-1} + \dots + a_0,$$

$$Q = b_q X^q + b_{q-1} X^{q-1} + \dots + b_0.$$

Définition 2.3.1. *Étant donné $0 \leq j \leq q$, la $j^{\text{ème}}$ matrice de Sylvester-Habicht de P et Q , notée $SyHa_j(P, Q)$, est la matrice $(p + q - 2j) \times (p + q - j)$ ayant pour lignes $X^{q-j-1}P, \dots, P, Q, \dots, X^{p-j-1}Q$ écrits dans la base $X^{p+q-j-1}, \dots, X, 1$.*

On a donc

$$SyHa_j(P, Q) = \begin{bmatrix} a_p & \dots & \dots & \dots & \dots & a_0 & 0 & 0 \\ 0 & \ddots & & & & & \ddots & 0 \\ \vdots & \ddots & a_p & \dots & \dots & \dots & \dots & a_0 \\ \vdots & & 0 & b_q & \dots & \dots & \dots & b_0 \\ \vdots & \ddots & \ddots & & & & \ddots & 0 \\ 0 & \ddots & & & & \ddots & \ddots & \vdots \\ b_q & \dots & \dots & \dots & b_0 & 0 & \dots & 0 \end{bmatrix}.$$

Définition 2.3.2. Le $j^{\text{ème}}$ coefficient sous-résultant de P et Q est défini comme étant le déterminant de la matrice carrée $SyHa_{j,j}(P, Q)$ obtenue en prenant les $p + q - 2j$ premières colonnes de $SyHa_j(P, Q)$. Il est noté par $sRes_j(P, Q)$.

Dans la suite, nous noterons par $sRes(P, Q)$ la suite des coefficients sous-résultants $sRes_j(P, Q)$, $j = q, \dots, 0$.

2.3.2 Indice de Cauchy

Soient P et Q deux polynômes à coefficients réels, et x une racine réelle de P . La fonction Q/P saute de $-\infty$ à $+\infty$ en x si la multiplicité μ de x comme racine de P est supérieure à la multiplicité ν de x comme racine de Q , $\mu - \nu$ est impair et le signe de Q/P à droite de x est strictement positif. De manière similaire, la fonction Q/P saute de $+\infty$ à $-\infty$ en x si la multiplicité μ de x comme racine de P est supérieure à la multiplicité ν de x comme racine de Q , $\mu - \nu$ est impair et le signe de Q/P à droite de x est strictement négatif.

Définition 2.3.3. Étant donnés $a < b$ dans $\mathbb{R} \cup \{-\infty, +\infty\}$ et P et Q dans $\mathbb{R}[X]$, l'indice de Cauchy de Q/P sur (a, b) , noté $Ind(Q/P; a, b)$, est la différence entre le nombre de sauts de la fonction Q/P de $-\infty$ à $+\infty$ et le nombre de sauts de la fonction Q/P de $+\infty$ à $-\infty$ sur l'intervalle ouvert (a, b) . L'indice de Cauchy de Q/P sur \mathbb{R} est appelé simplement l'indice de Cauchy et il est noté $Ind(Q/P)$ au lieu de $Ind(Q/P; -\infty, +\infty)$.

Soit $S = s_p, \dots, s_0$ une liste finie d'éléments dans \mathbb{R} telle que $s_p \neq 0$. Soit $q < p$ tel que $s_{q+1} = \dots = s_{p-1} = 0$ et $s_q \neq 0$, et posons $S' = s_q, \dots, s_0$ (s'il n'existe pas de tel q , S' est la liste vide). Nous définissons inductivement

$$PmV(S) = \begin{cases} 0 & \text{si } S' = \emptyset \\ PmV(S') + \varepsilon_{p-q} \text{sign}(s_p s_q) & \text{si } p - q \text{ est impair} \\ PmV(S') & \text{si } p - q \text{ est pair} \end{cases}$$

où $\varepsilon_{p-q} = (-1)^{(p-q)(p-q-1)/2}$.

Lorsque tous les éléments de S sont non nuls $PmV(S)$ est tout simplement la différence entre le nombre de permanences de signe et le nombre de variations de signe dans la liste s_p, \dots, s_0 .

Nous avons le résultat suivant qui permet de calculer l'indice de Cauchy à l'aide des sous-résultants, voir [4, théorème 4.31].

Théorème 2.3.1.

$$PmV(sRes(P, Q)) = Ind(Q/P).$$

2.3.3 Indice de Cauchy et domaine de stabilité

Soit $P(X) = a_p X^p + a_{p-1} X^{p-1} + \dots + a_0$ un polynôme de degré p de $\mathbb{R}[X]$, et considérons les polynômes $F(X)$ et $G(X)$ définis par $P(X) = F(X^2) + XG(X^2)$. Lorsque p est pair, disons $p = 2m$, on a

$$\begin{aligned} F(X) &= a_{2m} X^m + a_{2m-2} X^{m-1} + \dots, \\ G(X) &= a_{2m-1} X^{m-1} + a_{2m-3} X^{m-2} + \dots. \end{aligned}$$

Lorsque p est impair, disons $p = 2m + 1$, on a

$$\begin{aligned} F(X) &= a_{2m} X^m + a_{2m-2} X^{m-1} + \dots \\ G(X) &= a_{2m+1} X^m + a_{2m-1} X^{m-1} + \dots. \end{aligned}$$

Nous avons alors le résultat suivant, voir [4, théorème 9.29].

Théorème 2.3.2. *Soit $n(P)$ la différence entre le nombre de racines de P avec partie réelle strictement positive et le nombre de racines de P avec partie réelle strictement négative. Alors on a*

$$n(P) = \begin{cases} -Ind(G/F) + Ind(XG/F) & \text{si } p \text{ est pair} \\ -Ind(F/XG) + Ind(F/G) & \text{si } p \text{ est impair} \end{cases}$$

Comme conséquence des théorèmes 2.3.1 et 2.3.2 nous avons la formulation suivante du critère de Liénard-Chipart [45], voir [4, théorème 9.30].

Théorème 2.3.3 (Liénard-Chipart). *Un polynôme $P(X)$ de degré p et de coefficient dominant positif est stable si et seulement si tous ses coefficients sont strictement positifs et*

$$\begin{cases} sRes_m(F, G) > 0, \dots, sRes_0(F, G) > 0 & \text{si } p = 2m \text{ est pair} \\ sRes_{m+1}(XG, F) > 0, \dots, sRes_0(XG, F) > 0 & \text{si } p = 2m + 1 \text{ est impair} \end{cases}$$

Démonstration. Si P est stable alors il est le produit de $a_p > 0$ et de polynômes de la forme $X + u$ et $x^2 + vX + w$, avec $u, v, w > 0$. Il s'ensuit donc que tous ses coefficients sont strictement positifs. En particulier, aucun des polynômes F et G n'a de racine positive et $F(0)G(0) = a_0a_1 > 0$.

Si $p = 2m$ est pair on a par le théorème 2.3.2 $n(P) = -\text{Ind}(G/F) + \text{Ind}(XG/F)$, et tenant compte du fait que $\text{Ind}(G/F) = -\text{Ind}(XG/F)$ on obtient $n(P) = -2\text{Ind}(G/F)$. D'autre part, le fait que toutes la racines de P soient de partie réelle strictement négative nous donne $n(P) = -p = -2m$, et donc $\text{Ind}(G/F) = m$. Par le théorème 2.3.1 on a $\text{Ind}(G/F) = \text{PmV}(s\text{Res}(F, G)) = m$, ce qui signifie que $s\text{Res}_i(F, G) > 0$ pour tout i . Le cas impair se traite de la même manière tenant compte du fait que $\text{Ind}(F/XG) = -\text{Ind}(F/G) + 1$.

Réciproquement, pour le cas pair $p = 2m$, si $s\text{Res}_i(F, G) > 0$ pour tout i alors par le théorème 2.3.1 on a $\text{PmV}(s\text{Res}(F, G)) = m$ et donc $\text{Ind}(G/F) = m$ et $n(P) = -2m$ par le théorème 2.3.2. Ceci entraîne donc que toutes les racines de P sont de partie réelle strictement négative. Le cas impair se traite de la même manière. \square

Par exemple, un polynôme de degré 2 est stable si et seulement si ses coefficients sont tous de même signe. De même, une application directe du théorème 2.3.3 montre qu'un polynôme de degré 3 de coefficient dominant strictement positif est stable si et seulement si ses coefficients sont strictement positifs et $a_1a_2 - a_0a_3 > 0$.

2.3.4 Critère de Routh-Hurwitz

Considérons $P(X) = a_pX^p + a_{p-1}X^{p-1} + \dots + a_0$. La matrice carrée d'ordre p

$$H = \begin{bmatrix} a_{p-1} & a_{p-3} & a_{p-5} & \dots & \dots \\ a_p & a_{p-2} & a_{p-4} & \dots & \dots \\ 0 & a_{p-1} & a_{p-3} & a_{p-5} & \dots \\ 0 & a_p & a_{p-2} & a_{p-4} & \dots \\ & & & & \ddots \end{bmatrix}$$

est appelée *la matrice de Hurwitz* du polynôme $P(X)$. Le $i^{\text{ème}}$ mineur principal de la matrice H est appelé le $i^{\text{ème}}$ *déterminant de Hurwitz* de H et il est noté Δ_i .

Le critère de Routh-Hurwitz se formule de la manière suivante, voir [38, 26].

Théorème 2.3.4 (Routh-Hurwitz). *Soit P un polynôme de degré p et de coefficient dominant positif, et soit H sa matrice de Hurwitz. Alors P est stable si et seulement si*

$$\Delta_1 > 0, \dots, \Delta_p > 0.$$

Dans le cas d'un polynôme de degré 2 le critère de Routh-Hurwitz donne $a_1 > 0$, $a_1 a_0 > 0$. Dans le cas d'un polynôme de degré 3 le même critère donne $a_2 > 0$, $a_1 a_2 - a_0 a_3 > 0$, $a_0(a_1 a_2 - a_3 a_0) > 0$. Ces conditions sont équivalentes à celles fournies par le critère de Liénard-Chipart.

2.4 Matrices positives et stabilité

Dans cette section nous exposons quelques résultats classiques sur les matrices positives. Les théorèmes 2.4.4, 2.4.6 et 2.4.7 sont les résultats dont nous aurons besoin dans le chapitre 3 pour étudier la stabilité de l'équilibre sans maladie dans les modèles épidémiologiques. Les autres résultats que nous énonçons dans cette section nous servent essentiellement pour montrer ces théorèmes.

2.4.1 Notation

Dans la suite nous désignons par \mathbb{K} le corps des réels ou des complexes. Si n et m sont des entiers naturels non nuls, on désigne par $\mathcal{M}_{n,m}(\mathbb{K})$ l'espace vectoriel des matrices $n \times m$ à coefficients dans \mathbb{K} . Lorsque $n = m$, on note $\mathcal{M}_n(\mathbb{K})$ pour $\mathcal{M}_{n,n}(\mathbb{K})$. Un vecteur de \mathbb{K}^n est identifié à un élément de $\mathcal{M}_{n,1}(\mathbb{K})$. Pour $A = (a_{ij})_{1 \leq i,j \leq n}$ dans $\mathcal{M}_n(\mathbb{K})$ et $x = (x_i)_{1 \leq i \leq n}$ dans \mathbb{K}^n , on note $(Ax)_i$ la $i^{\text{ème}}$ composante du vecteur Ax . La matrice $(|a_{ij}|)_{1 \leq i,j \leq n}$ est notée par $|A|$. Étant donné $1 \leq p < q \leq n$, la sous-matrice principale $(a_{ij})_{p \leq i,j \leq q}$ de A est notée par $A_{p,q}$.

Pour toute norme $x \mapsto \|x\|$ sur \mathbb{K}^n , l'application

$$A \mapsto \|A\| = \max_{\|x\|=1} \|Ax\|$$

définit une norme sur $\mathcal{M}_n(\mathbb{K})$. Ainsi, la norme matricielle induite par $\|\cdot\|_\infty$ est définie par

$$\forall A \in \mathcal{M}_n(\mathbb{K}), \quad \|A\|_\infty = \max_{1 \leq i \leq n} \sum_{j=1}^n |a_{ij}|.$$

De même, la norme matricielle induite par $\|\cdot\|_1$ est définie par

$$\forall A \in \mathcal{M}_n(\mathbb{K}), \quad \|A\|_1 = \max_{1 \leq j \leq n} \sum_{i=1}^n |a_{ij}| = \|^t A\|_\infty.$$

Définition 2.4.1. Soit A une matrice carrée d'ordre n à coefficients complexes, le rayon spectral de A est le réel positif

$$\rho(A) = \max_{\lambda \in Sp(A)} |\lambda|$$

où $Sp(A)$ désigne l'ensemble des valeurs propres complexes de A .

Pour toute norme matricielle induite par une norme vectorielle on a

$$\rho(A) \leq \|A\|.$$

De même, pour toute norme $\|\cdot\|$ sur l'espace des matrices carrées complexes on a

$$\rho(A) = \lim_{k \rightarrow +\infty} \|A^k\|^{\frac{1}{k}}. \quad (2.4.1)$$

Enfin, rappelons que l'application $\rho : \mathcal{M}_n(\mathbb{C}) \rightarrow \mathbb{R}$ est continue.

2.4.2 Matrices positives

Définition 2.4.2. Une matrice carrée A dans $\mathcal{M}_n(\mathbb{R})$ est dite *positive* (resp. *strictement positive*), et on note $A \geq 0$ (resp. $A > 0$), si tous ses coefficients sont positifs (resp. strictement positifs).

Si A et B sont deux matrices dans $\mathcal{M}_n(\mathbb{R})$ la notation $A \geq B$ (resp. $A > B$) signifie que $A - B \geq 0$ (resp. $A - B > 0$).

Lemme 2.4.1. Si z_1, \dots, z_n sont des nombres complexes tels que

$$\left| \sum_{k=1}^n z_k \right| = \sum_{k=1}^n |z_k|, \quad (2.4.2)$$

alors il existe un réel θ tel que $z_k = |z_k|e^{i\theta}$ pour tout k .

Démonstration. Sans perte de généralité, on peut supposer qu'aucun des z_i n'est nul. Écrivons $z_k = \rho_k e^{i\theta_k}$, avec $\rho_k = |z_k| > 0$ et $\theta_k \in]-\pi, \pi]$. On a alors

$$\begin{cases} |\sum_k z_k|^2 = \sum_k |z_k|^2 + 2 \sum_{j < k} \rho_j \rho_k \cos(\theta_j - \theta_k), \\ (\sum_k |z_k|)^2 = \sum_k |z_k|^2 + 2 \sum_{j < k} \rho_j \rho_k \end{cases}$$

et l'égalité (2.4.2) équivaut à

$$\sum_{j < k} \rho_j \rho_k (1 - \cos(\theta_j - \theta_k)) = 0.$$

Tous les termes de cette somme étant positifs ou nuls avec $\rho_j \rho_k > 0$, on en déduit que $\cos(\theta_j - \theta_k) = 1$ pour $j \neq k$, avec $-2\pi < \theta_j - \theta_k \leq 2\pi$, ce qui équivaut à $\theta_j = \theta_k$. En notant θ cette valeur commune on obtient $z_k = |z_k|e^{i\theta}$ pour tout entier k compris entre 1 et n . \square

Dans la proposition suivante nous avons rassemblé quelques faits simples concernant les matrices positives. Le seul point non trivial est le fait 9. qui est une conséquence du lemme 2.4.1.

Proposition 2.4.1. Nous avons les propriétés suivantes.

1. Pour toute matrice A dans $\mathcal{M}_{n,m}(\mathbb{K})$, la matrice $|A|$ est positive et $|A| = 0$ si et seulement si $A = 0$.
2. Pour toute matrice A dans $\mathcal{M}_{n,m}(\mathbb{K})$ et tout scalaire λ , on a $|\lambda A| = |\lambda||A|$.
3. Pour toutes matrices A et B dans $\mathcal{M}_{n,m}(\mathbb{K})$, on a $|A+B| \leq |A|+|B|$.
4. Pour toutes matrices A dans $\mathcal{M}_{n,m}(\mathbb{K})$ et B dans $\mathcal{M}_{m,r}(\mathbb{K})$, on a l'inégalité $|AB| \leq |A||B|$.
5. Si $A \in \mathcal{M}_{n,m}(\mathbb{R})$ est positive et $B \in \mathcal{M}_{m,r}(\mathbb{R})$ est strictement positive, alors $AB = 0$ entraîne $A = 0$.
6. Si $A \in \mathcal{M}_{n,m}(\mathbb{R})$ est strictement positive et $x \in \mathbb{R}^m$ est positif non nul, alors Ax est strictement positif.
7. Si A, B dans $\mathcal{M}_{n,m}(\mathbb{R})$ et A', B' dans $\mathcal{M}_{m,r}(\mathbb{R})$ sont telles que $0 \leq A \leq B$ et $0 \leq A' \leq B'$, alors $0 \leq AA' \leq BB'$.
8. Si A, B dans $\mathcal{M}_n(\mathbb{R})$ sont telles que $|A| \leq B$, alors $|A^k| \leq |A|^k \leq B^k$ pour tout entier naturel k .
9. Si $A \in \mathcal{M}_{n,m}(\mathbb{R})$ est strictement positive et $B \in \mathcal{M}_{m,r}(\mathbb{C})$ sont telles que $|AB| = A|B|$, alors il existe des réels $\theta_1, \dots, \theta_r$ tels que $B = |B|D$, où D est la matrice diagonale de coefficients diagonaux $e^{i\theta_1}, \dots, e^{i\theta_r}$.
10. Si $A \in \mathcal{M}_{n,m}(\mathbb{K})$ est telle qu'il existe un vecteur x strictement positif dans \mathbb{R}^m tel que $Ax = |A|x$, alors $A = |A|$.

Théorème 2.4.1. Si A, B dans $\mathcal{M}_n(\mathbb{C})$ sont telles que $|B| \leq A$, alors

$$\rho(B) \leq \rho(|B|) \leq \rho(A).$$

Démonstration. Par la proposition 2.4.1 8. on a $|B^k| \leq |B|^k \leq A^k$ pour tout $k \geq 1$. Par conséquent,

$$\|B^k\|_\infty \leq \||B|^k\|_\infty \leq \|A^k\|_\infty,$$

et donc

$$\forall k \geq 1, \|B^k\|_\infty^{\frac{1}{k}} \leq \||B|^k\|_\infty^{\frac{1}{k}} \leq \|A^k\|_\infty^{\frac{1}{k}}$$

tenant compte de la croissance de la fonction $t \mapsto t^{\frac{1}{k}}$ sur \mathbb{R}_+ . Il suffit alors de faire tendre k vers $+\infty$ en utilisant l'égalité (2.4.1). \square

Nous donnons ci-dessous trois conséquences directes du théorème 2.4.1.

Corollaire 2.4.1. Si $A, B \in \mathcal{M}_n(\mathbb{R})$ sont telles que $0 \leq A \leq B$, alors

$$\rho(A) \leq \rho(B).$$

Corollaire 2.4.2. Si $A \in \mathcal{M}_n(\mathbb{R})$ est positive, alors pour toute sous-matrice principale $A_{p,q} = (a_{ij})_{p \leq i, j \leq q}$ de A on a $\rho(A_{p,q}) \leq \rho(A)$. En particulier,

$$\max_{1 \leq i \leq n} a_{ii} \leq \rho(A).$$

Corollaire 2.4.3. Si $A, B \in \mathcal{M}_n(\mathbb{R})$ sont telles que $0 \leq A < B$ alors

$$\rho(A) < \rho(B).$$

Démonstration. Si $\rho(A) = 0$ alors $\rho(B) \geq \max_{1 \leq i \leq n} b_{ii} > 0$ du fait que B est strictement positive. D'autre part, pour tout i, j on a $0 \leq \frac{a_{ij}}{b_{ij}} < 1$, et on peut alors trouver un réel $\lambda > 0$ tel que $\frac{a_{ij}}{b_{ij}} < \lambda < 1$, soit $\frac{1}{\lambda}a_{ij} < b_{ij}$. On a donc $0 \leq \frac{1}{\lambda}A < B$ et $\rho(\frac{1}{\lambda}A) \leq \rho(B)$. Pour $\rho(A) > 0$ cela donne

$$\rho(A) < \frac{1}{\lambda}\rho(A) = \rho\left(\frac{1}{\lambda}A\right) \leq \rho(B),$$

et donc $\rho(A) < \rho(B)$. \square

Théorème 2.4.2. Soit $A \in \mathcal{M}_n(\mathbb{R})$ une matrice positive telle que la somme des termes de chaque ligne (resp. colonne) est constante égale à α . Alors α est une valeur propre de A et on a

$$\rho(A) = \alpha = \|A\|_\infty \quad (\text{resp.} \quad \rho(A) = \alpha = \|A\|_1).$$

Démonstration. Les égalités $\sum_{j=1}^n a_{ij} = \alpha$ pour tout i reviennent à dire que ${}^t(1, \dots, 1) \in \mathbb{R}^n$ est un vecteur propre de la matrice A associé à la valeur propre α . La matrice A et le réel α étant positifs, on a alors

$$\alpha \leq \rho(A) \leq \|A\|_\infty = \max_{1 \leq i \leq n} \sum_{j=1}^n a_{ij} = \alpha,$$

soit $\alpha = \rho(A) = \|A\|_\infty$. En remplaçant A par sa transposée et en utilisant le fait qu'une matrice et sa transposée ont les mêmes valeurs propres, on obtient le deuxième résultat tenant compte du fait que $\|{}^tA\|_\infty = \|A\|_1$. \square

Corollaire 2.4.4. Pour toute matrice positive A dans $\mathcal{M}_n(\mathbb{R})$ on a

$$\min_{1 \leq i \leq n} \sum_{j=1}^n a_{ij} \leq \rho(A) \leq \max_{1 \leq i \leq n} \sum_{j=1}^n a_{ij},$$

$$\min_{1 \leq j \leq n} \sum_{i=1}^n a_{ij} \leq \rho(A) \leq \max_{1 \leq j \leq n} \sum_{i=1}^n a_{ij}.$$

Démonstration. Posons $\alpha_i = \sum_{j=1}^n a_{ij}$ et

$$\alpha = \min_{1 \leq i \leq n} \alpha_i, \quad \beta = \max_{1 \leq i \leq n} \alpha_i.$$

On montre tout d'abord qu'on peut construire une matrice $B = (b_{ij})_{1 \leq i, j \leq n}$ dans $\mathcal{M}_n(\mathbb{R})$ telle que $0 \leq B \leq A$ et $\sum_{j=1}^n b_{ij} = \alpha$ pour tout i . Le cas $\alpha = 0$ étant trivial, nous supposons dans la suite que $\alpha > 0$. Alors tous les

α_i sont strictement positifs et en posant $b_{ij} = \frac{\alpha}{\alpha_i} a_{ij}$ on a $0 \leq b_{ij} \leq a_{ij}$ pour tous i, j . Donc la matrice $B = (b_{ij})_{1 \leq i, j \leq n}$ vérifie $0 \leq A \leq B$ et pour tout i $\sum_{j=1}^n b_{ij} = \frac{\alpha}{\alpha_i} \sum_{j=1}^n a_{ij} = \alpha$. Par le théorème 2.4.2 et le corollaire 2.4.1 on a

$$\alpha = \rho(B) \leq \rho(A) \leq \|A\|_\infty = \beta.$$

Le deuxième encadrement s'obtient en remplaçant A par ${}^t A$. \square

Corollaire 2.4.5. *Si $A = (a_{ij})$ est une matrice carrée réelle positive d'ordre n telle que $\sum_{j=1}^n a_{ij} > 0$ (resp. $\sum_{i=1}^n a_{ij} > 0$) pour tout i (resp. j), alors $\rho(A) > 0$. En particulier, une matrice strictement positive a son rayon spectral strictement positif.*

Tenant compte du fait que seules les matrices nilpotentes ont un rayon spectral nul on obtient le corollaire suivant.

Corollaire 2.4.6. *Si A est une matrice dans $\mathcal{M}_n(\mathbb{R})$ telle que A^k soit strictement positive pour un entier $k \geq 1$, alors $\rho(A) > 0$.*

Le théorème suivant donne un autre encadrement pour le rayon spectral d'une matrice positive.

Théorème 2.4.3. *Pour toute matrice A positive dans $\mathcal{M}_n(\mathbb{R})$ et tout vecteur x strictement positif dans \mathbb{R}^n on a*

$$\min_{1 \leq i \leq n} \frac{(Ax)_i}{x_i} \leq \rho(A) \leq \max_{1 \leq i \leq n} \frac{(Ax)_i}{x_i}.$$

Démonstration. On pose

$$r(A, x) = \min_{1 \leq i \leq n} \frac{(Ax)_i}{x_i}, \quad s(A, x) = \max_{1 \leq i \leq n} \frac{(Ax)_i}{x_i}.$$

On considère D_x la matrice diagonale de coefficients diagonaux x_1, \dots, x_n et on utilise le corollaire 2.4.4 avec la matrice positive $D_x^{-1}AD_x$. En effet, la multiplication à droite par D_x a pour effet de multiplier chaque colonne j de la matrice A par x_j et la multiplication à gauche par D_x^{-1} a pour effet de diviser chaque ligne i de la matrice A par x_i de sorte que

$$D_x^{-1}AD_x = \left(\frac{x_j}{x_i} a_{ij} \right)_{1 \leq i, j \leq n}$$

On obtient donc

$$r(A, x) = \min_{1 \leq i \leq n} \sum_{j=1}^n \frac{x_j}{x_i} a_{ij} \leq \rho(D_x^{-1}AD_x) = \rho(A) \leq \max_{1 \leq i \leq n} \sum_{j=1}^n \frac{x_j}{x_i} a_{ij} = s(A, x).$$

\square

Corollaire 2.4.7. *Soit A une matrice positive dans $\mathcal{M}_n(\mathbb{R})$. S'il existe un vecteur x strictement positif et deux constantes réelles positives α, β telles que $\alpha x \leq Ax \leq \beta x$ (resp. $\alpha x < Ax < \beta x$), alors $\alpha \leq \rho(A) \leq \beta$ (resp. $\alpha < \rho(A) < \beta$).*

Démonstration. L'inégalité $\alpha x \leq Ax \leq \beta x$ équivaut à $\alpha x_i \leq (Ax)_i \leq \beta x_i$ pour tout i , ce qui entraîne

$$\alpha \leq \min_{1 \leq i \leq n} \frac{(Ax)_i}{x_i} \leq \rho(A) \leq \max_{1 \leq i \leq n} \frac{(Ax)_i}{x_i} \leq \beta.$$

On procède de la même manière pour les inégalités strictes. \square

2.4.3 Théorème de Perron-Frobenius pour les matrices strictement positives

Nous montrons dans cette sous-section le théorème de Perron-Frobenius pour les matrices strictement positives.

Lemme 2.4.2. *Soient A une matrice carrée réelle d'ordre n strictement positive et x est un vecteur propre de A associé à une valeur propre λ telle que $|\lambda| = \rho(A)$. Alors $\rho(A)$ est une valeur propre de A avec $|x|$ comme vecteur propre associé. En plus, $|x|$ est strictement positif et il existe un réel θ tel que $x = e^{i\theta}|x|$.*

Démonstration. On a $\rho(A) > 0$ du fait que $A > 0$. D'autre part, du fait que $Ax = \lambda x$ et $|\lambda| = \rho(A)$ on déduit que

$$\rho(A)|x| = |\lambda x| = |Ax| \leq |A||x| = A|x|, \quad (2.4.3)$$

ce qui entraîne que le vecteur $y = A|x| - \rho(A)|x|$ est positif. Si ce vecteur est non nul alors $Ay > 0$ d'après la proposition 2.4.1 6. En posant $z = A|x|$, ce même argument entraîne que $z > 0$, et on a alors $\rho(A)z < Az$. Cela donne $\rho(A) < \rho(A)$ par le corollaire 2.4.7, ce qui est impossible. On a donc $y = 0$, c'est-à-dire $A|x| = \rho(A)|x|$, ce qui signifie que $\rho(A)$ est valeur propre de A avec $|x|$ comme vecteur propre associé. En plus, l'égalité $|x| = \frac{1}{\rho(A)}A|x|$ donne $|x| > 0$.

Enfin, de l'égalité (2.4.3) on déduit que $A|x| = |Ax|$ et donc qu'il existe un réel θ tel que $x = e^{i\theta}|x|$ (point 9. de la proposition 2.4.1 avec $B = x$). \square

Théorème 2.4.4. *Soit A une matrice carrée réelle d'ordre n strictement positive. Alors $\rho(A)$ est l'unique valeur propre de A de module maximum. En plus, $\rho(A)$ est simple et possède un vecteur strictement positif.*

Démonstration. Soit λ une valeur propre de A telle que $|\lambda| = \rho(A)$. D'après le lemme 2.4.2 tout vecteur propre x associé λ est de la forme $x = e^{i\theta}|x|$, avec $|x| > 0$, et on a $A|x| = \rho(A)|x|$. On a donc

$$\lambda x = Ax = A \left(e^{i\theta}|x| \right) = e^{i\theta} A|x| = e^{i\theta} \rho(A)|x| = \rho(A)x.$$

On en déduit que $\lambda x = \rho(A)x$, et $\lambda = \rho(A)$ du fait que $x \neq 0$. Donc $\rho(A)$ est l'unique valeur propre de A de module maximal.

Il reste à prouver que $\rho(A)$ est simple. Considérons $B = A - \rho(A)I_n$ et montrons que le coefficient de degré 1 du polynôme caractéristique de B est non nul. D'une part, ce coefficient est l'opposé de la somme des mineurs principaux diagonaux d'ordre $n - 1$. D'autre part, soit B_i (resp. A_i) la sous-matrice de B (resp. A) obtenue en éliminant la ligne et la colonne i et soit resp. \bar{A}_i la matrice obtenue de A en remplaçant la ligne et la colonne i par la ligne et la colonne nulle. Alors on a $B_i = A_i - \rho(A)I_{n-1}$. En plus, A_i et \bar{A}_i ont le même rayon spectral et $0 \leq \bar{A}_i < A$ du fait que A est strictement positive. D'après le corollaire 2.4.3 on a $\rho(A_i) = \rho(\bar{A}_i) < \rho(A)$. Il en résulte alors que les valeurs propres de B_i sont toutes à partie réelle strictement négative, et donc $\det(B_i)$ a le même signe que $(-1)^{n-1}$. Il en résulte que tous les mineurs principaux diagonaux d'ordre $n - 1$ sont non nuls et ont le même signe. Leur somme est donc non nulle. \square

Corollaire 2.4.8. *Soit $A \in \mathcal{M}_n(\mathbb{R})$ une matrice strictement positive. Alors il existe un unique vecteur propre associé à la valeur propre $\rho(A)$ dans le compact $F = \{x \in \mathbb{R}^n \mid x \geq 0, \|x\|_1 = 1\}$.*

Le vecteur $x \in F \cap E_{\rho(A)}$ est appelé le *vecteur de Perron* de la matrice strictement positive A .

Corollaire 2.4.9. *Soit A est une matrice carrée réelle positive d'ordre n . Alors $\rho(A)$ est une valeur propre de A et elle a un vecteur propre positif.*

Démonstration. Posons $A = (a_{ij})$ et pour tout entier positif k

$$A_k = \left(a_{ij} + \frac{1}{k} \right)_{1 \leq i, j \leq n}$$

Soit x_k le vecteur de Perron de la matrice strictement positive A_k . On a $\lim_{k \rightarrow +\infty} A_k = A$, tenant compte de la continuité du rayon spectral on déduit que $\lim_{k \rightarrow +\infty} \rho(A_k) = \rho(A)$. D'autre part, la suite $(x_k)_{k \geq 1}$ étant dans le compact $F = \{x \in \mathbb{R}^n \mid x \geq 0, \|x\|_1 = 1\}$, on peut en extraire une sous-suite $(x_{\varphi(k)})_{k \geq 1}$ convergente vers un vecteur $x \geq 0$. On a alors

$$Ax = \lim_{k \rightarrow +\infty} A_{\varphi(k)} x_{\varphi(k)} = \lim_{k \rightarrow +\infty} \rho(A_{\varphi(k)}) x_{\varphi(k)} = \rho(A)x.$$

Enfin, on a $x \neq 0$ car $\|x\|_1 = 1$ et donc x est un vecteur propre de A associé à la valeur propre $\rho(A)$. \square

Corollaire 2.4.10. *Soit A une matrice carrée réelle positive d'ordre n . Alors*

$$\rho(I_n + A) = 1 + \rho(A).$$

Démonstration. Pour toute matrice carrée réelle d'ordre n on a

$$Sp(I_n + A) = \{1 + \lambda \mid \lambda \in Sp(A)\}$$

et donc $\rho(I_n + A) \leq 1 + \rho(A)$. Si de plus A est positive, alors $\rho(A)$ est une valeur propre de A . Donc $1 + \rho(A)$ est une valeur propre de $I_n + A$ et $1 + \rho(A) \leq \rho(I_n + A)$. \square

Corollaire 2.4.11. *Si A est une matrice carrée réelle positive d'ordre n et s'il existe un entier positif r tel que A^r soit strictement positive, alors $\rho(A)$ est une valeur propre simple de A .*

Démonstration. On sait déjà par le corollaire 2.4.9 que $\rho(A)$ est une valeur propre de A . Notons p sa multiplicité algébrique. Comme A est trigonalisable sur \mathbb{C} il existe une matrice inversible P telle que $T = P^{-1}AP$ soit triangulaire supérieure de diagonale

$$(\rho(A), \dots, \rho(A), \lambda_{p+1}, \dots, \lambda_n)$$

avec $|\lambda_i| \leq \rho(A)$. Si r est tel que A^r soit strictement positive alors la matrice $T^r = P^{-1}A^rP$ est triangulaire supérieure de diagonale

$$(\rho(A)^r, \dots, \rho(A)^r, \lambda_{p+1}^r, \dots, \lambda_n^r),$$

et $\rho(A)^r = \rho(A^r)$ est valeur propre de A^r de multiplicité supérieure ou égale à p . Mais A^r étant strictement positive cette multiplicité vaut 1 d'après le théorème 2.4.4). \square

2.4.4 Théorème de Perron-Frobenius pour les matrices positives irréductibles

Nous montrons dans cette sous-section le théorème de Perron-Frobenius pour les matrices positives irréductibles.

Définition 2.4.3. *Une matrice carrée d'ordre n est dite réductible s'il existe une matrice de permutation P_σ telle que*

$$P_\sigma^{-1}AP_\sigma = \begin{bmatrix} B & 0 \\ C & D \end{bmatrix}$$

où B est une matrice carrée d'ordre p avec $1 \leq p \leq n - 1$. Une matrice non réductible est dite irréductible

Exemple 2.4.1. *Une matrice carrée ayant tous ses coefficients non nuls est irréductible. Plus généralement, si A est une matrice carrée et s'il existe un entier positif p tel que A^p ait tous ses coefficients non nuls, alors A est irréductible.*

Lemme 2.4.3. Soient $A \in \mathcal{M}_n(\mathbb{R})$ une matrice positive irréductible et $y \in \mathbb{R}^n$ un vecteur positif non nul. Si y est strictement positif alors il en est de même pour le vecteur $z = (I_n + A)y$. Sinon, le nombre de composantes nulles de z est strictement inférieur à celui de y . Dans tous les cas, le vecteur $(I_n + A)^{n-1}y$ est strictement positif.

Démonstration. Les composantes du vecteur $z = (I_n + A)y$ sont données par $z_i = \sum_{j=1}^n a_{ij}y_j + y_i$ ($1 \leq i \leq n$). Comme la matrice A et le vecteur y sont supposés positifs on a $z \geq y \geq 0$. En particulier, z est strictement positif si y l'est.

Supposons que y a au moins une composante nulle, et notons que $y \leq z$ implique que le nombre de composantes nulles de z est inférieur ou égal à celui de y . Supposons que z et y ont le même nombre de composantes nulles, et notons J_y l'ensemble des indices i tels que $y_i = 0$. D'une part, pour tout $i \in J_y$ on a donc $z_i = \sum_{j \notin J_y} a_{ij}y_j = 0$ et $y_j > 0$ pour $j \notin J_y$. Tenant compte du fait que les coefficients a_{ij} sont positifs ou nuls on déduit que $a_{ij} = 0$ pour $i \in J_y$ et $j \notin J_y$. D'autre part, J_y est de cardinal compris entre 1 et $n - 1$ car y a au moins une composante nulle et $y \neq 0$. Ceci prouve donc que A est réductible. En conclusion le nombre de composantes nulles de z est strictement inférieur à celui de y , si la matrice positive A est irréductible.

Si le vecteur y est positif non nul, il a au moins une coordonnée strictement positive et ce qui précède nous dit que le vecteur $(I_n + A)y$ a au moins deux coordonnées strictement positives. Par récurrence on déduit alors que le vecteur $(I_n + A)^{n-1}y$ est strictement positif. \square

Théorème 2.4.5. Soit $A \in \mathcal{M}_n(\mathbb{R})$ une matrice positive. Alors A est irréductible si et seulement si la matrice $(I_n + A)^{n-1}$ est strictement positive.

Démonstration. Supposons que A est irréductible. Par le lemme 2.4.3 on a $(I_n + A)^{n-1}x > 0$ pour tout vecteur positif non nul x . En appliquant cette propriété aux vecteurs $(e_j)_{1 \leq j \leq n}$ de la base canonique de \mathbb{R}^n on déduit que $(I_n + A)^{n-1}$ est strictement positive.

Réciproquement, si la matrice $(I_n + A)^{n-1}$ est strictement positive, alors elle est irréductible et il en est donc de même pour $I_n + A$ ainsi que A (voir l'exemple 2.4.1). \square

Nous avons donc ce qu'il faut pour énoncer et prouver le théorème de Perron-Frobenius pour les matrices positives irréductibles, voir e.g. [37, théorème 8.4.4].

Théorème 2.4.6 (Perron-Frobenius). Soit $A \in \mathcal{M}_n(\mathbb{R})$ une matrice positive et irréductible. Alors $\rho(A) > 0$ est une valeur propre simple de A et le sous-espace propre associé est de dimension 1 engendré par un vecteur strictement positif.

Démonstration. Comme A est irréductible elle n'a aucune ligne nulle. Puisqu'en plus A est positive on a $\sum_j a_{ij} > 0$ pour tout i , ce qui donne $\rho(A) > 0$ par le corollaire 2.4.5.

Tenant compte du corollaire 2.4.10, il suffit de montrer que $1 + \rho(A)$ est une valeur propre simple de $I_n + A$. Du théorème 2.4.5 on déduit que $(I_n + A)^{n-1}$ est strictement positive. Ensuite, le corollaire 2.4.11 nous montre que $1 + \rho(A)$ est une valeur propre simple de $I_n + A$.

Le sous-espace propre associé à $\rho(A)$ est donc de dimension 1 et on sait par le corollaire 2.4.9 qu'il peut être engendré par un vecteur positif x . De $Ax = \rho(A)x$ on déduit que $(I_n + A)^{n-1}x = (1 + \rho(A))^{n-1}x$. D'après la proposition 2.4.1 6. et le fait que $(I_n + A)^{n-1} > 0$ on a $(I_n + A)^{n-1}x > 0$, ce qui finalement donne $x > 0$. \square

2.4.5 Z -matrices et stabilité

Une matrice $A \in \mathcal{M}_n(\mathbb{R})$ est appelée une Z -matrice si tous ses coefficients non diagonaux sont négatifs. Une Z -matrice dont toutes les valeurs propres sont de partie réelle strictement positive est appelée une M -matrice.

Lemme 2.4.4. *Une matrice $A \in \mathcal{M}_n(\mathbb{R})$ est une M -matrice si et seulement si elle peut s'écrire sous la forme $A = sI_n - B$, où B est une matrice positive et $s > \rho(B)$.*

Démonstration. Supposons que $A = (a_{ij})$ est une M -matrice. Pour tout $s > \max_i a_{ii}$ la matrice $B = sI_n - A$ est positive, et par le corollaire 2.4.9 $\rho(B)$ est une valeur propre de B . Comme les valeurs propres de B sont de la forme $s - \lambda$, où λ est une valeur propre de A , il existe une valeur propre réelle λ de A telle que $\rho(B) = s - \lambda$. Le fait que A est une M -matrice entraîne que $\lambda > 0$ et donc $\rho(B) < s$.

Réciproquement, si $A = sI_n - B$ où B est positive et $\rho(B) < s$ alors A est en particulier une Z -matrice. En plus, pour toute valeur propre λ de B on a $s > |\lambda| \geq \Re(\lambda)$. Donc $s - \Re(\lambda) > 0$, ce qui signifie que toutes les valeurs propres de A sont de partie réelle strictement positive. \square

Théorème 2.4.7. *Soit $A = (a_{ij}) \in \mathcal{M}_n(\mathbb{R})$ une Z -matrice. Alors les propriétés suivantes sont équivalentes.*

1. A^{-1} est positive.
2. A est une M -matrice.
3. Les mineurs principaux dominants de A sont strictement positifs.

Démonstration. "1. \Rightarrow 2.". Soit A une Z -matrice et écrivons A sous la forme $A = sI_n - B$ où B est une matrice positive et s un réel positif. Comme B est positive non nulle il existe, d'après le théorème de Perron-Frobenius,

un vecteur u positif non nul tel que $Bu = \rho(B)u$, ce qui donne $(sI_n - B)u = (s - \rho(B))u$. On a $\rho(B) \neq s$, car A est non singulière, et par suite $(sI_n - B)^{-1}u = \frac{1}{s - \rho(B)}u$. Comme $A^{-1} = (sI_n - B)^{-1}$ est positive et u est positif non nul le vecteur $(sI_n - B)^{-1}u$ est positif non nul et donc $\frac{1}{s - \rho(B)} > 0$. Ceci montre que $\rho(B) < s$ et donc $A = sI_n - B$ est une M-matrice d'après le lemme 2.4.4.

"2. \Rightarrow 3.". Si A est une M-matrice alors on peut écrire $A = sI_n - B$, où B est une matrice positive et $\rho(B) < s$. Toute sous-matrice principale dominante A_p , $p \leq n$, de A est de la forme $A_p = sI_p - B_p$, où B_p est la sous-matrice principale dominante correspondante de B . On a $\rho(B_p) \leq \rho(B) < s$ et donc A_p est une M-matrice par le lemme 2.4.4. En particulier, $\det(A_p) > 0$ et tous les mineurs principaux dominants de A , qui sont les déterminants des A_p , sont strictement positifs.

"3. \Rightarrow 1.". Si tous les mineurs principaux dominants de A sont strictement positifs alors $\det(A) > 0$ et $\det(A_{n-1}) > 0$. D'où l'existence de A^{-1} et A_{n-1}^{-1} . Nous montrons par récurrence sur n que A^{-1} est positive.

Pour $n = 2$ le résultat est évident. Supposons donc que A_{n-1}^{-1} est positive et écrivons A sous la forme

$$A = \begin{bmatrix} A_{n-1} & D \\ C & a_{nn} \end{bmatrix},$$

où D est la $n^{\text{ème}}$ colonne de A privée de a_{nn} et C la $n^{\text{ème}}$ ligne de A privée de a_{nn} . Le fait que A est une Z-matrice entraîne alors que D et C sont négatives.

En utilisant le complément de Schur

$$L = \begin{bmatrix} A_{n-1}^{-1} & -A_{n-1}^{-1}D \\ 0 & 1 \end{bmatrix}$$

on obtient

$$AL = \begin{bmatrix} I_{n-1} & 0 \\ CA_{n-1}^{-1} & \alpha \end{bmatrix}, \quad (AL)^{-1} = \begin{bmatrix} I_{n-1} & 0 \\ \alpha^{-1}CA_{n-1}^{-1} & \alpha^{-1} \end{bmatrix},$$

avec $\alpha = \det(AL) = a_{nn} - CA_{n-1}^{-1}D > 0$. On a alors

$$A^{-1} = L(AL)^{-1} = \begin{bmatrix} A_{n-1}^{-1} + \alpha^{-1}A_{n-1}^{-1}DCA_{n-1}^{-1} & -\alpha^{-1}A_{n-1}^{-1}D \\ -\alpha^{-1}CA_{n-1}^{-1} & \alpha^{-1} \end{bmatrix}$$

qui est positive car $C \leq 0, D \leq 0$ et $A_{n-1}^{-1} \geq 0$. □

Chapitre 3

Étude de la stabilité de l'équilibre sans maladie dans les modèles épidémiologiques

Les systèmes dynamiques dépendant de paramètres sont communément utilisés pour modéliser l'évolution des maladies infectieuses. Couramment les modèles obtenus ont un équilibre sans maladie et une des questions fondamentales est de trouver les conditions nécessaires et suffisantes sur les paramètres pour que l'équilibre sans maladie soit asymptotiquement stable.

Couramment un modèle épidémiologique possède une quantité seuil, appelée *le taux de reproduction de base* et noté R_0 , telle que l'équilibre sans maladie est asymptotiquement stable quand $R_0 < 1$ et instable quand $R_0 > 1$, voir par exemple [32]. Biologiquement parlant, R_0 est le nombre moyen d'infectés quand un individu infectieux typique est introduit dans une population complètement susceptible. Dans [21, 56] le nombre de reproduction de base est identifié comme étant le rayon spectral d'une matrice obtenue à partir du modèle. Mais il n'est pas tout à fait facile de calculer le rayon spectral d'une matrice carrée dont les coefficients dépendent de paramètres.

Beaucoup de systèmes d'équations différentielles ordinaires résultant de la modélisation épidémiologique dépendent polynomialement des paramètres et des variables d'état. Nous introduisons ici une méthode alternative pour trouver des conditions sur les paramètres pour que l'équilibre sans maladie soit stable. On peut en effet utiliser les critères de Routh-Hurwitz ou de Liénard-Chipart pour exprimer le problème comme une formule du premier ordre dans le langage des corps ordonnés, et ensuite le résoudre en utilisant des algorithmes développés en algèbre réelle, voir par exemple [4, 36, 1, 24, 14, 49]. Cette approche a l'avantage d'être complètement algorithmique, mais à cause du coût très important de la simplification des formules de premier ordre cette approche a une portée plutôt limitée. Il arrive aussi que cette

méthode produit une condition complexe pour un modèle donné alors que des calculs à la main réussissent à produire une condition équivalente très simple, voir par exemple [14].

Nous optons ici pour une sorte de compromis. Nous étudions des systèmes d'équations différentielles ordinaires qui satisfont des propriétés structurelles communément partagées par les modèles épidémiologiques (voir les hypothèses $(H_1) - (H_3)$ dans la section 3.3). Nous montrons que sous des hypothèses naturelles vérifiées par les modèles épidémiologiques, telles que l'invariance positive du cône positif et l'invariance du sous-espace sans maladie, le problème de trouver algorithmiquement des conditions de stabilité de l'équilibre sans maladie, devient simple pour une assez grande classe de modèles.

Ce chapitre est structuré comme suit. Dans la section 3.1 nous montrons comment déterminer les équilibres persistants d'une famille polynomiale de champs de vecteurs. Nous expliquons ensuite dans la section 3.2 pourquoi il arrive souvent que le polynôme caractéristique à l'équilibre sans maladie d'un modèle épidémiologique se factorise. La section 3.3 est consacrée à l'étude de la structure de la matrice jacobienne à l'équilibre sans maladie. De cette structure nous tirons des conditions nécessaires et suffisantes pour la stabilité de cet équilibre. Une classe de modèles épidémiologiques est étudiée dans la section 3.5. Pour cette classe nous montrons que la condition de stabilité de l'équilibre sans maladie est particulièrement facile à obtenir. Un critère de stabilité globale de l'équilibre sans maladie est donné dans la section 3.4. Les résultats de ce chapitre sont publiés dans [23].

3.1 Détermination des équilibres

Dans cette section, aussi bien que dans la section 3.2, nous désignons par \mathbb{K} un corps commutatif de caractéristique nulle et par $\overline{\mathbb{K}}$ sa clôture algébrique.

Soit $f(v, x) = (f_1(v, x), \dots, f_n(v, x))$ une famille polynomiale de champs de vecteurs sur \mathbb{K} , i.e. $f_i(v, x) \in \mathbb{K}[v, x]$ où $v = v_1, \dots, v_k$ et $x = x_1, \dots, x_n$. Pour déterminer les équilibres de $f(v, x)$ nous devons résoudre le système $f_1 = 0, \dots, f_n = 0$ à n équations en $n + k$ variables. Pour les systèmes que nous allons traiter, dans les chapitres 4 et 5, le nombre de variables $n + k$ dépasse en général 10 ce qui rend le calcul de leur base de Groebner, par rapport à l'ordre lexicographique, très difficile. Mais en fait il est possible de contourner cet obstacle par la simple constatation que seuls les équilibres persistants nous intéressent puisque les systèmes que nous considérons proviennent de modèles épidémiologiques. Pour expliquer ceci prenons le cas $\mathbb{K} = \mathbb{R}$ et considérons $v_0 \in \mathbb{R}^k$ et $x(v_0) \in \mathbb{R}^n$ un équilibre du champ de vecteurs $f(v_0, x)$. Si on n'arrive pas à "suivre continûment" cet équilibre lorsque v varie dans un voisinage assez petit de v_0 alors $x(v_0)$ n'est pas pertinent du

point de vue épidémiologique puisqu'en général les valeurs des paramètres v sont mesurés et donc ne sont connues qu'à une marge d'erreur près.

En termes algébriques, si $\mathcal{I}(f)$ est l'idéal de $\mathbb{K}[v, x]$ engendré par les f_i et $\mathcal{Q}_1, \dots, \mathcal{Q}_t$ sont les composantes primaires de $\mathcal{I}(f)$ qui vérifient $\mathcal{Q}_i \cap \mathbb{K}[v] = (0)$, alors les équilibres persistants de f sont exactement les zéros des \mathcal{Q}_i . En d'autres termes, pour trouver les équilibres on peut regarder le système $f_1 = \dots = f_n = 0$ comme étant un système en les variables x à coefficients dans le corps $\mathbb{K}(v)$, ce qui permet de réduire le nombre de variables et rend plus tractable le calcul d'une base de Groebner. De manière plus formelle, nous avons la proposition suivante.

Proposition 3.1.1. *Soit \mathcal{I} un idéal de $\mathbb{K}[v, x]$ et soient $\mathcal{Q}_1, \dots, \mathcal{Q}_t$ les composantes primaires de \mathcal{I} qui vérifient $\mathcal{Q}_i \cap \mathbb{K}[v] = (0)$. Si \mathcal{I}_1 est l'idéal de $\mathbb{K}(v)[x]$ engendré par \mathcal{I} alors on a $\mathcal{I}_1 \cap \mathbb{K}[v, x] = \bigcap_i \mathcal{Q}_i$. En conséquence, si $G \subset \mathbb{K}[v][x]$ est une base de Groebner de \mathcal{I}_1 par rapport à un ordre monomial \preceq sur les variables x et $a(v)$ est le plus grand multiple commun des coefficients de tête des éléments de G alors on a $\bigcap_i \mathcal{Q}_i = \mathcal{I}(G) : a^\infty$.*

En d'autres termes, cette proposition nous dit que lorsqu'on voit le système dans $\mathbb{K}(v)[x]$ on perd dans le pire des cas les équilibres des champs de vecteur $f(\zeta, x)$, où ζ est un zéro de $a(v)$. Mais dans les systèmes que nous allons rencontrer nous sommes concerné uniquement par une région de l'espace des paramètres, à savoir le cone strictement positif \mathbb{R}_{*+}^k . En plus, sur cette région le polynôme $a(v)$ ne s'annule pas et donc on ne perd aucun équilibre persistant. Voici un exemple qui illustre ce point.

Exemple 3.1.1. *Considérons le modèle classique SEIRS [34] donné par le système différentiel*

$$\begin{aligned}\dot{S} &= \mu + \gamma R - \mu S - \beta IS \\ \dot{E} &= \beta IS - (\mu + \sigma)E \\ \dot{I} &= \sigma E - (\nu + \mu)I \\ \dot{R} &= \nu I - (\mu + \gamma)R\end{aligned}$$

où S, E, I et R sont respectivement les fractions des susceptibles, exposés, infectieux et les immunisés et $S + E + I + R = 1$, voir la section 4.2 pour plus de détails. Le calcul de la base de Groebner G du système pour l'ordre lexicographique $S \prec E \prec I \prec R$ fournit 4 polynômes, et le plus grand multiple commun de leur coefficients dominants est

$$q = \sigma\beta(\mu^2 + \mu\nu + \sigma\mu + \sigma\nu + \mu\gamma + \gamma\nu + \sigma\gamma)$$

comme nous le verrons dans la section 4.2. Comme les paramètres du système sont supposés strictement positifs le polynôme q ne s'annule jamais et donc les équilibres que nous cherchons sont les solutions du système polynomial donné par G .

3.2 Factorisation du polynôme caractéristique à l'équilibre sans maladie

Étant donné un modèle épidémiologique qui a un équilibre sans maladie, une manière d'étudier la stabilité de cet équilibre est d'utiliser des outils classiques tels que le critère de Routh-Hurwitz. Si n est la dimension de l'espace d'état du modèle alors le critère de Routh-Hurwitz donne une conjonction de n conditions. Puisque beaucoup de modèles épidémiologiques exhibent le phénomène de seuil, on s'attend en général à ce que ces conditions présentent une certaine redondance, et donc une simplification s'impose.

Dans [14] la factorisation du polynôme caractéristique à l'équilibre sans maladie est utilisée pour simplifier les conditions de Routh-Hurwitz et cela réussit pour plusieurs modèles. Nous montrons dans la suite que la factorisation du polynôme caractéristique à l'équilibre sans maladie n'est pas une question de chance mais est réellement inhérente à la nature des modèles épidémiologiques. Pour expliquer cela considérons l'exemple de l'espace sans maladie c'est-à-dire le sous-ensemble de l'espace d'état obtenu en annulant les variables d'état qui représentent les individus infectés. Si des hypothèses sont faites sur les modèles, telles que l'absence de migration de nouveaux individus infectieux, alors on s'attend à ce que la population reste sans maladie si elle l'est initialement. Cela veut dire que le sous-espace sans maladie est invariant par la famille de champs de vecteurs représentant le modèle. L'espace tangent au sous-espace sans maladie à l'équilibre sans maladie est alors invariant par la matrice jacobienne du champ en ce point, et cela produit la factorisation du polynôme caractéristique. Plus généralement nous avons le théorème suivant.

Théorème 3.2.1. *Soit $f(x)$ un champ de vecteurs polynomial sur le corps \mathbb{K} de caractéristique 0 avec les propriétés suivantes.*

i) Il existe une variété algébrique invariante $\mathcal{W} \subset \overline{\mathbb{K}^n}$ de $f(x)$ définie par des polynômes à coefficients dans \mathbb{K} .

ii) La variété invariante \mathcal{W} contient un équilibre $x^ \in \mathbb{K}^n$ de $f(x)$ et est non singulière de dimension d en x^* .*

Alors le polynôme caractéristique $\chi(x^, z)$ de $\partial_x f(x^*)$ appartient à $\mathbb{K}[z]$ et la trace sur \mathbb{K}^n de l'espace tangent à \mathcal{W} en x^* est un espace invariant de $\partial_x f(x^*)$ de dimension d . En particulier, $\chi(x^*, z)$ a un facteur de degré d dans $\mathbb{K}[z]$.*

Démonstration. Le fait que $x^* \in \mathbb{K}^n$ et $f(x)$ a ses coefficients dans \mathbb{K} impliquent que ceux de la matrice $\partial_x f(x^*)$ sont dans \mathbb{K} , et $\chi(x^*, z) \in \mathbb{K}[z]$.

Soit $g = g_1, \dots, g_m$ une liste des polynômes dans $\mathbb{K}[x]$ telle que \mathcal{W} soit définie par le système $g_1 = \dots = g_m = 0$. Quit à calculer le radical de l'idéal $\mathcal{I}(g)$ de $\mathbb{K}[x]$, nous pouvons supposer sans perte de généralité que $\mathcal{I}(g)$ est radical. L'espace tangent à \mathcal{W} en x^* est alors le noyau dans $\overline{\mathbb{K}^n}$ de $\partial_x g(x^*)$

et il est de dimension d tenant compte du fait que \mathcal{W} est non singulière de dimension d en x^* . Ainsi la matrice $\partial_x g(x^*)$ est de rang $n - d$ et puisque ses coefficients sont dans \mathbb{K} son noyau dans \mathbb{K}^n est bien de dimension d . Puisque \mathcal{W} est invariant par f et $\mathcal{I}(g)$ est radical nous avons $\mathcal{L}_f g_i \in \mathcal{I}(g)$ pour $j = 1 \dots m$ et donc $\mathcal{L}_f g_j$ est une combinaison linéaire à coefficients dans $\mathbb{K}[x]$ des g_i . L'écriture de cette identité algébrique sous forme matricielle donne $\partial_x g(x).f(x) = A(x).g(x)$, où $A(x)$ est une matrice carrée d'ordre m à coefficients dans $\mathbb{K}[x]$. En calculant les différentielles suivant x pour les deux membres de cette égalité on obtient

$$\partial_{xx}^2 g(x).(., f(x)) + \partial_x g(x).\partial_x f(x) = \partial_x A(x).(., g(x)) + A(x).\partial_x g(x).$$

Le fait que $f(x^*) = g(x^*) = 0$ donne alors

$$\partial_x g(x^*).\partial_x f(x^*) = A(x^*).\partial_x g(x^*).$$

Cela montre clairement que le noyau de $\partial_x g(x^*)$ dans \mathbb{K}^n est un sous espace invariant de $\partial_x f(x^*)$. Ce sous espace invariant qui est de dimension d , donne alors un facteur de degré d dans $\mathbb{K}[z]$ de $\chi(x^*, z)$. \square

Exemple 3.2.1. *Considérons le modèle SEIRS de l'exemple 3.1.1. L'équilibre sans maladie du modèle est $(1, 0, 0, 0)$. Pour simplifier nous écrivons le système comme $\dot{x} = f(v, x)$ et nous notons que les composantes de $f(v, x)$ sont dans $\mathbb{Q}[v, x]$. Ainsi $f(v, x)$ peut être regardé comme un champ de vecteurs sur $\mathbb{K} = \mathbb{Q}(v)$. On vérifie facilement que les variétés algébriques données respectivement par $S + E + I + R - 1 = 0$, $E = I = 0$ et $E = I = R = 0$ sont invariantes par f puisque les idéaux $\mathcal{I}(S + E + I + R - 1)$, $\mathcal{I}(E, I)$ et $\mathcal{I}(E, I, R)$ sont invariant par la dérivation \mathcal{L}_f . De plus elles sont non singulières au point $(1, 0, 0, 0)$. Par l'application du théorème 3.2.1 à chacune de ces variétés, nous déduisons que le polynôme caractéristique à l'équilibre sans maladie est le produit de deux facteurs de degré 1 et un facteur de degré 2. Une factorization du polynôme caractéristique montre qu'effectivement on a*

$$\chi = (z + \mu)(z + \mu + \gamma)(z^2 + (2\mu + \nu + \sigma)z + \sigma\nu + \sigma\mu + \mu\nu + \mu^2 - \sigma\beta).$$

3.3 Structure de la matrice jacobienne à l'équilibre sans maladie.

Dans cette section nous étudions la structure de la matrice jacobienne de l'équilibre sans maladie sous des conditions naturelles sur le modèle épidémiologique considéré. Nous établissons alors notre critère pour la stabilité asymptotique de l'équilibre sans maladie. Les variables d'état dans un modèle épidémiologique représentent des fractions de la population, et doivent

donc rester positives. Il est donc naturel de supposer que toutes les familles de champs de vecteurs que nous considérons satisfont la condition suivante

(H_1) Le cône positif \mathbb{R}_+^n est positivement invariant par la famille $f(v, x)$.

Dans les systèmes que nous considérons seul le cône positif \mathbb{R}_+^k de l'espace des paramètres \mathbb{R}^k nous intéresse. D'un autre côté, on peut écrire de manière unique chaque $f_i(v, x)$ sous la forme $f_i(v, x) = f_{i,1}(v, x) + x_i f_{i,2}(v, x)$, où $f_{i,1}(v, x)$ ne dépend pas de x_i . La condition (H_1) est alors équivalente à

$$\forall i, \forall u \geq 0, \forall x \geq 0 \quad f_{i,1}(v, x) \geq 0. \quad (3.3.1)$$

Dans les modèles que nous considérons nous supposons que le sous-espace sans maladie est invariant. Donc nous pouvons supposer sans perte de généralité que les familles de champs de vecteurs satisfont la condition suivante.

(H_2) Le sous-espace \mathcal{V} de \mathbb{R}^n défini par $x_1 = \dots = x_d = 0$ où $d < n$ est invariant par la famille $f(v, x)$.

Écrivons $x = y, z$ avec $y = x_1, \dots, x_d$ et $z = x_{d+1}, \dots, x_n$. Alors la condition (H_2) est équivalente au système

$$\forall i = 1, \dots, d \quad f_i(v, 0, z) = 0. \quad (3.3.2)$$

Lemme 3.3.1. *Soit f un champ de vecteurs sur \mathbb{R} , et supposons que 0 est un équilibre de f et que \mathbb{R}_+^n est positivement invariant par f . Alors \mathbb{R}_+^n est positivement invariant par le champ de vecteurs linéaire $\partial_x f(0).x$. En particulier, $-\partial_x f(0)$ est une Z -matrice.*

Démonstration. Rappelons que \mathbb{R}_+^n est positivement invariant par le champ de vecteurs f si et seulement si pour tout $x \in \mathbb{R}_+^n$ et tout i tel que $x_i = 0$ nous avons $f_i(x) \geq 0$. Comme conséquence, \mathbb{R}_+^n est positivement invariant par un champ de vecteurs linéaire $A.x$, où A est une $n \times n$ matrice, si et seulement si tous les coefficients non diagonaux de A sont positifs. Puisque $f(0) = 0$ nous pouvons écrire $f_i(x)$ sous la forme $f_i(x) = \sum \mu_{i,j}(x)x_j$. Cela donne en particulier $\partial_{x_j} f_i(0) = \mu_{i,j}(0)$. Maintenant soit e_1, \dots, e_n la base canonique de \mathbb{R}^n et soit $x = se_j$ où $s > 0$. Nous avons $\mu_{i,j}(x)s = f_i(x) \geq 0$ pour tout $i \neq j$ tenant compte du fait que \mathbb{R}_+^n est positivement invariant par f . Cela donne $\mu_{i,j}(se_j) \geq 0$ pour tout $s > 0$ par suite $\mu_{i,j}(0) = \partial_{x_j} f_i(0) \geq 0$. \square

Théorème 3.3.1. *Soit $f(v, x)$ une famille de champ de vecteurs qui satisfait les conditions (H_1) – (H_2). Posons $x = y, z$, avec $y = x_1, \dots, x_d$ et $z = x_{d+1}, \dots, x_n$, et soit $\psi : \mathcal{U} \rightarrow \mathbb{R}^{n-d}$ une application différentiable, où $\mathcal{U} \subseteq \mathbb{R}_+^k$ est un ouvert. Soit $g(v, y) = (f_1(v, y, \psi(v)), \dots, f_d(v, y, \psi(v)))$ et $h(v, z) = (f_{d+1}(v, 0, z), \dots, f_n(v, 0, z))$. Alors on a les propriétés suivantes.*

1. *La matrice jacobienne $\partial_x f(0, \psi(v))$ de f en $(0, \psi(v))$ est de la forme*

$$\begin{bmatrix} \partial_y g(v, 0) & 0 \\ B & \partial_z h(v, \psi(v)) \end{bmatrix}$$

et les coefficients non diagonaux de $\partial_y g(v, 0)$ sont positifs.

2. Le point $(0, \psi(v))$ est un équilibre hyperbolique localement asymptotiquement stable de $f(v, x)$ si et seulement si $\psi(v)$ l'est pour le champ de vecteurs $h(v, z)$ et $-\partial_y g(v, 0)$ est une M -matrice.

Démonstration. 1. Un simple calcul montre que $\partial_{y_i} f(v, 0, \psi(v)) = \partial_{y_i} g(v, 0)$ et $\partial_{z_i} f(v, 0, \psi(v)) = \partial_{z_i} h(v, \psi(v))$. Ainsi on peut écrire $\partial_x f(v, 0, \psi(v))$ sous la forme

$$\begin{bmatrix} \partial_y g(v, 0) & C \\ B & \partial_z h(v, \psi(v)) \end{bmatrix}.$$

Par l'hypothèse (H_2) on peut écrire chaque $f_i(v, x, y)$, $i = 1, \dots, d$ sous la forme $f_i(v, y, z) = \sum_{k=1}^d v_k(v, y, z) y_k$. Cela donne $\partial_{z_j} f_i(v, 0, \psi(v)) = 0$ et par suite $C = 0$.

D'autre part, par l'hypothèse (H_1) on a $f_i(v, y, z) \geq 0$ pour $z \geq 0$ et pour tout $y \geq 0$ tel que $y_i = 0$. En particulier, pour tout $z = \psi(v)$ et $i = 1, \dots, d$ on obtient $f_i(v, y, \psi(v)) = g_i(v, y) \geq 0$ pour tout $y \geq 0$ tel que $y_i = 0$. Cela montre que \mathbb{R}_+^d est positivement invariant par la famille de champs de vecteurs $g(v, y)$, et puisque 0 est un équilibre de $g(v, y)$ il résulte du lemme 3.3.1 que les coefficients non diagonaux de $\partial_y g(v, 0)$ sont positifs.

2. Le point $(0, \psi(\mu))$ est un équilibre de $f(v, y, z)$ si et seulement si $\psi(v)$ l'est pour $h(v, z)$. De plus, la structure triangulaire de la matrice $\partial_x f(v, 0, \psi(v))$ implique que son polynôme caractéristique est le produit des polynômes caractéristiques de $\partial_y g(v, 0)$ et $\partial_z h(v, \psi(v))$. Cela montre que $(0, \psi(v))$ est hyperbolique et stable si et seulement si $\psi(v)$ l'est pour $h(v, z)$ et $\partial_y g(v, 0)$ est stable, c'est à dire $-\partial_y g(v, 0)$ est une M -matrice tenant compte du fait qu'elle est une Z -matrice. \square

Dans la suite nous utiliserons les notations introduites dans le théorème 3.3.1. Nous supposons aussi que nous disposons de l'équilibre sans maladie $(0, \psi(v))$ tel que $\psi(v)$ est localement asymptotiquement stable pour la famille de champ de vecteurs $h(v, z)$. Plus précisément, nous supposons la condition suivante sur la famille de champs de vecteurs considérée $f(v, x)$.

(H_3) Il existe une application différentiable $\psi : \mathcal{U} \rightarrow \mathbb{R}^{n-d}$ telle que $\psi(v)$ soit un équilibre hyperbolique localement asymptotiquement stable de $h(v, z)$.

Quand $f(v, x)$ provient d'un modèle épidémiologique le champ de vecteurs $h(v, z)$ qui n'est rien d'autre que la restriction de $f(v, x)$ au sous-espace sans maladie, gouverne le comportement de la population en l'absence de la maladie. Ainsi l'hypothèse (H_3) veut dire qu'en l'absence de la maladie la population a une situation d'équilibre stable.

Pour une famille de champs de vecteurs satisfaisant les conditions (H_1) – (H_3) nous avons le corollaire suivant du théorème 3.3.1.

Corollaire 3.3.1. *Soit $f(v, x)$ une famille de champs de vecteurs qui satisfait les conditions $(H_1) - (H_3)$. Alors les propriétés suivantes sont équivalentes.*

1. *L'équilibre $(0, \psi(v))$ de $f(v, x)$ est hyperbolique et localement asymptotiquement stable.*
2. *Tous les mineurs principaux dominants m_i d'ordre q_i de $\partial_y g(v, 0)$ vérifient $(-1)^{q_i} m_i > 0$.*

Démonstration. A partir du théorème 3.3.1 et l'hypothèse (H_3) nous déduisons que $(0, \psi(\mu))$ est hyperbolique et localement asymptotiquement stable si et seulement si $\partial_y g(\mu, 0)$ est stable. Puisqu'en plus $-\partial_y g(\mu, 0)$ est une Z -matrice, le fait que 1. est équivalent à 2. est une conséquence directe du théorème 2.4.7. \square

3.4 Un critère de stabilité globale de l'équilibre sans maladie.

Dans cette section nous donnons un critère de stabilité globale de l'équilibre sans maladie pour modèles épidémiologiques satisfaisant les conditions $(H_1) - (H_3)$.

Théorème 3.4.1. *Soit $f(v, x)$ une famille de champs de vecteurs satisfaisant les conditions $(H_1) - (H_3)$ ainsi que les propriétés suivantes.*

1. *L'équilibre $\psi(v)$ de $h(v, z)$ est hyperbolique et globalement asymptotiquement stable.*
2. *La matrice $-\partial_y g(v, 0)$ est une M -matrice irréductible.*
3. *Il existe un sous-ensemble $\mathcal{U} \subset \mathbb{R}_+^n$ compact et positivement invariant par f contenant $(0, \psi(v))$ tel que $(f_1(v, y, z), \dots, f_d(v, y, z))^t \leq \partial_y g(v, 0).y$ pour tout $(y, z) \in \mathcal{U}$.*

Alors l'équilibre $(0, \psi(v))$ de $f(v, x)$ est hyperbolique et globalement asymptotiquement stable dans \mathcal{U} .

Démonstration. Puisque $-\partial_y g(v, 0)$ est une M -matrice nous pouvons l'écrire sous la forme $-\partial_y g(v, 0) = sI_d - B$, où B est positive et $\rho(B) < s$. Le fait que $\partial_y g(\mu, 0)$ est irréductible implique qu'il en est de même pour la matrice B . Par le théorème de Perron-Frobenius, voir théorème 2.4.6, il existe un vecteur w tel que $w^t B = \rho(B)w^t$ et $w_i > 0$ pour tout $i = 1, \dots, d$.

Maintenant soit $\ell(v, y, z) = w^t.y$, où (y, z) parcourt \mathcal{U} . Alors $\ell(v, y, z) \geq 0$ et $\ell(v, y, z) = 0$ si et seulement si $y = 0$ du fait que $w_i > 0$ pour tout i . D'autre part, nous avons $\mathcal{L}_f \ell(v, y, z) = (f_1(v, y, z), \dots, f_d(v, y, z))w$ et puisque $w > 0$ et $(f_1(v, y, z), \dots, f_d(v, y, z))^t \leq \partial_y g(v, 0).y$, nous avons $\mathcal{L}_f \ell(v, y, z) \leq w^t.\partial_y g(v, 0).y$. En plus, un simple calcul donne $w^t.\partial_y g(v, 0).y = (\rho(B) - s)w^t.y$, et par suite $w^t.\partial_y g(v, 0).y < 0$ si $y \neq 0$. Cela donne $\mathcal{L}_f \ell(v, y, z) =$

0 si $y = 0$ et $\mathcal{L}_f \ell(v, y, z) < 0$ si $y \neq 0$. En particulier, $\ell(v, y, z)$ est une fonction de Lyapunov pour f dans \mathcal{U} et le sous-ensemble de \mathcal{U} où $\mathcal{L}_f \ell$ s'annule n'est rien d'autre que $\mathcal{U} \cap \mathcal{V}$, où \mathcal{V} est le sous-espace sans maladie correspondant à $f(v, x)$. Par le théorème 2.1.1, nous avons $w_+(y, z) \subset \mathcal{U} \cap \mathcal{V}$. De plus, $w_+(y, z)$ est fermé et positivement invariant par $f(v, y, z)$. Le fait que \mathcal{V} est invariant par $f(v, y, z)$ implique que le flux engendré par $h(v, z)$ n'est rien d'autre que $\phi(t, v, 0, z)$, où $\phi(t, v, y, z)$ est le flux engendré par $f(v, y, z)$. Comme conséquence, l'image \mathcal{W} de $w_+(y, z)$ par la projection $(y, z) \mapsto z$ est fermée et positivement invariant pour $h(v, z)$. Puisque $\psi(v)$ est globalement asymptotiquement stable, tout ensemble fermé positivement invariant par $h(v, z)$ contient $\psi(v)$. En particulier, \mathcal{W} contient $\psi(v)$ et ainsi il existe une suite t_n tendant vers $+\infty$ telle que $\phi(t_n, v, y, z)$ converge vers $(0, \psi(v))$. Cela veut dire qu'il existe une valeur τ de t telle que $\phi(t, v, y, z)$ est suffisamment proche de $(0, \psi(v))$. Puisque par le théorème 3.3.1 l'équilibre $(0, \psi(v))$ est localement asymptotiquement stable et $\phi(t, v, y, z)$ vient une fois au moins, suffisamment près de $(0, \psi(v))$, il converge vers $(0, \psi(v))$ quand t vers $+\infty$. \square

3.5 Une classe de modèles épidémiologiques

Dans cette section nous étudions une classe particulière mais suffisamment large de modèles épidémiologiques. Plus précisément, nous considérons les familles de champs de vecteurs qui satisfont la condition suivante.

(H_4) Soit $f(v, x)$ une famille de champs de vecteurs satisfaisant les conditions (H_1) – (H_2). Nous supposons que $\partial_y g(v, 0)$ a une structure triangulaire par blocs. De plus pour chaque bloc diagonal A de dimension $q \geq 2$ de $\partial_y g(v, 0)$, les $q - 1$ premiers mineurs principaux dominants m_i de A vérifient $(-1)^i m_i > 0$.

Contrairement aux conditions (H_1) – (H_3) qui ont une interprétation épidémiologique claire, nous n'avons aucune telle interprétation pour la condition (H_4). La raison principale pour laquelle nous introduisons cette condition est que dans beaucoup de modèles que nous avons traités la matrice $\partial_y g(v, 0)$ exhibe la structure décrite dans (H_4).

Pour les familles de champs de vecteurs satisfaisant les conditions (H_1) – (H_4) nous avons le résultat de stabilité suivant

Théorème 3.5.1. *Soit $f(v, x)$ une famille de champs de vecteurs satisfaisant les conditions (H_1) – (H_4). Soit A_1, \dots, A_r les blocs diagonaux de $\partial_y g(v, 0)$ et soit q_i la dimension de A_i . Alors l'équilibre sans maladie $(0, \psi(v))$ de $f(v, x)$ est hyperbolique et localement asymptotiquement stable si et seulement si*

$$\bigwedge_{i=1}^r (-1)^{q_i} \det A_i > 0. \quad (3.5.1)$$

Démonstration. Du théorème 3.3.1 et l'hypothèse (H_3) nous déduisons que $(0, \psi(v))$ est hyperbolique et localement asymptotiquement stable si et seulement si $\partial_y g(v, 0)$ est une matrice stable. Le fait que $\partial_y g(v, 0)$ a une structure triangulaire de blocs implique que l'ensemble de ses valeurs propres est la réunion des ensembles des valeurs propres des blocs diagonaux A_i . Ainsi toutes les valeurs propres de $\partial_y g(v, 0)$ sont à partie réelle strictement négative si et seulement si c'est le cas pour chaque A_i . Maintenant en appliquant le théorème 2.4.7 aux matrices A_i et en tenant compte de l'hypothèse (H_4) nous obtenons la condition affirmée 3.5.1. \square

Comme conséquence directe nous obtenons le corollaire suivant.

Corollaire 3.5.1. *Soit $f(v, x)$ une famille de champs de vecteurs satisfaisant les conditions $(H_1) - (H_3)$ et supposons que le sous-espace sans maladie associé à $f(v, x)$ est de codimension 2. Alors l'équilibre $(0, \psi(v))$ est localement asymptotiquement stable si et seulement si les coefficients diagonaux de $\partial_y g(v, 0)$ sont strictement négatifs et $\det \partial_y g(v, 0) > 0$.*

Exemple 3.5.1. Considérons le modèle *SEIRS* donné dans l'exemple 3.1.1 et écrivons le sous la forme $\dot{x} = f(v, x)$ avec $x = (E, I, S, R)$. Suivant notre notation nous avons $y = (E, I)$, $z = (S, R)$ et $\psi(v) = (1, 0)$. Ainsi $g(v, y) = (\beta I - (\mu + \sigma)E, \sigma E - (\mu + \nu)I)$, $h(v, z) = (\mu + \gamma R - \mu S, -(\mu + \gamma)R)$ et

$$\partial_y g(v, 0) = \begin{bmatrix} -(\mu + \sigma) & \beta \\ \sigma & -(\mu + \nu) \end{bmatrix}.$$

On vérifie facilement que le modèle *SEIRS* satisfait les conditions $(H_1) - (H_4)$, et ainsi l'équilibre sans maladie est hyperbolique et localement asymptotiquement stable si et seulement si

$$\det(\partial_y g(v, 0)) = (\mu + \sigma)(\mu + \nu) - \sigma\beta > 0.$$

D'autre part le changement linéaire de coordonnées $S = S + 1$ transforme le champ de vecteurs $h(v, z)$ en un champ de vecteurs linéaire dont les valeurs propres sont $-\mu$ et $-(\mu + \gamma)$. En particulier, l'équilibre $(1, 0)$ de $h(v, z)$ est hyperbolique et globalement asymptotiquement stable. Maintenant considérons $\mathcal{U} = \{(E, I, S, R) \geq 0 \mid E + I + S + R = 1\}$. Alors \mathcal{U} est compact et positivement invariant par f . On a $(\beta IS - (\mu + \sigma)E, \sigma E - (\mu + \nu)I)^t \leq (\beta I - (\mu + \sigma)E, \sigma E - (\mu + \nu)I)^t$ car $S \leq 1$. Donc le modèle *SEIRS* satisfait la condition 3. du théorème 3.4.1 sur \mathcal{U} . Cela montre que l'équilibre sans maladie du modèle est globalement asymptotiquement stable dans \mathcal{U} si $B < 0$.

Chapitre 4

Analyse de quelques modèles épidémiologiques

Dans beaucoup de modèles épidémiologiques l'équilibre sans maladie est stable lorsqu'une quantité seuil, en l'occurrence le taux de reproduction de base, est inférieure à 1. Lorsque cette même quantité dépasse 1 l'équilibre sans maladie perd sa stabilité au profit d'un équilibre endémique. L'échange de stabilité se fait à travers une bifurcation transcritique. Dans la section 4.1 nous développons quelques outils qui nous permettent de gérer de manière semi-automatique ce phénomène bien connu. Nous analysons ensuite quelques modèles épidémiologiques, chacun dans une section à part, en utilisant ces outils ainsi que ceux développés au chapitre 3.

4.1 Échange de stabilité des équilibres

Étant donné un espace métrique (E, d) et un entier $n \geq 1$, on fait agir le groupe symétrique \mathcal{S}_n sur E^n par $\sigma.(x_1, \dots, x_n) = (x_{\sigma^{-1}(1)}, \dots, x_{\sigma^{-1}(n)})$. L'espace quotient $E^n // \mathcal{S}_n$ a alors une structure naturelle d'espace métrique où la distance est donnée par $d_{\mathcal{S}_n}(x, y) = \min_{\sigma} d(x, \sigma.y)$. Les éléments de $E^n // \mathcal{S}_n$ seront appelés les *multi-ensembles à n éléments de E* . Lorsque $E = \mathbb{C}$ et $x \in \mathbb{C}^n // \mathcal{S}_n$ on note $\Re(x) \in \mathbb{R}^n // \mathcal{S}_n$ le multi-ensemble à n éléments de \mathbb{R} qui consiste en les parties réelles des éléments x . Il est clair que l'application $x \in \mathbb{C}^n // \mathcal{S}_n \mapsto \Re(x) \in \mathbb{R}^n // \mathcal{S}_n$ est continue. Notons aussi que l'application qui consiste à prendre le minimum (resp. le maximum) d'un multi-ensemble à n éléments de $\mathbb{R}^n // \mathcal{S}_n$ est continue.

Lemme 4.1.1. *Soient $\mathcal{V} \subseteq \mathbb{R}^k$ et $a_0, \dots, a_{n-1} : \mathcal{V} \rightarrow \mathbb{R}$ des applications continues. Pour tout $v \in \mathcal{V}$ soit $\lambda(v)$ le multi-ensemble des racines complexes du polynôme $z^n + a_{n-1}z^{n-1}(v) + \dots + a_0(v)$. Alors l'application $v \in \mathcal{V} \mapsto \lambda(v) \in \mathbb{C}^n // \mathcal{S}_n$ est continue. En particulier, les applications $v \in \mathcal{V} \mapsto \min \Re(\lambda(v)) \in \mathbb{R}$ et $v \in \mathcal{V} \mapsto \max \Re(\lambda(v)) \in \mathbb{R}$ sont continues.*

Le théorème suivant constitue l'outil principal que nous utilisons pour étudier l'échange de stabilité entre l'équilibre sans maladie et les équilibres endémiques dans les modèles épidémiologiques.

Théorème 4.1.1. *Soient $f(v, x) : \mathcal{V} \times \mathcal{U} \rightarrow \mathbb{R}^n$ une famille différentiable de champs de vecteurs et \mathcal{U}_1 un sous-ensemble positivement invariant par la famille f . Supposons qu'il existe des applications différentiables $\psi_1, \psi_2 : \mathcal{V} \rightarrow \mathcal{U}$ et $b : \mathcal{V} \rightarrow \mathbb{R}$ qui satisfont les propriétés suivantes.*

1. *Pour tout $v \in \mathcal{V}$, $\psi_1(v)$ et $\psi_2(v)$ sont des équilibres du champ de vecteurs $f(v, x)$.*
2. *Pour tout $v \in \mathcal{V}$, l'équilibre $\psi_1(v)$ est asymptotiquement stable si $b(v) < 0$ et instable si $b(v) > 0$.*
3. *Pour tout $v \in \mathcal{V}$ et $i = 1, 2$ tels que $\psi_i(v)$ est non hyperbolique on a $b(v) = 0$ ou $\psi_i(v) \notin \mathcal{U}_1$.*
4. *Il existe une courbe différentiable $\ell(s) :]0, 1[\rightarrow \mathcal{V}$ et $s^* \in]0, 1[$ tels que $b(\ell(s)) < 0$ dans $]0, s^*[$ et $b(\ell(s)) > 0$ dans $]s^*, 1[$. En plus, la famille de champs de vecteurs $f(\ell(s), x)$ subit une bifurcation transcritique en $(s^*, \psi_1(\ell(s^*))) = (s^*, \psi_2(\ell(s^*)))$.*
5. *Les ouverts $\mathcal{V}_1 = \{u \in \mathcal{V} \mid b(u) < 0\}$ et $\mathcal{V}_2 = \{u \in \mathcal{V} \mid b(u) > 0\}$ de \mathcal{V} sont connexes.*

Alors pour tout $v \in \mathcal{V}$, l'équilibre $\psi_2(v)$ est asymptotiquement stable si $b(v) > 0$ et instable si $b(v) < 0$.

Démonstration. L'étape essentielle dans la preuve consiste à prouver l'existence de $v \in \mathcal{V}_2$ tel que $\psi_2(v)$ est asymptotiquement stable. Le fait que la stabilité ne change pas sur \mathcal{V}_2 est alors une conséquence de la connexité de \mathcal{V}_2 et de la continuité du multi-ensemble des valeurs propres de $\partial_x f(v, \psi_2(v))$.

Posons $x^* = \psi_1(\ell(s^*)) = \psi_2(\ell(s^*))$. D'après l'hypothèse 4. la famille à un paramètre $f(\ell(s), x)$ subit une bifurcation transcritique en (s^*, x^*) . Il existe donc $\varepsilon > 0$, un voisinage \mathcal{W} de x^* et des applications différentiables $\varphi_i :]s^* - \varepsilon, s^* + \varepsilon[\rightarrow \mathbb{R}^n$ et $\lambda_{i,1} :]s^* - \varepsilon, s^* + \varepsilon[\rightarrow \mathbb{R}$ qui satisfont les propriétés de la définition 2.1.3. Le fait que les $\psi_i(\ell(s))$ sont continues et $\psi_i(\ell(s^*)) = x^*$ entraîne, quit à rendre ε plus petit, que $\psi_i(\ell(s)) \in \mathcal{W}$ pour tout $s \in]s^* - \varepsilon, s^* + \varepsilon[$. Tenant compte de la propriété 2. de la définition 2.1.3 on peut alors supposer sans perte de généralité que $\varphi_i(s) = \psi_i(\ell(s))$.

Soit $\chi_i(v, z)$ le polynôme caractéristique de $\partial_x f(v, \psi_i(v))$. Alors les coefficients de $\chi_i(v, z)$ par rapport à z sont différentiables puisque c'est le cas de f ainsi que les ψ_i . D'autre part, puisque ℓ est supposée différentiable il en est de même pour les coefficients du polynôme $\chi_i(\ell(s), z)$. On a $\chi_i(\ell(s), \lambda_{i,1}(s)) = 0$, et donc on peut écrire $\chi_i(\ell(s), z) = (z - \lambda_{i,1}(s))\chi_i^*(s, z)$, où $\chi_i^*(s, z)$ est unitaire de degré $n - 1$ en z . Un simple calcul montre alors que les coefficients

de $\chi_i^*(s, z)$ s'expriment de façon polynomiale en fonction de $\lambda_{i,1}$ et de ceux de $\chi_i(\ell(s), z)$. Il en résulte que ces coefficients sont différentiables.

Soit $\lambda_i(s) \in \mathbb{C}^{n-1} // \mathcal{S}_n$ le multi-ensemble à $(n-1)$ éléments qui consiste en les racines complexes de $\chi_i^*(s, z)$. D'après le lemme 4.1.1 les applications $m_i : s \in]0, 1[\mapsto \max(\Re(\lambda_i(s))) \in \mathbb{R}$ sont continues. En plus, dans $]0, s^*[$ on a $b(\ell(s)) < 0$ d'après l'hypothèse 4., et donc $\psi_1(\ell(s))$ est asymptotiquement stable tenant compte de l'hypothèse 2. On a donc $\Re(\lambda_{1,1}) < 0$ et $m_1(s) < 0$ dans $]0, s^*[$. D'après l'hypothèse 4. la famille de champs de vecteurs $f(\ell(s), x)$ subit une bifurcation transcritique en (s^*, x^*) . En particulier, $0 = \lambda_{i,1}(s)$ est racine simple du polynôme $\chi_i(\ell(s^*), z)$ et elle est l'unique racine de partie réelle nulle. Ceci entraîne que $m_i(s^*) \neq 0$, et puisque m_1 est continue et $m_1(s) < 0$ dans $]0, s^*[$ on a $m_1(s^*) < 0$. D'autre part, on a $\psi_1(\ell(s^*)) = \psi_2(\ell(s^*)) = x^*$ et donc $m_2(s^*) = m_1(s^*) < 0$. La continuité des m_i entraîne que $m_i(s) < 0$ pour $s > s^*$ et $|s - s^*| < \delta$, où $\delta > 0$ est suffisamment petit. Pour $s \in]s^*, s^* + \delta[$ l'équilibre $\psi_1(\ell(s))$ est hyperbolique par l'hypothèse 3. et instable tenant compte des hypothèse 2. et 4. Il en résulte que le polynôme $\chi_1(\ell(s), z) = (z - \lambda_{1,1})\chi_1^*(s, z)$ a au moins une racine de partie réelle strictement positive. Le fait que $m_1(s) < 0$ entraîne que les racines de $\chi_1^*(s, z)$ sont de partie réelle strictement négative et par conséquent $\lambda_{1,1}(s) > 0$. Puisque $\lambda_{1,1}(s)\lambda_{2,1}(s) < 0$ on a $\lambda_{2,1}(s) < 0$. Puisqu'en plus $m_2(s) < 0$, l'équilibre $\psi_2(\ell(s))$ est asymptotiquement stable.

Soit $\mu_i(v)$ le multi-ensemble à n éléments des racines complexes du polynôme $\chi_i(v, z)$. Alors l'application $n_i : v \in \mathcal{V}_2 \mapsto \max(\Re(\mu_i(v))) \in \mathbb{R}$ est continue. En plus, par l'hypothèse 3., tout équilibre $\psi_2(v)$, avec $v \in \mathcal{V}_2$, est hyperbolique et donc $n_2(v) \neq 0$. D'autre part, pour $s \in]s^*, s^* + \delta[$ on a $\ell(s) \in \mathcal{V}_2$ et $\psi_2(\ell(s))$ est asymptotiquement stable, ce qui donne $n_2(\ell(s)) < 0$. Le fait que \mathcal{V}_2 est supposé connexe montre alors que $n_2(v) < 0$ sur \mathcal{V}_2 . On a donc montré que sur \mathcal{V}_2 l'équilibre $\psi_2(v)$ est asymptotiquement stable. En utilisant la même technique on montre aussi que $\psi_2(v)$ est instable sur \mathcal{V}_1 . \square

Le résultat simple suivant montre comment on peut vérifier l'hypothèse 5. du théorème 4.1.1.

Proposition 4.1.1. *Soient $\mathcal{C} \subseteq \mathbb{R}^k$ un connexe et $a_1(v), a_2(v) : \mathcal{C} \rightarrow \mathbb{R}$ des applications continues telles que $a_i(v) > 0$ pour tout $v \in \mathcal{C}$ et soit $b(v, s) = a_1(v)s - a_2(v)$. Alors les ensembles $\mathcal{C}_1 = \{(v, s) \in \mathcal{C} \times \mathbb{R}_+ \mid b(v, s) > 0\}$ et $\mathcal{C}_2 = \{(v, s) \in \mathcal{C} \times \mathbb{R}_+ \mid b(v, s) < 0\}$ sont connexes.*

Démonstration. L'homéomorphisme $(v, s) \in \mathcal{C} \times \mathbb{R} \mapsto (v, s - a_1(v)^{-1}a_2(v)) \in \mathcal{C} \times \mathbb{R}$ envoie \mathcal{C}_1 sur $\mathcal{C} \times \mathbb{R}_+$, et donc \mathcal{C}_1 est connexe. D'autre part, si $a = a_2^{-1}a_1$ alors l'homéomorphisme $(v, s) \in \mathcal{C} \times \mathbb{R} \mapsto (v, a(v)s) \in \mathcal{C} \times \mathbb{R}$ envoie \mathcal{C}_2 sur $\mathcal{C} \times]0, 1[$. Ceci prouve que \mathcal{C}_2 est connexe. \square

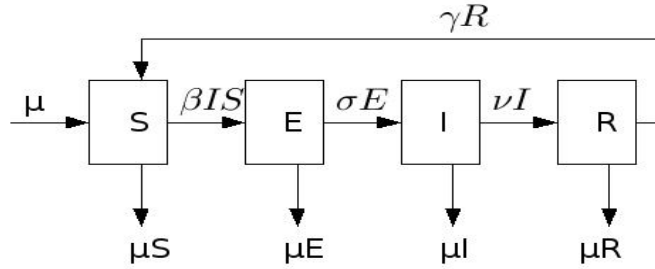


FIG. 4.2.1 – Diagramme de transfert du modèle *SEIRS*

4.2 Un modèle de type *SEIRS*

Le modèle que nous étudions dans cette section est de type *SEIRS*. Son diagramme de transfert est donné par la figure 4.2.1. En termes analytiques, il est donné par le système différentiel

$$\begin{aligned}
 \dot{S} &= \mu + \gamma R - \mu S - \beta IS \\
 \dot{E} &= \beta IS - (\mu + \sigma)E \\
 \dot{I} &= \sigma E - (\nu + \mu)I \\
 \dot{R} &= \nu I - (\mu + \gamma)R
 \end{aligned}
 \tag{4.2.1}$$

S : groupe des susceptibles

E : groupe des exposés

I : groupe des infectieux

R : groupe des immunisés

β : paramètre de transmission

μ : taux de natalité = taux de mortalité

σ : taux de passage d'exposés aux infectieux

γ : taux de perte d'immunité

ν : taux de perte d'infectiosité

Pour simplifier notons par $f(v, x)$ la famille de champs de vecteurs associée à ce modèle, avec $v = (\beta, \mu, \sigma, \gamma, \nu)$ et $x = (E, I, S, R)$, et remarquons que les composantes de f sont dans $\mathbb{Q}[u, x]$. Comme le taux de natalité est supposé égal au taux de mortalité, la taille de la population $S + E + I + R$ est constante et en normalisant on peut supposer que $S + E + I + R = 1$. Il est facile de vérifier que $\dot{S} + \dot{E} + \dot{I} + \dot{R} = 0$, et donc l'hypersurface $S + E + I + R = 1$ est invariante par la famille $f(v, x)$.

Il est facile de vérifier par le critère (3.3.1) que le cône positif \mathbb{R}_+^4 est positivement invariant par la famille $f(v, x)$. Il en résulte que le compact

$\Omega = \{E, I, S, R \geq 0, S + E + I + R = 1\}$ est positivement invariant par $f(v, x)$. Dans tout la suite nous étudierons la dynamique de $f(v, x)$ dans le compact Ω .

Le sous-espace sans maladie du modèle est donné par $E = I = 0$, et il est facile de vérifier par le critère (3.3.2) qu'il est invariant par la famille $f(v, x)$.

4.2.1 Détermination des équilibres

Les équilibres du modèle sont donnés par le système polynomial

$$\begin{aligned}\mu + \gamma R - \mu S - \beta IS &= 0 \\ \beta IS - (\mu + \sigma)E &= 0 \\ \sigma E - (\nu + \mu)I &= 0 \\ \nu I - (\mu + \gamma)R &= 0\end{aligned}\tag{4.2.2}$$

Comme expliqué dans la section 3.1, nous commençons par regarder ce système dans $\mathbb{Q}(\beta, \mu, \sigma, \gamma, \nu)[S, E, I, R]$. Le calcul d'une base de Groebner du système pour l'ordre lexicographique $S \prec E \prec I \prec R$ donne le système

$$\begin{aligned}K_S &= (S - 1)(\sigma\beta S - \mu^2 - \mu\nu - \sigma\mu - \sigma\nu) \\ K_E &= (\mu^2 + \mu\nu + \sigma\mu + \sigma\nu + \mu\gamma + \gamma\nu + \sigma\gamma)E \\ &\quad + (\mu^2 + \mu\nu + \mu\gamma + \gamma\nu)(S - 1) \\ K_I &= (\mu^2 + \mu\nu + \sigma\mu + \sigma\nu + \mu\gamma + \gamma\nu + \sigma\gamma)I \\ &\quad + (\sigma\mu + \sigma\gamma)(S - 1) \\ K_R &= (\mu^2 + \mu\nu + \sigma\mu + \sigma\nu + \mu\gamma + \gamma\nu + \sigma\gamma)R + \sigma\nu(S - 1)\end{aligned}$$

Le plus petit multiple commun des coefficients de tête des polynômes K_i est $q = \sigma\beta(\mu^2 + \mu\nu + \sigma\mu + \sigma\nu + \mu\gamma + \gamma\nu + \sigma\gamma)$. Puisque les paramètres sont supposés strictement positifs il en est de même pour q et en particulier il ne s'annule jamais. Il en résulte donc d'après la proposition 3.1.1 que les deux systèmes ont les mêmes solutions.

Le système donné par la base de Groebner est particulièrement facile à résoudre. Il a en effet deux solutions, à savoir l'équilibre sans maladie $x_s = (0, 0, 1, 0)$ et un autre équilibre $x_e = (e_e, i_e, s_e, r_e)$ donné par

$$\begin{aligned}e_e &= \frac{(\mu+\nu)(\mu+\gamma)B}{(\mu^2+\mu\nu+\sigma\mu+\sigma\nu+\mu\gamma+\gamma\nu+\sigma\gamma)\sigma\beta}, \\ i_e &= \frac{(\mu+\gamma)B}{(\mu^2+\mu\nu+\sigma\mu+\sigma\nu+\mu\gamma+\gamma\nu+\sigma\gamma)\beta}, \\ s_e &= \frac{(\mu+\nu)(\mu+\sigma)}{\sigma\beta}, \\ r_e &= \frac{\nu B}{(\mu^2+\mu\nu+\sigma\mu+\sigma\nu+\mu\gamma+\gamma\nu+\sigma\gamma)\beta},\end{aligned}$$

où B est donné par

$$B = \sigma\beta - (\mu + \nu)(\mu + \sigma).\tag{4.2.3}$$

D'après l'expression des coordonnées de x_e , il est clair que cet équilibre est dans le compact Ω , c'est à dire épidémiologiquement significatif, si et seulement si $B \geq 0$. En d'autres termes, le modèle a un équilibre endémique si et seulement si $B > 0$, et lorsque $B = 0$ les deux équilibres coïncident.

4.2.2 Stabilité de l'équilibre sans maladie

En utilisant les notations de la section 3.3 on a $x = y, z, y = (E, I), z = (S, R), \psi(v) = (1, 0), g(v, y) = (\beta I - (\mu + \sigma)E, \sigma E - (\mu + \nu)I)$ et $h(v, z) = (\mu + \gamma R - \mu S, -(\mu + \gamma)R)$. On a alors

$$\partial_y g(v, 0) = \begin{bmatrix} -(\mu + \sigma) & \beta \\ \sigma & -(\mu + \nu) \end{bmatrix}.$$

On a déjà vérifié les hypothèses (H_1) et (H_2) . En plus, le changement linéaire de coordonnées $S = S + 1$ transforme la famille de champs de vecteurs $h(v, z)$ en une famille de champs de vecteurs linéaires dont les valeurs propres sont $-\mu$ et $-(\mu + \gamma)$. En particulier, l'équilibre $(1, 0)$ de $h(\mu, z)$ est hyperbolique et globalement asymptotiquement stable, et donc le modèle vérifie l'hypothèse (H_3) . D'autre part, il est clair que le modèle vérifie l'hypothèse (H_4) . En utilisant le théorème 3.5.1 l'équilibre sans maladie est hyperbolique et localement asymptotiquement stable si et seulement si $\det \partial_y g(v, 0) = (\mu + \sigma)(\mu + \nu) - \sigma\beta > 0$, c'est-à-dire $B < 0$.

On a $(\beta IS - (\mu + \sigma)E, \sigma E - (\mu + \nu)I) \leq (\beta I - (\mu + \sigma)E, \sigma E - (\mu + \nu)I)$ car $S \leq 1$. Donc le modèle $SEIRS$ satisfait la condition 3. du théorème 3.4.1 sur Ω . Cela montre que l'équilibre sans maladie du modèle est hyperbolique et globalement asymptotiquement stable dans Ω si $B < 0$.

Lorsque $B = 0$ l'équilibre sans maladie x_s n'est pas hyperbolique, mais le système possède une fonction de Lyapunov dans Ω , à savoir $\sigma E + (\mu + \sigma)I$, qui assure la stabilité globale de x_s dans Ω .

4.2.3 Bifurcation et stabilité de l'équilibre endémique

Pour étudier les bifurcations locales de la famille $f(v, x)$ nous fixons tous les paramètres à l'exception de β et nous cherchons les valeurs de β pour lesquelles l'un des équilibres x_s ou x_e est non hyperbolique.

Commençons d'abord par l'équilibre sans maladie x_s . Le polynôme caractéristique de $\partial_x f(v, x_s)$ s'écrit sous-forme factorisée

$$\chi(v, Z) = (Z + \mu)(Z + \mu + \gamma)(Z^2 + (2\mu + \sigma + \nu)Z - B).$$

Comme $\mu, \mu + \gamma, 2\mu + \sigma + \nu > 0$ la seule possibilité pour $\partial f(v, x_s)$ d'avoir des valeurs propres de partie réelle nulle est que $B = 0$. Cela arrive exactement en la valeur $\beta_0 = \frac{(\mu + \sigma)(\mu + \nu)}{\sigma}$ du paramètre β , et dans ce cas $\partial f(v, x_s)$ possède 0 comme unique valeur propre de partie réelle nulle et $x_s = x_e$. Cette valeur propre est simple et a pour vecteurs propres à droite et à gauche

$$V_d = \begin{bmatrix} -\frac{\beta_0}{\mu} \\ \frac{\mu+\nu}{\sigma} \\ 1 \\ \frac{\nu}{\mu+\gamma} \end{bmatrix}, \quad V_g = \begin{bmatrix} 0 \\ \frac{\mu+\nu}{\beta_0} \\ 1 \\ 0 \end{bmatrix}.$$

Nous vérifions les calculs qui suivent les hypothèses du théorème 2.1.2 pour (β_0, x_s) . On a

$$\partial_\beta f(\beta_0, x_s) = \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \text{ et donc } {}^t V_g \partial_\beta f(\beta_0, x_s) = 0,$$

$$\partial_x \partial_\beta f(\beta_0, x_s) = \begin{bmatrix} 0 & 0 & -1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} \text{ et donc } {}^t V_g \partial_x \partial_\beta f(\beta_0, x_s) V_d = \frac{\mu + \nu}{\beta_0} \neq 0,$$

$$\partial_x^2 f_1(\beta_0, x_s) = -\partial_x^2 f_2(\beta_0, x_s) = \begin{bmatrix} 0 & 0 & -\beta_0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ -\beta_0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

$$\text{et } \partial_x^2 f_3(\beta_0, x_s) = \partial_x^2 f_4(\beta_0, x_s) = 0$$

ce qui donne

$${}^t V_g \partial_x^2 f(\beta_0, x_s)(V_d, V_d) = \frac{-2\beta_0(\mu + \nu)}{\mu} \neq 0.$$

Les hypothèses du théorème 2.1.2 sont donc vérifiées. En plus, à part la valeur propre nulle toutes les autres valeurs propres sont négatives. Il en résulte que la famille $f(v, x)$ subit une bifurcation transcritique en (β_0, x_s) avec changement de stabilité de x_s . Comme x_s est stable pour $\beta < \beta_0$, c'est-à-dire $B < 0$, il est instable pour $\beta > \beta_0$, c'est-à-dire $B > 0$.

Nous traitons maintenant le cas de l'équilibre endémique x_e . Rappelons d'abord que cet équilibre se trouve dans la région Ω si et seulement si $B > 0$. Comme nous sommes intéressés uniquement par le comportement de $f(v, x)$ dans Ω on peut supposer que $B > 0$.

Le polynome caractéristique $\chi(v, x, Z)$ de $\partial_x f(v, x)$ s'écrit sous-forme factorisée

$$\chi(v, x, Z) = (Z + \mu)(Z^3 + c_2(v, x)Z^2 + c_1(v, x)Z + c_0(v, x)).$$

En substituant s_e à S et i_e à I dans c_0 on obtient l'expression

$$i_e \beta (\mu^2 + \mu \nu + \mu \sigma + \sigma \nu + \gamma \mu + \gamma \nu + \gamma \sigma)$$

qui est strictement positive du fait que $i_e > 0$. Il en résulte donc que la famille $\partial_x f(v, x_e)$ n'a pas de valeur propre nulle lorsque $B > 0$. D'autre part, si on écrit $Z^3 + c_2(v, x)Z^2 + c_1(v, x)Z + c_0(v, x)$ sous la forme $\chi_1(Z^2) + Z\chi_2(Z)$ alors le résultant de $\chi_1(Z)$ et $\chi_2(Z)$ par rapport à Z est $r(v, x) = c_1 c_2 - c_0$. En substituant s_e à S dans $r(v, x)$ on obtient l'expression

$$\begin{aligned} & \beta^2 \nu I^2 + \beta^2 \gamma I^2 + 2 \beta^2 \mu I^2 + \beta^2 \sigma I^2 + 7 \beta \mu^2 I + \beta \sigma \nu I + 2 \beta \gamma \sigma I \\ & + \beta \gamma^2 I + 6 \beta \gamma \mu I + \beta \sigma^2 I + 5 \beta \mu \nu I + 5 \beta \mu \sigma I + \beta \nu^2 I + 2 \beta \gamma \nu I \\ & + \mu \sigma^2 + \gamma^2 \sigma + 2 \mu \sigma \nu + \nu^2 \mu + 6 \mu^3 + 6 \mu \sigma \gamma + 5 \mu^2 \sigma + 5 \mu^2 \nu + \gamma \sigma^2 + \nu^2 \gamma \\ & + 2 \gamma^2 \mu + \gamma^2 \nu + 6 \mu \nu \gamma + 2 \sigma \nu \gamma + 8 \mu^2 \gamma \end{aligned}$$

qui est clairement strictement positive lorsque $I \geq 0$. Comme $i_e > 0$ cette expression évaluée en i_e reste strictement positive, et donc non nulle. Il en résulte alors que $\partial_x f(v, x_e)$ ne peut pas avoir de valeur propre à partie réelle nulle.

En somme, nous avons montré que si la famille $f(v, x)$ subit une bifurcation en l'un des ses deux équilibres alors $B(v) = 0$, c'est-à-dire que l'hypothèse \mathfrak{B} du théorème 4.1.1 est vérifiée pour $f(v, x)$. Il en résulte que x_e est asymptotiquement stable pour $B > 0$.

Proposition 4.2.1. *Soit $B = \sigma \beta - (\mu + \sigma)(\mu + \nu)$. Alors selon le signe de B on a l'un des cas suivants.*

1. *Si $B \leq 0$ alors l'équilibre sans maladie x_s est globalement asymptotiquement stable dans Ω .*
2. *Si $B > 0$ alors x_s est instable et x_e est localement asymptotiquement stable.*
3. *Si $B = 0$ alors il y a échange de stabilité entre x_s et x_e via une bifurcation transcritique.*

La figure 4.2.2 représente le diagramme de bifurcation du modèle pour des valeurs particulières de μ, ν, σ et γ .

4.3 Un modèle de type *SEIT*

Le modèle *SEIT* [56] est un simple modèle de traitement pour la tuberculose. La population est divisée en 4 compartiments, à savoir les susceptibles

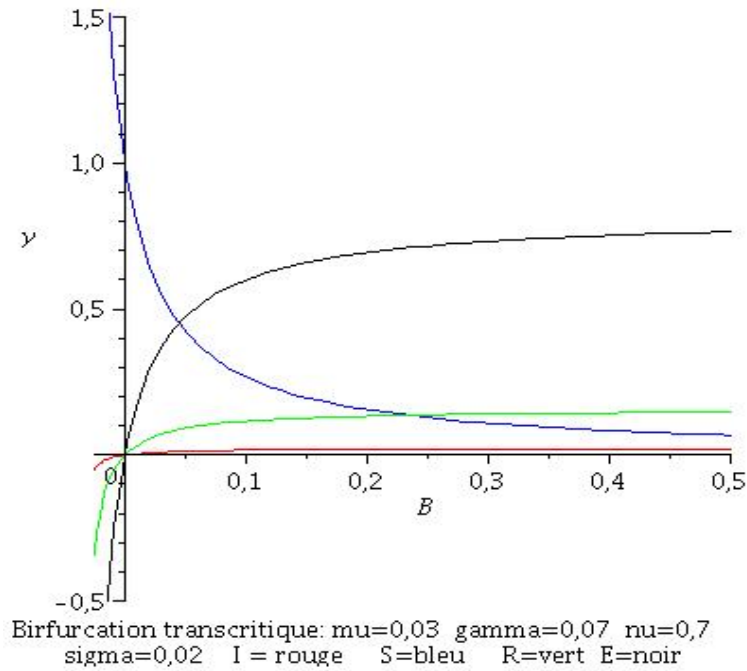


FIG. 4.2.2 – Bifurcation transcritique

(S), les exposés (E), les infectieux (I) et les traités (T). Tous les nouveaux nés sont supposés être susceptibles. Les susceptibles et les traités deviennent exposés aux taux $\beta_1 I$ et $\beta_2 I$ respectivement, avec $\beta_2 < \beta_1$. Les exposés progressent au stade des infectieux au taux ν . Le taux de traitement pour les exposés est r_1 . Pour les infectieux le taux de traitement est r_2 , mais le traitement réussit seulement pour une fraction q . Les infectieux dont le traitement n'a pas réussi retournent dans le compartiment des exposés. Le diagramme de transfert du modèle est donné par la figure 4.3.1.

Le modèle est représenté par le système d'équations différentielles ordinaires suivant.

$$\begin{aligned}
 \dot{S} &= d - dS - \beta_1 IS \\
 \dot{E} &= \beta_1 IS + \beta_2 IT - (d + \nu + r_1)E + (1 - q)r_2 I \\
 \dot{I} &= \nu E - (d + r_2)I \\
 \dot{T} &= r_1 E + qr_2 I - \beta_2 IT - dT
 \end{aligned} \tag{4.3.1}$$

avec

S : groupe des susceptibles.

E : groupe des exposés.

I : groupe des infectieux.

T : groupe des personnes sous traitement.

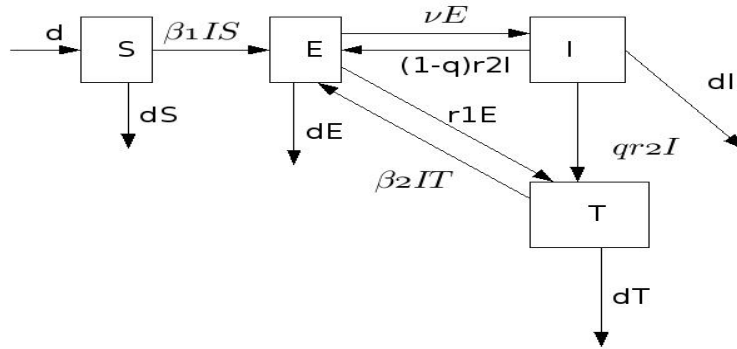


FIG. 4.3.1 – Diagramme de transfert du modèle *SEIT*.

β_1 : paramètre de transmission pour les susceptibles.

β_2 : paramètre de transmission pour ceux qui sont sous traitement $\beta_1 > \beta_2$.

d : taux de natalité = taux de mortalité.

ν : taux de passage d'exposés aux infectieux.

r_1 : taux de traitement pour les exposés.

r_2 : taux de traitement pour les infectieux.

q : fraction d'infectieux traités avec succès.

Pour simplifier notons par $f(v, x)$ la famille de champs de vecteurs associée à ce modèle, avec $v = (\beta_1, \beta_2, d, \nu, r_1, r_2, q)$ et $x = (E, I, S, T)$, et remarquons que les composantes de f sont dans $\mathbb{Q}[u, x]$. Comme le taux de natalité est supposé égal au taux de mortalité, la taille de la population $S + E + I + T$ est constante et en normalisant on peut supposer que $S + E + I + T = 1$. Il est facile de vérifier que $\dot{S} + \dot{E} + \dot{I} + \dot{T} = 0$, et donc l'hypersurface $S + E + I + T = 1$ est invariante par la famille $f(v, x)$.

Il est facile de vérifier par le critère (3.3.1) que le cône positif \mathbb{R}_+^4 est positivement invariant par la famille $f(v, x)$. Il en résulte que le compact $\Omega = \{E, I, S, T \geq 0, S + E + I + T = 1\}$ est positivement invariant par $f(v, x)$. Dans tout la suite nous étudierons la dynamique de $f(v, x)$ dans le compact Ω .

Le sous-espace sans maladie du modèle est donné par $E = I = 0$, et il est facile de vérifier par le critère (3.3.2) qu'il est invariant par la famille $f(v, x)$.

4.3.1 Détermination des équilibres

Les équilibres du modèle sont donnés par le système polynomial

$$\begin{aligned}
d - dS - \beta_1 IS &= 0 \\
\beta_1 IS + \beta_2 IT - (d + \nu + r_1)E + (1 - q)r_2 I &= 0 \\
\nu E - (d + r_2)I &= 0 \\
r_1 E + qr_2 I - \beta_2 IT - dT &= 0
\end{aligned} \tag{4.3.2}$$

Comme expliqué dans la section 3.1, nous commençons par regarder ce système dans $\mathbb{Q}(\beta_1, \beta_2, d, \nu, r_1, r_2, q)[S, E, I, T]$. Le calcul d'une base de Groebner du système pour l'ordre lexicographique $S \prec E \prec I \prec T$ donne le système

$$\begin{aligned}
K_S &= (S - 1)(\beta_1^2 S^2 \nu - \beta_1 S^2 \nu \beta_2 + \beta_2 r_2 d S - S \beta_1 d^2 + \beta_2 d^2 S + \nu \beta_2 d S \\
&\quad + \beta_1 \beta_2 \nu S - S \beta_1 d r_2 - \beta_1 \nu d S - S \beta_1 r_1 d - S \beta_1 r_1 r_2 - S \beta_1 \nu q r_2 \\
&\quad - \beta_2 d^2 - \nu \beta_2 d - \beta_2 r_2 d), \\
K_E &= \beta_1 \beta_2 \nu (d + r_2 + \nu) E + (d + r_2)(S - 1)(\beta_1^2 \nu S + \beta_2(d^2 + r_2 d \\
&\quad + \nu d) + \beta_1(\beta_2 \nu - \beta_2 \nu S - r_1 d - \nu d - d^2 - d r_2 - r_1 r_2 - \nu q r_2)), \\
K_I &= \beta_1 \beta_2 (d + r_2 + \nu) I + (S - 1)(\beta_1^2 \nu S + \beta_2(d^2 + r_2 d + \nu d) \\
&\quad + \beta_1(\beta_2 \nu - \beta_2 \nu S - r_1 d - \nu d - d^2 - d r_2 - r_1 r_2 - \nu q r_2)), \\
K_T &= \beta_1 \beta_2 \nu T + (1 - S)(\beta_2(\nu d + r_2 d + d^2) + \beta_1(\beta_1 \nu S - \beta_2 \nu S \\
&\quad - d r_2 - d^2 - \nu d - \nu q r_2 - r_1 d - r_1 r_2)).
\end{aligned}$$

Le plus petit multiple commun des coefficients de tête des polynômes K_i est $m = \nu \beta_1 \beta_2 (\beta_1 - \beta_2)(d + \nu + r_2)$. Puisque les paramètres sont supposés strictement positifs et $\beta_2 < \beta_1$, il en est de même pour m et en particulier il ne s'annule jamais. Il en résulte donc d'après la proposition 3.1.1 que les deux systèmes ont les mêmes solutions.

Le système donné par la base de Groebner est particulièrement facile à résoudre. On a $K_S = 0 \iff S = 1$ ou $P_1 = 0$ avec

$$P_1 = c_2 S^2 + c_1 S + c_0$$

où $c_2 = \nu \beta_1 (\beta_1 - \beta_2)$, $c_1 = -\beta_1 \nu q r_2 + \beta_2 r_2 d - \beta_1 r_1 d - \beta_1 r_2 d - \beta_1 r_1 r_2 + \beta_1 \beta_2 \nu + \nu \beta_2 d - \nu \beta_1 d - \beta_1 d^2 + \beta_2 d^2$ et $c_0 = -\beta_2(d^2 + \nu d + r_2 d)$. On a $c_0 c_2 < 0$ et donc l'équation $P_1 = 0$ a une racine strictement positive et une racine strictement négative. Comme $c_2 > 0$ la racine strictement positive est comprise entre 0 et 1 si et seulement si $P_1(1) > 0$, soit $B > 0$ avec

$$B = \beta_1 \nu - \nu q r_2 - \nu d - r_2 d - r_1 r_2 - r_1 d - d^2. \tag{4.3.3}$$

Le système a donc une seule solution, à savoir l'équilibre sans maladie $x_s = (0, 0, 1, 0)$, lorsque $B < 0$ et une autre solution $x_e = (e_e, i_e, s_e, t_e)$, avec

$s_e > 0$, lorsque $B \geq 0$. Les composantes de x_e sont données par

$$\begin{aligned} e_e &= -\frac{(d+r_2)(-\nu\beta_2+r_1r_2+\beta_2\nu s_e-s_e\beta_1\nu+d\nu+d^2+\nu qr_2+dr_2+dr_1)}{\nu\beta_2(d+r_2+\nu)}, \\ i_e &= -\frac{-\nu\beta_2+r_1r_2+\beta_2\nu s_e-s_e\beta_1\nu+d\nu+d^2+\nu qr_2+dr_2+dr_1}{\beta_2(d+r_2+\nu)}, \\ s_e &= \frac{-c_1+\sqrt{c_1^2-4c_2c_0}}{2c_2}, \\ t_e &= \frac{d^2+dr_2+dr_1+d\nu+r_1r_2-s_e\beta_1\nu+\nu qr_2}{\nu\beta_2}. \end{aligned}$$

Il est facile de vérifier que l'équilibre x_e est dans le compact Ω , c'est à dire épidémiologiquement significatif, si et seulement si $B \geq 0$. En d'autres termes, le modèle a un équilibre endémique si et seulement si $B > 0$, et lorsque $B = 0$ les deux équilibres coïncident.

4.3.2 Stabilité de l'équilibre sans maladie

En utilisant les notations de la section 3.3 on a $x = y, z, y = (E, I)$, $z = (S, T)$, $\psi(v) = (1, 0)$, $g(v, y) = -(d + \nu + r_1)E + (\beta_1 + (1 - q)r_2)I, \nu E - (d + r_2)I$ et $h(v, z) = (d - dS, -dT)$. On a alors

$$\partial_y g(v, 0) = \begin{bmatrix} -(d + \nu + r_1) & \beta_1 + (1 - q)r_2 \\ \nu & -(d + r_2) \end{bmatrix}.$$

On a déjà vérifié les hypothèses (H_1) et (H_2) . En plus, le changement de coordonnées $z \rightarrow z + 1$ transforme la famille de champs de vecteurs $h(v, z)$ en une famille de champs de vecteurs linéaires $-dI_2.z$ où I_2 est la matrice identité de dimension 2. En particulier, l'équilibre $(1, 0)$ de $h(v, z)$ est hyperbolique et globalement asymptotiquement stable, et donc le modèle vérifie l'hypothèse (H_3) . D'autre part, il est clair que le modèle vérifie l'hypothèse (H_4) . En utilisant le théorème 3.5.1 l'équilibre sans maladie est hyperbolique et localement asymptotiquement stable si et seulement si $\det \partial_y g(v, 0) = \beta_1\nu - \nu qr_2 - \nu d - r_2d - r_1r_2 - r_1d - d^2 < 0$, c'est-à-dire $B < 0$.

On a $(\beta_1IS + \beta_2IT - (d + \nu + r_1)E + (1 - q)r_2I, \nu E - (d + r_2)I) \leq (-(d + \nu + r_1)E + (\beta_1 + (1 - q)r_2)I, \nu E - (d + r_2)I)$ car $S \leq 1$ car $S + T \leq 1$ et $\beta_2 < \beta_1$. Donc le modèle $SEIT$ satisfait la condition 3. du théorème 3.4.1 sur Ω . Cela montre que l'équilibre sans maladie du modèle est hyperbolique et globalement asymptotiquement stable dans Ω si $B < 0$.

Lorsque $B = 0$ l'équilibre sans maladie x_s n'est pas hyperbolique, mais le système possède une fonction de Lyapunov dans Ω , à savoir $\nu E + (d + \nu + r_1)I$, qui assure la stabilité globale de x_s dans Ω .

4.3.3 Bifurcation et stabilité de l'équilibre endémique

Pour étudier les bifurcations locales de la famille $f(v, x)$ nous fixons tous les paramètres à l'exception de β_1 et nous cherchons les valeurs de β_1 pour lesquelles l'un des équilibres x_s ou x_e est non hyperbolique.

Commençons d'abord par l'équilibre sans maladie x_s . Le polynôme caractéristique de $\partial_x f(v, x_s)$ s'écrit sous-forme factorisée

$$\chi(v, x, Z)_p = (Z + d)^2(Z^2 + (r_1 + 2d + \nu + r_2)Z - B).$$

Comme $d, r_1 + 2d + \nu + r_2 > 0$ la seule possibilité pour $\partial_x f(v, x_s)$ d'avoir des valeurs propres de partie réelle nulle est que $B = 0$. Cela arrive exactement en la valeur $\beta_0 = \frac{r_1 d + r_1 r_2 + \nu d + d^2 + \nu q r_2 + r_2 d}{\nu}$ du paramètre β_1 , et dans ce cas $\partial_x f(v, x_s)$ possède 0 comme unique valeur propre de partie réelle nulle et $x_s = x_e$. Cette valeur propre est simple et a pour vecteurs propres à droite et à gauche

$$V_d = \begin{bmatrix} \frac{\beta_0}{d} \\ \frac{d+r_2}{\nu} \\ 1 \\ \frac{r_1(d+r_2)+\nu q r_2}{\nu d} \end{bmatrix} \quad \text{et} \quad V_g = \begin{bmatrix} 0 \\ \frac{\nu}{d+\nu+r_1} \\ 1 \\ 0 \end{bmatrix}.$$

Nous vérifions dans les calculs qui suivent les hypothèses du théorème 2.1.2 pour (β_0, x_s) .

$$\partial_{\beta_1} f(x_s, \beta_0) = \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad \text{et donc} \quad V_g^T \partial_{\beta_1} f(x_s, \beta_0) = 0,$$

$$\partial_x \partial_{\beta_1} f(x_s, \beta_0) = \begin{bmatrix} 0 & 0 & -1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

$$\text{et donc} \quad V_g^T \partial_x \partial_{\beta_1} f(x_s, \beta_0) V_d = \frac{\nu}{\nu + d + r_1} \neq 0,$$

$$\partial_x^2 f_1(x_s, \beta_0) = \begin{bmatrix} 0 & 0 & -\beta_0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ -\beta_0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}, \quad \partial_x^2 f_2(x_s, \beta_0) = \begin{bmatrix} 0 & 0 & \beta_0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ \beta_0 & 0 & 0 & \beta_2 \\ 0 & 0 & \beta_2 & 0 \end{bmatrix},$$

$$\partial_x^2 f_4(x_s, \beta_0) = \begin{bmatrix} 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & -\beta_2 \\ 0 & 0 & -\beta_2 & 0 \end{bmatrix}, \quad \partial_x^2 f_3(x_s, \beta_0) = 0$$

ce qui donne

$$V_g^T \partial_x^2 f(x_s, \beta_0)(V_d, V_d) = 2 \left(\frac{\beta_0^2}{d} + \beta_2 \frac{r_1(d+r_2) + \nu q r_2}{\nu d} \right) \frac{\nu}{d + \nu + r_1} \neq 0.$$

Les hypothèses du théorème 2.1.2 sont donc vérifiées. En plus, à part la valeur propre nulle toutes les autres valeurs propres sont négatives. Il en résulte que la famille $f(v, x)$ subit une bifurcation transcritique en (β_0, x_s) avec changement de stabilité de x_s . Comme x_s est stable pour $\beta_1 < \beta_0$, c'est-à-dire $B < 0$, il est instable pour $\beta_1 > \beta_0$, c'est-à-dire $B > 0$.

Nous traitons maintenant la cas de l'équilibre endémique x_e . Rappelons d'abord que cet équilibre se trouve dans la région Ω si et seulement si $B > 0$. Comme nous sommes intéressés uniquement par le comportement de $f(v, x)$ dans Ω on peut supposer que $B > 0$.

Le polynôme caractéristique $\chi(v, x, Z)$ de $\partial_x f(v, x)$ s'écrit sous-forme factorisée

$$\chi(v, x, Z) = (Z + d)(Z^3 + c_2(v, x)Z^2 + c_1(v, x)Z + c_0(v, x)).$$

En substituant s_e à S et i_e à I dans c_0 on obtient l'expression

$$i_e (\beta_1 \beta_2 (d + r_2 + \nu) i_e + (\beta_1 - \beta_2) \beta_1 \nu s_e + \beta_2 d (r_2 + d + \nu)),$$

qui est strictement positive du fait que $i_e > 0$ et $s_e > 0$. Il en résulte donc que la famille $\partial_x f(v, x_e)$ n'a pas de valeur propre nulle lorsque $B > 0$. D'autre part, si on écrit $Z^3 + c_2(v, x)Z^2 + c_1(v, x)Z + c_0(v, x)$ sous la forme $\chi_1(Z^2) + Z\chi_2(Z^2)$ alors le résultant de $\chi_1(Z)$ et $\chi_2(Z)$ par rapport à Z est $r(v, x) = c_1 c_2 - c_0$. En substituant s_e à S et t_e à T dans $r(v, x)$ on obtient l'expression

$$\begin{aligned} & (\beta_1^2 \beta_2 + \beta_2^2 \beta_1) I^3 + (2 \beta_1 \beta_2 \nu + 6 \beta_1 \beta_2 d + 2 \beta_2 \beta_1 r_1 + 2 \beta_1 \beta_2 r_2 \\ & + \beta_2^2 r_2 + \beta_2^2 \nu + 2 \beta_2^2 d + 2 \beta_1^2 d + \beta_1^2 r_2 + \beta_1^2 r_1 + \beta_1^2 \nu) I^2 \\ & + (5 \beta_1 d r_2 + 7 \beta_1 d^2 + \beta_1 \nu r_2 (2 - q) + \beta_2 \nu q r_2 + r_1 \nu \beta_2 + 2 \beta_1 r_1 \nu \\ & + \beta_1 r_1 r_2 + \beta_2 r_2^2 + 5 \beta_1 \nu d + 5 \beta_1 r_1 d + \beta_1 \nu^2 + 2 r_2 \nu \beta_2 + 8 \beta_2 d^2 \\ & + \nu^2 \beta_2 + 6 \beta_2 r_2 d + \beta_1 r_1^2 + 4 r_1 d \beta_2 + 2 r_1 \beta_2 r_2 + 6 \nu \beta_2 d \\ & + (\beta_1 - \beta_2) \nu \beta_2 t_e + \beta_1 r_2^2) I + 2 r_1 \nu d + 5 r_1 d^2 + 6 d^3 + r_1^2 d + r_2^2 d \\ & + 2 r_1 r_2 d + 5 r_2 d^2 + 5 \nu d^2 + \nu^2 d + 2 \nu r_2 d, \end{aligned}$$

qui est clairement strictement positive lorsque $I \geq 0$. Comme $i_e > 0$ cette expression évaluée en i_e reste strictement positive, et donc non nulle. Il en résulte alors que $\partial_x f(v, x_e)$ ne peut pas avoir de valeur propre à partie réelle nulle.

En somme, nous avons montré que si la famille $f(v, x)$ subit une bifurcation en l'un de ses deux équilibres alors $B(v) = 0$, c'est-à-dire que l'hypothèse β . du théorème 4.1.1 est vérifiée pour $f(v, x)$. Il en résulte que x_e est asymptotiquement stable pour $B > 0$.

Proposition 4.3.1. *Soit $B = \beta_1\nu - \nu qr_2 - \nu d - r_2d - r_1r_2 - r_1d - d^2$. Alors selon le signe de B on a l'un des cas suivants.*

1. *Si $B \leq 0$ alors l'équilibre sans maladie x_s est globalement asymptotiquement stable dans Ω .*
2. *Si $B > 0$ alors x_s est instable et x_e est localement asymptotiquement stable.*
3. *Si $B = 0$ alors il y a échange de stabilité entre x_s et x_e via une bifurcation transcritique.*

Chapitre 5

Un modèle de maladie bactérienne à deux souches avec traitement antibiotique

Nous présentons dans ce chapitre un modèle pour étudier la propagation d'une maladie bactérienne à deux souches dans une population sous traitement antibiotique. On suppose donc que le vecteur de la maladie est une bactérie qui peut se présenter sous la forme de deux souches B_1, B_2 . La souche B_1 est sensible au traitement antibiotique alors que la souche B_2 y est résistante mais moins transmissible. On suppose aussi qu'un individu ne peut pas être colonisé par les deux bactéries en même temps. Les individus colonisés par B_1 ne sont pas traités, et les individus sous traitement antibiotique peuvent être colonisés par B_2 mais pas par B_1 .

La population est divisée en cinq classes. Ceux qui ne portent ni B_1 ni B_2 et qui ne sont pas sous traitement antibiotique sont dans la classe S . Ceux qui portent seulement B_1 sont dans la classe I_1 . Ceux qui ne portent ni B_1 ni B_2 et qui sont sous traitement antibiotique sont dans la classe T . Ceux qui portent B_2 et qui sont sous traitement antibiotique sont dans la classe T_2 et ceux qui portent B_2 et qui ne sont pas sous traitement antibiotique sont dans la classe I_2 . Le diagramme de transfert du modèle est donné par la figure 5.0.1.

Le modèle est représenté par le système d'équations différentielles ordinaires suivant.

$$\begin{aligned}\dot{S} &= \mu - \alpha S - \beta_1 S I_1 + \gamma I_1 + \delta T - \mu S - \beta_2 S I_2 - \beta_2 S T_2 + \gamma I_2 \\ \dot{I}_1 &= \beta_1 I_1 S - \gamma I_1 - \alpha I_1 - \mu I_1 \\ \dot{T} &= \alpha S - \delta T - \beta_2 T I_2 - \beta_2 T T_2 + \gamma T_2 + \alpha I_1 - \mu T \\ \dot{T}_2 &= \beta_2 T I_2 + \beta_2 T T_2 - \gamma T_2 + \alpha I_2 - \delta T_2 - \mu T_2 \\ \dot{I}_2 &= \beta_2 S I_2 + \beta_2 S T_2 - \gamma I_2 - \alpha I_2 + \delta T_2 - \mu I_2\end{aligned}\tag{5.0.1}$$

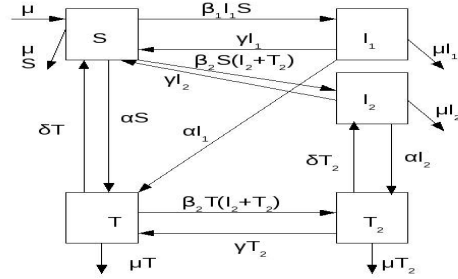


FIG. 5.0.1 – Diagramme de transfert de $SI_1TT_2I_2$.

où

α : taux de traitement antibiotique,

δ : taux de fin de traitement antibiotique,

β_1 : taux de transmission pour la bactérie susceptible,

β_2 : taux de transmission pour la bactérie résistante,

γ : taux de guérison,

μ : taux de natalité=taux de mortalité.

5.1 Les équilibres du modèle

On calcule une base de Groebner du système

$$\begin{aligned}
 \mu - \alpha S - \beta_1 S I_1 + \gamma I_1 + \delta T - \mu S - \beta_2 S I_2 - \beta_2 S T_2 + \gamma I_2 &= 0 \\
 \beta_1 I_1 S - \gamma I_1 - \alpha I_1 - \mu I_1 &= 0 \\
 \alpha S - \delta T - \beta_2 T I_2 - \beta_2 T T_2 + \gamma T_2 + \alpha I_1 - \mu T &= 0 \\
 \beta_2 T I_2 + \beta_2 T T_2 - \gamma T_2 + \alpha I_2 - \delta T_2 - \mu T_2 &= 0 \\
 \beta_2 S I_2 + \beta_2 S T_2 - \gamma I_2 - \alpha I_2 + \delta T_2 - \mu I_2 &= 0
 \end{aligned}$$

par rapport à l'ordre lexicographique $S \prec I_1 \prec T \prec T_2 \prec I_2$. On obtient alors un système de la forme

$$\begin{aligned}
g_1 &= a_1 S^3 + b_1 S^2 + c_1 S + d_1 \\
g_2 &= a_2 S I_1 + b_2 I_1 \\
g_3 &= a_3 I_1^2 + b_3 I_1 + c_3 S^2 + d_3 S + e_3 \\
g_4 &= a_4 T + b_4 I_1 + c_4 S^2 + d_4 S + e_4 \\
g_5 &= a_5 T_2 + b_5 I_1 + c_5 S^2 + d_5 S + e_5 \\
g_6 &= a_6 I_2 + b_6 I_1 + c_6 S,
\end{aligned} \tag{5.1.1}$$

où g_1 est un polynôme de degré 3 en S de racines $s_0 = \frac{\delta + \mu}{\alpha + \mu + \delta}$, $s_1 = \frac{\alpha + \mu + \gamma}{\beta_1}$ et $s_2 = \frac{\alpha \beta_2 \mu + \delta \alpha \gamma + \delta \alpha \mu + \beta_2 \delta \gamma + \delta \mu^2 + \mu \delta^2 + \delta \gamma \mu + \gamma \delta^2 + \mu^2 \beta_2 + \beta_2 \delta \mu + \gamma \beta_2 \mu}{\beta_2 (\alpha + \mu + \delta)(\alpha + \beta_2 + \delta)}$.

Pour $S = s_0$, on obtient un seul équilibre, noté E_0 , dont les coordonnées sont

$$\begin{aligned}
s_0 &= \frac{\delta + \mu}{\alpha + \mu + \delta} \\
i_{10} &= 0 \\
t_0 &= \frac{\alpha}{\alpha + \mu + \delta} \\
t_{20} &= 0 \\
i_{20} &= 0
\end{aligned}$$

C'est l'équilibre sans maladie du modèle, et il existe pour toutes valeurs des paramètres.

Pour $S = s_2$, on obtient un seul équilibre, noté E_2 , dont les composantes sont

$$\begin{aligned}
s_2 &= \frac{\alpha \beta_2 \mu + \delta \alpha \gamma + \delta \alpha \mu + \beta_2 \delta \gamma + \delta \mu^2 + \mu \delta^2 + \delta \gamma \mu + \gamma \delta^2 + \mu^2 \beta_2 + \beta_2 \delta \mu + \gamma \beta_2 \mu}{\beta_2 (\alpha + \mu + \delta)(\alpha + \beta_2 + \delta)} \\
i_{12} &= 0 \\
t_2 &= \frac{(\alpha \gamma + \alpha \mu + \gamma \delta + \mu \delta + \gamma \beta_2 + \mu^2 + \gamma \mu) \alpha}{\beta_2 (\alpha + \mu + \delta)(\alpha + \beta_2 + \delta)} \\
t_{22} &= \frac{V_2 (\alpha + \beta_2 + \delta + \mu) \alpha}{\beta_2 (\alpha + \mu + \delta)(\alpha + \beta_2 + \delta)} \\
i_{22} &= \frac{V_2 (\delta \alpha + \beta_2 \mu + \beta_2 \delta + \delta^2 + \mu \delta)}{\beta_2 (\alpha + \mu + \delta)(\alpha + \beta_2 + \delta)}
\end{aligned}$$

où $V_2 = \beta_2 - \mu - \gamma$. Cet équilibre correspond à l'absence de la souche B_1 , et il existe si et seulement si $V_2 \geq 0$.

Pour $S = s_1$, on obtient deux équilibres E_1, E_3 . Les coordonnées de E_1 sont

$$\begin{aligned}
s_1 &= \frac{\alpha + \mu + \gamma}{\beta_1} \\
i_{11} &= \frac{V_1}{\beta_1 (\alpha + \mu + \delta)} \\
t_1 &= \frac{\alpha}{\alpha + \mu + \delta} \\
t_{21} &= 0 \\
i_{21} &= 0
\end{aligned}$$

où $V_1 = (\delta + \mu) \beta_1 - \alpha^2 - \delta \alpha - \gamma \mu - \gamma \delta - \mu \delta - \alpha \gamma - 2 \alpha \mu - \mu^2$. Cet équilibre correspond à l'absence de la souche B_2 . Il existe si et seulement si $V_1 \geq 0$.

Les coordonnées de E_3 sont

$$\begin{aligned} s_3 &= \frac{\alpha + \mu + \gamma}{\beta_1} \\ i_{13} &= -\frac{V_3}{\beta_2 (\beta_1 - \beta_2) (\alpha + \mu + \delta) (\alpha + \mu + \gamma)} \\ t_3 &= -\frac{\beta_2 \alpha + \beta_2 \mu + \gamma \beta_2 - \mu \beta_1 - \beta_1 \gamma}{\beta_1 \beta_2} \\ t_{23} &= \frac{V_4}{(\alpha + \mu + \delta) \beta_1 \beta_2} \\ i_{23} &= \frac{(\beta_1 \delta + \beta_2 \alpha + \gamma \beta_2 + \beta_2 \mu) V_4}{\beta_2 (\beta_1 - \beta_2) (\alpha + \mu + \gamma) \beta_1 (\alpha + \mu + \delta)} \end{aligned}$$

où

$$\begin{aligned} V_3 = & -(\gamma \beta_2 \mu + \beta_2 \mu^2 + \delta \mu^2 + \gamma \delta^2 + \alpha \mu \beta_2 + \delta \alpha \gamma + \delta \alpha \mu + \beta_2 \delta \gamma \\ & + \beta_2 \delta \mu + \mu \delta^2 + \delta \gamma \mu) \beta_1 + \beta_2 (\alpha + \delta + \beta_2) (\mu + \alpha + \delta) (\alpha + \gamma + \mu) \end{aligned}$$

et

$$V_4 = (-\alpha \mu - \alpha \gamma - \mu \delta - \gamma \delta + \beta_2 \alpha - \gamma \mu - \mu^2) \beta_1 + \beta_2 (\mu + \alpha + \delta) (\alpha + \gamma + \mu)$$

Cet équilibre correspond à la coexistence des deux souches B_1 et B_2 . Il existe si et seulement si $V_4 \geq 0$ et $V_3 \leq 0$.

5.2 Stabilité des équilibres

Nous étudions dans cette section la stabilité locale hyperbolique des quatre équilibres du modèle. Pour ceci nous utilisons la méthode classique de linéarisation. Autrement dit, nous calculons le polynôme caractéristique du jacobien du système en chaque équilibre et nous analysons ses racines.

5.2.1 Stabilité de l'équilibre E_0

Pour l'équilibre sans maladie E_0 on obtient le polynôme caractéristique sous forme factorisée

$$\chi_0 = (Z + \mu) (Z + \delta + \mu + \alpha) (Z + \mu + \gamma + \alpha + \delta) (Z - V_2) \left(Z - \frac{V_1}{\delta + \mu + \alpha} \right).$$

Ainsi l'équilibre E_0 est hyperbolique et localement asymptotiquement stable si et seulement si $V_1 < 0$ et $V_2 < 0$.

5.2.2 Stabilité de l'équilibre E_1

Pour l'équilibre E_1 on obtient le polynôme caractéristique sous forme factorisée

$$\chi_1 = (Z + \mu) (Z + \mu + \alpha + \delta) (Z + \gamma + \mu + \alpha + \delta) \left(Z + \frac{V_1}{\mu + \delta + \alpha} \right) \left(Z - \frac{V_4}{\beta_1 (\delta + \mu + \alpha)} \right).$$

Ainsi l'équilibre E_1 est hyperbolique et localement asymptotiquement stable si et seulement si $V_1 > 0$ et $V_4 < 0$.

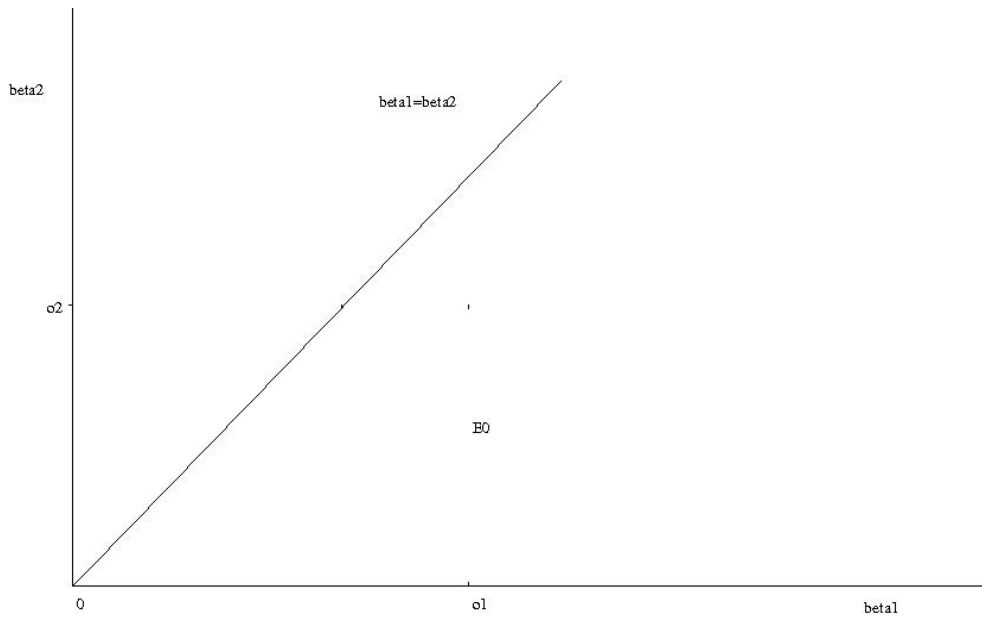


FIG. 5.2.1 – Domaine d'existence de l'équilibre E_0 dans le domaine $0 \leq \beta_2 \leq \beta_1$

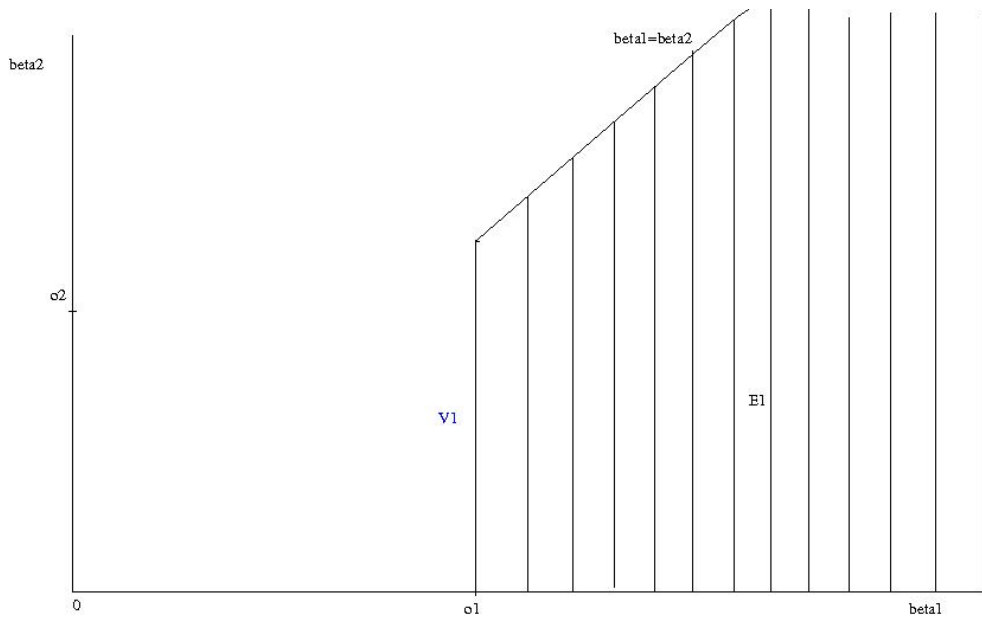


FIG. 5.2.2 – Domaine d'existence de l'équilibre E_1 dans le domaine $0 \leq \beta_2 \leq \beta_1$

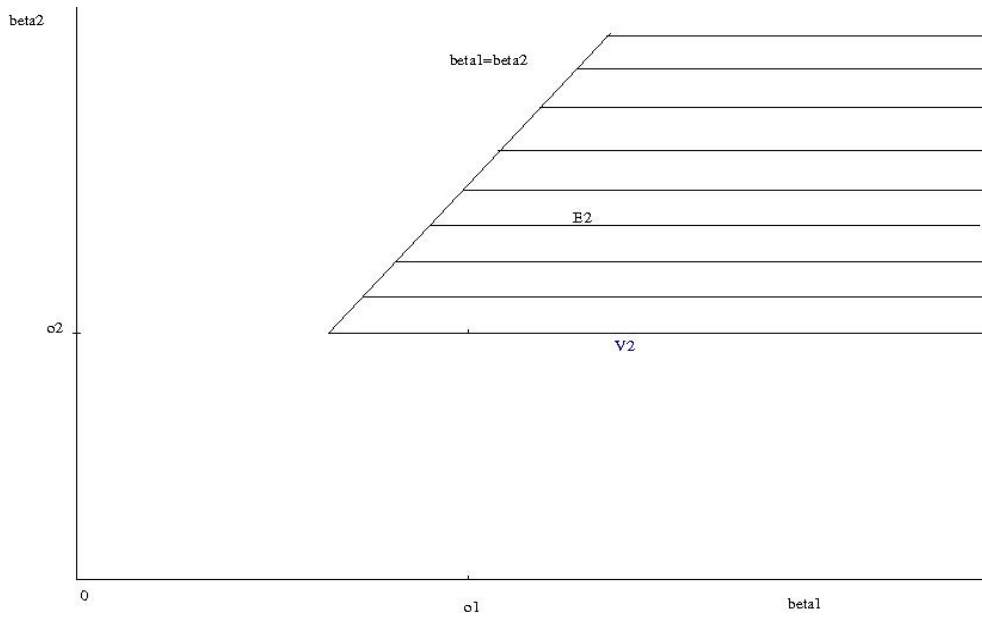


FIG. 5.2.3 – Domaine d’existence de l’équilibre E_2 dans le domaine $0 \leq \beta_2 \leq \beta_1$

5.2.3 Stabilité de l’équilibre E_2

Pour l’équilibre E_2 on obtient le polynôme caractéristique sous forme factorisée

$$\chi_2 = (Z + \mu)(Z + \delta + \mu + \alpha)(Z + \alpha + \delta + \beta_2)(Z + V_2) \left(Z + \frac{V_3}{\beta_2(\mu + \delta + \alpha)(\alpha + \delta + \beta_2)} \right).$$

Ainsi l’équilibre E_2 est hyperbolique et localement asymptotiquement stable si et seulement si $V_2 > 0$ et $V_3 > 0$.

5.2.4 Stabilité de l’équilibre E_3

Pour l’équilibre endémique E_3 le polynôme caractéristique ne se factorise pas. Nous utilisons alors une autre technique. Pour commencer, le polynôme caractéristique non spécialisé se factorise sous la forme

$$\chi = (Z + \mu)(Z + \mu + \alpha + \delta)Q,$$

avec $Q = Z^3 + q_2Z^2 + q_1Z + q_0$ un polynôme de degré 3. Pour étudier la stabilité de E_3 nous appliquons le théorème de Liénard-Chipart au polynôme Q . Quand nous faisons une substitution partielle en remplaçant S et T par

s_3 et t_3 nous obtenons les coefficients

$$\begin{aligned} q_2 &= 2\beta_2 T_2 + 2\beta_2 I_2 + \gamma + \mu + \beta_1 I_1 + \delta + \alpha, \\ q_1 &= (\beta_2 I_2 + \beta_2 T_2 + \gamma + \alpha + \delta + \mu)(\beta_2 I_2 + \beta_2 T_2 + \beta_1 I_1) \text{ et} \\ q_0 &= I_1 \beta_2 (\beta_1 - \beta_2) (\alpha + \mu + \gamma) (T_2 + I_2) \end{aligned}$$

qui sont tous les trois strictement positifs si et seulement si $i_{13}, i_{23}, t_{23} > 0$. Le seul sous-résultant que nous avons à calculer est $sr = q_1 q_2 - q_0$. Après l'avoir calculé et en remplaçant S et T par s_3 et t_3 nous avons

$$\begin{aligned} sr &= 3\beta_2^2 I_2^2 \mu + \beta_1^2 I_1^2 \gamma + \beta_1^2 I_1^2 \delta + \beta_1^2 I_1^2 \mu + \beta_2 T_2 \delta^2 + \beta_2 I_2 \delta^2 + \beta_1 I_1 \delta^2 \\ &+ \alpha^2 \beta_1 I_1 + \beta_1^2 I_1^2 \alpha + 2\beta_2^3 T_2^3 + 3\beta_2^2 T_2^2 \mu + 3\beta_2^2 I_2^2 \gamma + 3\alpha \beta_2^2 I_2^2 + 3\alpha \beta_2^2 T_2^2 \\ &+ 3\beta_2^2 T_2^2 \gamma + 3\beta_1 I_1 \beta_2 I_2 \gamma + 3\beta_1 I_1 \beta_2 T_2 \mu + 3\beta_1 I_1 \beta_2 I_2 \mu + 3\beta_1 I_1 \beta_2 T_2 \gamma \\ &+ 2\beta_2 I_2 \gamma \delta + \beta_1^2 I_1^2 \beta_2 I_2 + \beta_1^2 I_1^2 \beta_2 T_2 + I_1 \beta_2^2 I_2 \alpha + I_1 \beta_2^2 I_2 \mu + I_1 \beta_2^2 I_2 \gamma \\ &+ I_1 \beta_2^2 T_2 \alpha + I_1 \beta_2^2 T_2 \mu + I_1 \beta_2^2 T_2 \gamma + 2\beta_1 I_1 \mu \delta + 2\beta_1 I_1 \mu \gamma + 6\beta_2^2 T_2 I_2 \mu \\ &+ 2\beta_2 T_2 \gamma \delta + 2\beta_2 T_2 \gamma \mu + 2\beta_2 T_2 \alpha \gamma + 2\beta_2 T_2 \alpha \mu + 2\beta_2 T_2 \mu \delta + 2\beta_2 I_2 \gamma \mu \\ &+ 2\beta_2 I_2 \alpha \gamma + 2\beta_2 I_2 \alpha \mu + 2\beta_2 I_2 \mu \delta + 2\alpha \beta_1 I_1 \mu + 2\alpha \beta_1 I_1 \gamma + 6\alpha \beta_2^2 T_2 I_2 \\ &+ 2\alpha \beta_2 I_2 \delta + 2\alpha \beta_2 T_2 \delta + 2\beta_1 I_1 \delta \gamma + 6\beta_2^2 T_2 I_2 \gamma + 3\beta_2^2 T_2^2 \beta_1 I_1 + \alpha^2 \beta_2 I_2 \\ &+ \beta_1 I_1 \mu^2 + 2\beta_2^3 I_2^3 + \beta_1 I_1 \gamma^2 + \beta_2 T_2 \mu^2 + \beta_2 T_2 \gamma^2 + \beta_2 I_2 \gamma^2 + \beta_2 I_2 \mu^2 + \alpha^2 \beta_2 T_2 \\ &+ 3\alpha \beta_1 I_1 \beta_2 T_2 + 3\alpha \beta_1 I_1 \beta_2 I_2 + 6\beta_2^2 T_2 I_2 \delta + 3\beta_2^2 I_2^2 \beta_1 I_1 + 2\delta \alpha \beta_1 I_1 \\ &+ 3\beta_2^2 T_2^2 \delta + 6\beta_2^3 T_2^2 I_2 + 6\beta_2^3 T_2 I_2^2 + 3\beta_2^2 I_2^2 \delta + 6\beta_2^2 T_2 \beta_1 I_1 I_2 + 4\beta_2 T_2 \beta_1 I_1 \delta \\ &+ 4\beta_2 I_2 \beta_1 I_1 \delta. \end{aligned}$$

qui est visiblement strictemnt positif si et seulement si $i_{13}, i_{23}, t_{23} > 0$. Donc q_2, q_1, q_0 et sr sont tous strictement positifs. L'équilibre E_3 est donc hyperbolique et localement asymptotiquement stable si et seulement si $V_4 > 0$ et $V_3 < 0$.

5.3 Bifurcations des points d'équilibres

Soient o_1, o_2, o_3, o_4 les racines de $V_1(\beta_1), V_2(\beta_2), V_3(\beta_1), V_4(\beta_1)$ respectivement.

5.3.1 Echange de stabilité entre E_0 et E_1

Si $V_1 < 0$, E_0 est stable si $V_2 < 0$ et E_1 n'existe pas.

Si $V_1 = 0$ E_0 et E_1 coïncident et le polynôme caractéristique correspondant a une seule valeur propre nulle et les autres sont négatives :

$$P_0(o_1) = P_1(o_1) = Z(Z + \mu + \gamma + \delta + \alpha)(Z - V_2)(Z + \alpha + \delta + \mu)(Z + \mu).$$

Si $V_1 > 0$ E_0 est instable et E_1 apparait stable si $V_4 < 0$. Ainsi E_0 a perdu la stabilité au profit de E_1 quand V_1 a passé par 0. D'où on a une bifurcation transcritique quand $V_1 = 0$ c'est-à-dire quand $\beta_1 = o_1$.

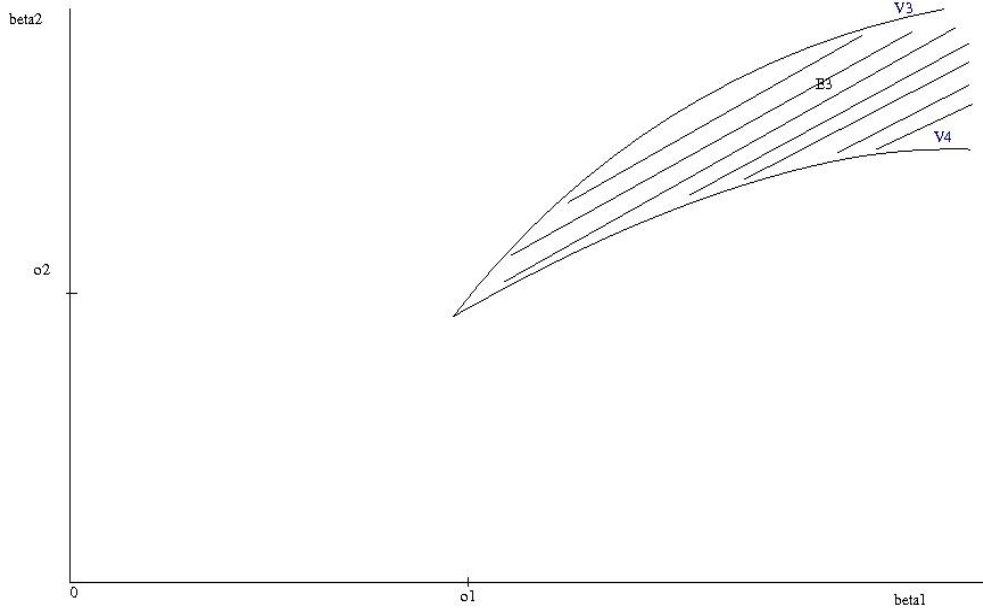


FIG. 5.2.4 – Domaine d'existence de l'équilibre E_3 dans le domaine $0 \leq \beta_2 \leq \beta_1$

5.3.2 Echange de stabilité entre E_0 et E_2

Si $V_2 < 0$, E_0 est stable si $V_1 < 0$ et E_2 n'existe pas.

Si $V_2 = 0$ E_0 et E_2 coïncident et le polynôme caractéristique correspondant a une seule valeur propre nulle et les autres sont négatives :

$$P_0(o_2) = P_2(o_2) = Z(Z + \mu)(Z + \alpha + \delta + \mu)(Z + \mu + \gamma + \delta + \alpha) \left(Z - \frac{V_1}{\delta + \mu + \alpha} \right).$$

Si $V_2 > 0$ E_0 est instable et E_2 apparait stable si $V_3 > 0$. Ainsi E_0 a perdu la stabilité au profit de E_2 quand V_2 a passé par 0. D'où on a une bifurcation transcritique quand $V_2 = 0$ c'est-à-dire quand $\beta_2 = o_2$.

5.3.3 Echange de stabilité entre E_1 et E_3

Si $V_4 < 0$, E_1 est stable si $V_1 > 0$ et E_3 n'existe pas.

Si $V_4 = 0$ E_1 et E_3 coïncident et le polynôme caractéristique correspondant a une seule valeur propre nulle et les autres sont négatives :

$$P_1(o_4) = P_3(o_4) = Z(Z + \mu)(Z + \mu + \alpha + \delta)(Z + \gamma + \mu + \alpha + \delta)(Z + V_1')$$

avec

$$V_1' = -\frac{(\delta + \alpha + \mu)^2(\alpha + \gamma + \mu)(\mu - \beta_2 + \gamma)}{\alpha\mu + \gamma\delta + \gamma\mu + \mu\delta - \beta_2\alpha + \alpha\gamma + \mu^2}$$

qui est strictement positif quand $V_3 < 0$ et $V_4 \geq 0$.

Si $V_4 > 0$ E_1 est instable et E_3 apparait stable si $V_3 < 0$. Ainsi E_1 a perdu la stabilité au profit de E_3 quand V_4 a passé par 0. D'où on a une bifurcation transcritique quand $V_4 = 0$ c'est-à-dire quand $\beta_1 = o_4$.

5.3.4 Echange de stabilité entre E_2 et E_3

Si $V_3 < 0$, E_3 est stable si $V_4 > 0$ et E_2 est instable.

Si $V_3 = 0$ E_3 et E_2 coïncident et le polynôme caractéristique correspondant a une seule valeur propre nulle et les autres sont négatives :

$$P_2(o_3) = P_3(o_3) = Z(Z + \mu)(Z + \beta_2 + \alpha + \delta)(Z + \delta + \alpha + \mu)(Z + V_2)$$

Si $V_3 > 0$ E_3 est instable et E_2 apparait stable si $V_2 > 0$. Ainsi E_3 a perdu la stabilité au profit de E_2 quand V_3 a passé par 0. D'où on a une bifurcation transcritique quand $V_3 = 0$ c'est-à-dire quand $\beta_1 = o_3$.

5 Echange de Stabilité entre E_0 et E_3 et entre E_1 et E_2

Les échanges de stabilité entre E_0 et E_3 et entre E_1 et E_2 ne réalisent que si $V_1 = V_2 = 0$ suivant que (β_1, β_2) passe du domaine de stabilité de E_0 (resp. E_1) à celui de E_3 (resp. E_2) en passant par (o_1, o_2) voir la figure 5.4.1.

5.4 Représentation des domaines de stabilité des équilibres dans le plan (β_1, β_2)

Pour avoir une représentation uniforme pour tous les paramètres, vérifions si les représentations de $V_3 = 0$ et $V_4 = 0$ gardent les mêmes positions dans \mathbb{R}_+^2 pour toutes valeurs des paramètres données.

On a $V_3 = p_2\beta_2^2 + p_1\beta_2 + p_0$ avec

$$p_0 = -\delta\beta_1(\delta + \alpha + \mu)(\mu + \gamma),$$

$$p_1 = -\gamma\beta_1\delta - \gamma\beta_1\mu + \gamma\delta^2 + \gamma\delta\mu + 2\gamma\delta\alpha + \gamma\mu\alpha + \gamma\alpha^2 - \beta_1\delta\mu - \beta_1\mu^2 - \beta_1\mu\alpha + \delta^2\mu + \delta^2\alpha + \delta\mu^2 + 3\delta\mu\alpha + 2\delta\alpha^2 + \mu^2\alpha + 2\mu\alpha^2 + \alpha^3 \text{ et}$$

$$p_2 = (\delta + \alpha + \mu)(\gamma + \alpha + \mu)$$

Soit d le discriminant de V_3 suivant β_2 , d est positif et V_3 a deux racines de signes contraires car $p_0p_2 < 0$. Nous sommes intéressés par la racine positive

$$S_1 = \frac{-p_1 + \sqrt{d}}{2p_2}.$$

Soit S_2 la racine de $V_4(\beta_2)$.

On a $S_1 - S_2 = -\frac{p_1}{2p_2} - S_2 + \frac{\sqrt{d}}{2p_2}$, comme $V_3(o_1, o_2) = V_4(o_1, o_2) = 0$ alors $-\frac{p_1}{2p_2} - S_2 < 0$.

Ainsi le signe de $S_1 - S_2$ est celui de

$$\frac{d}{(2p_2)^2} - \left(\frac{p_1}{2p_2} + S_2\right)^2 = \frac{\beta_1\alpha(\delta + \beta_1 + \mu + \alpha)(\mu + \gamma)V_1}{(\alpha^2 + \beta_1\alpha + \gamma\delta + \gamma\mu + \gamma\alpha + 2\mu\alpha + \delta\mu + \mu^2 + \delta\alpha)^2},$$

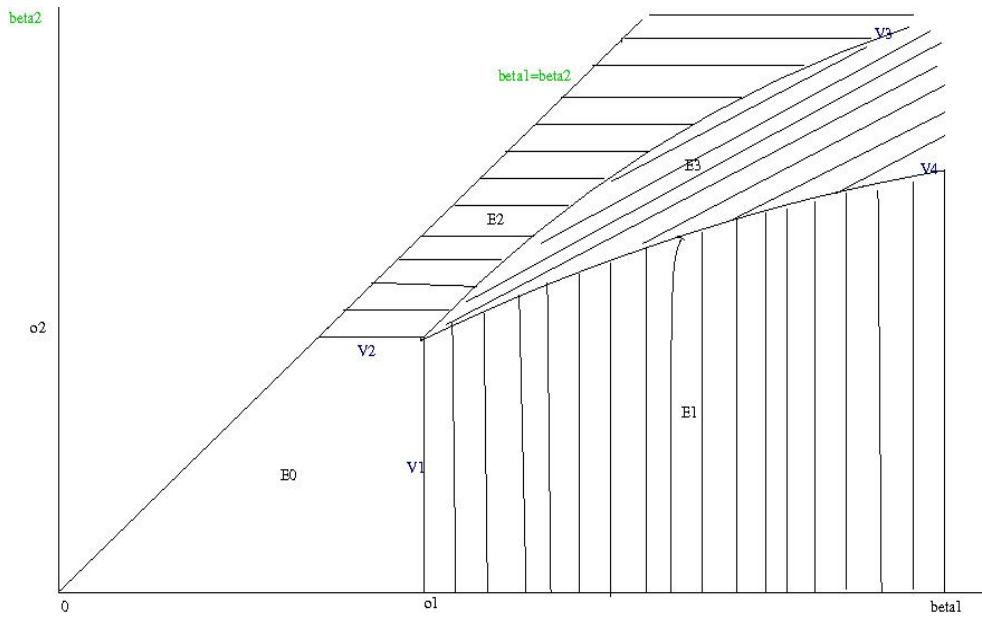


FIG. 5.4.1 – Domaines de stabilité des équilibres dans le domaine $0 \leq \beta_2 \leq \beta_1$

et on a

si $V_1 < 0$ alors $S_1 < S_2$

Si $V_1 > 0$ alors $S_1 > S_2$.

Donc quelque soient les valeurs des paramètres les représentations de S_1 et S_2 gardent les mêmes positions dans \mathbb{R}_+^2 .

Finalement Pour résumer, on a le théorème suivant.

Théorème 5.4.1. *Dans le domaine $0 \leq \beta_2 \leq \beta_1$, le modèle représenté par le système 5.0.1 a un équilibre sans maladie E_0 qui existe à tout moment et est localement asymptotiquement stable si $V_1 < 0$ et $V_2 < 0$;*

et trois équilibres endémiques :

E_1 *qui existe si $V_1 \geq 0$ et est localement asymptotiquement stable si $V_1 > 0$ et $V_4 < 0$*

E_2 *qui existe si $V_2 \geq 0$ et est localement asymptotiquement stable si $V_2 > 0$ et $V_3 > 0$, et*

E_3 *qui existe et est localement asymptotiquement stable si $V_3 \leq 0$ et $V_4 \geq 0$.*

En tout point qui n'est pas sur les frontière des domaines de stabilité il existe un et un seul équilibre localement asymptotiquement stable voir figure 5.4.1.

Bibliographie

- [1] W. W. Adams and P. Loustau. *An introduction to Gröbner bases*, volume 3 of *Graduate Studies in Mathematics*. American Mathematical Society, Providence, RI, 1994. [24](#), [47](#)
- [2] J. Arino, R. Jordan, and P. van den Driessche. Quarantine in a multi-species epidemic model with spatial dynamics. *Math. Biosci.*, 206(1) :46–60, 2007. [4](#)
- [3] J. Arino, C. C. McCluskey, and P. van den Driessche. Global results for an epidemic model with vaccination that exhibits backward bifurcation. *SIAM J. Appl. Math.*, 64(1) :260–276 (electronic), 2003. [4](#), [9](#)
- [4] S. Basu, R. Pollack, and M.-F. Roy. *Algorithms in real algebraic geometry*, volume 10 of *Algorithms and Computation in Mathematics*. Springer-Verlag, Berlin, second edition, 2006. [4](#), [24](#), [32](#), [34](#), [47](#)
- [5] T. Becker and V. Weispfenning. *Gröbner bases*, volume 141 of *Graduate Texts in Mathematics*. Springer-Verlag, New York, 1993. A computational approach to commutative algebra, In cooperation with Heinz Kredel. [4](#), [24](#)
- [6] F. Berezovsky, G. Karev, B. Song, and C. Castillo-Chavez. A simple epidemic model with surprising dynamics. *Math. Biosci. Eng.*, 2(1) :133–152, 2005. [9](#)
- [7] J. Bochnak, M. Coste, and M.-F. Roy. *Real algebraic geometry*, volume 36 of *Ergebnisse der Mathematik und ihrer Grenzgebiete (3) [Results in Mathematics and Related Areas (3)]*. Springer-Verlag, Berlin, 1998. Translated from the 1987 French original, Revised by the authors. [4](#)
- [8] F. Boulier. Differential elimination and biological modelling. In *Gröbner bases in symbolic analysis*, volume 2 of *Radon Ser. Comput. Appl. Math.*, pages 109–137. Walter de Gruyter, Berlin, 2007. [4](#)
- [9] F. Boulier, M. Lefranc, F. Lemaire, and P.-E. Morant. Applying a rigorous quasi-steady state approximation method for proving the absence of oscillations in models of genetic circuits. In Katsuhisa Horimoto, Georg Regensburger, Markus Rosenkranz, and Hiroshi Yoshida, editors, *Algebraic Biology - Third International Conference (AB 2008)*, volume 5147

- of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 56–69. Springer-Verlag, 2008. [4](#)
- [10] F. Boulier and F. Lemaire. Differential algebra and system modeling in cellular biology. In Katsuhisa Horimoto, Georg Regensburger, Markus Rosenkranz, and Hiroshi Yoshida, editors, *Algebraic Biology - Third International Conference (AB 2008)*, volume 5147 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 22–39. Springer-Verlag, 2008. [4](#)
- [11] F. Brauer and P. van den Driessche. Models for transmission of disease with immigration of infectives. *Math. Biosci.*, 171(2) :143–154, 2001. [4](#)
- [12] C. W. Brown. Simple CAD construction and its applications. *Journal of Symbolic Computation*, 31(5) :521–547, May 2001. [4](#)
- [13] C. W. Brown. QEPCAD B : a program for computing with semi-algebraic sets using CADs. *ACM SIGSAM Bulletin*, 37(4) :97–108, 2003. [4](#)
- [14] C. W. Brown, M. El Kahoui, D. Novotni, and A. Weber. Algorithmic methods for investigating equilibria in epidemic modeling. *J. Symbolic Comput.*, 41(11) :1157–1173, 2006. [4](#), [47](#), [48](#), [50](#)
- [15] C.W. Brown. Simplification of truth-invariant cylindrical algebraic decomposition. pages 295–301. [4](#)
- [16] R. Casagrandi, L. Bolzoni, S. A. Levin, and V. Andreasen. The SIRC model and influenza A. *Math. Biosci.*, 200(2) :152–169, 2006. [4](#)
- [17] S. N. Chow and J. K. Hale. *Methods of bifurcation theory*, volume 251 of *Grundlehren der Mathematischen Wissenschaften [Fundamental Principles of Mathematical Science]*. Springer-Verlag, New York, 1982. [18](#), [19](#)
- [18] G. E Collins. Quantifier elimination for real closed fields by cylindrical algebraic decomposition. In *Second GI Conference on Automata Theory and Formal Languages*, volume 33 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 134–183. Springer-Verlag, 1975. [4](#)
- [19] G. E Collins and H. Hong. Partial cylindrical algebraic decomposition for quantifier elimination. *Journal of Symbolic Computation*, 12(3) :299–328, 1991. [4](#)
- [20] D. Cox, J. Little, and D. O’Shea. *Ideals, varieties, and algorithms*. Undergraduate Texts in Mathematics. Springer, New York, third edition, 2007. An introduction to computational algebraic geometry and commutative algebra. [4](#), [24](#), [29](#)
- [21] O. Diekmann and J. A. P. Heesterbeek. *Mathematical epidemiology of infectious diseases*. Wiley Series in Mathematical and Computational Biology. John Wiley & Sons Ltd., Chichester, 2000. Model building, analysis and interpretation. [4](#), [9](#), [47](#)

- [22] O. Diekmann, J. A. P. Heesterbeek, and J. A. J. Metz. On the definition and the computation of the basic reproduction ratio R_0 in models for infectious diseases in heterogeneous populations. *J. Math. Biol.*, 28(4) :365–382, 1990. [9](#)
- [23] M. El Kahoui and A. Otto. Stability of disease free equilibria in epidemiological models. *Mathematics in Computer Science, Birkhäuser*, 2(3) :517–533, 2009. [6](#), [48](#)
- [24] M. El Kahoui and A. Weber. Deciding Hopf bifurcations by quantifier elimination in a software-component architecture. *J. Symbolic Comput.*, 30(2) :161–179, 2000. [4](#), [47](#)
- [25] M. Fan, Li M. Y., and K. Wang. Global stability of an SEIS epidemic model with recruitment and a varying total population size. *Math. Biosci.*, 170(2) :199–208, 2001. [9](#)
- [26] F. R. Gantmacher. *The theory of matrices. Vol. 1.* AMS Chelsea Publishing, Providence, RI, 1998. Translated from the Russian by K. A. Hirsch, Reprint of the 1959 translation. [35](#)
- [27] J. Guckenheimer and P. Holmes. *Nonlinear oscillations, dynamical systems, and bifurcations of vector fields*, volume 42 of *Applied Mathematical Sciences*. Springer-Verlag, New York, 1983. [18](#)
- [28] K. P. Hadeler and P. van den Driessche. Backward bifurcation in epidemic control. *Math. Biosci.*, 146(1) :15–35, 1997. [4](#)
- [29] H. Hethcote, M. Zhién, and L. Shengbing. Effects of quarantine in six endemic models for infectious diseases. *Math. Biosci.*, 180 :141–160, 2002. John A. Jacquez memorial volume. [4](#)
- [30] H. W. Hethcote. Qualitative analyses of communicable disease models. *Math. Biosci.*, 28(3/4) :335–356, 1976. [8](#)
- [31] H. W. Hethcote. A thousand and one epidemic models. *Lecture Notes in Biomathematics*, 100 :504–515, 1994. [8](#)
- [32] H. W. Hethcote. The mathematics of infectious diseases. *SIAM Rev.*, 42(4) :599–653 (electronic), 2000. [4](#), [8](#), [9](#), [11](#), [47](#)
- [33] H. W. Hethcote and S. A. Levin. Periodicity in epidemiological models. In *Applied mathematical ecology (Trieste, 1986)*, volume 18 of *Biomathematics*, pages 193–211. Springer, Berlin, 1989. [8](#)
- [34] H. W. Hethcote and P. van den Driessche. Some epidemiological models with nonlinear incidence. *J. Math. Biol.*, 29(3) :271–287, 1991. [8](#), [9](#), [49](#)
- [35] H. Hong. *Improvements in CAD-Based Quantifier Elimination*. PhD thesis, Ohio State University, Columbus, Ohio, USA, 1990. [4](#)
- [36] H. Hong, R. Liska, and S. Steinberg. Testing stability by quantifier elimination. *J. Symbolic Comput.*, 24(2) :161–187, 1997. Applications of quantifier elimination (Albuquerque, NM, 1995). [4](#), [47](#)

- [37] R. A. Horn and C. R. Johnson. *Matrix analysis*. Cambridge University Press, Cambridge, 1985. [44](#)
- [38] A. Hurwitz. Über die Bedingungen, unter welchen eine Gleichung nur Wurzeln mit negativen reellen Theilen besitzt. In *Stability theory (Ascona, 1995)*, volume 121 of *Internat. Ser. Numer. Math.*, pages 239–249. Birkhäuser, Basel, 1996. Reprinted from *Math. Ann.* **46** (1895), 273–284 [JFM 26.0119.03]. [35](#)
- [39] M. J. Keeling and P. Rohani. *Modeling infectious diseases in humans and animals*. Princeton University Press, Princeton, NJ, 2008. [4](#)
- [40] E. R. Kolchin. *Differential algebra and algebraic groups*. Academic Press, New York, 1973. Pure and Applied Mathematics, Vol. 54. [4](#)
- [41] M. Y. Li, J. R. Graef, L. Wang, and J. Karsai. Global dynamics of a SEIR model with varying total population size. *Math. Biosci.*, **160**(2) :191–213, 1999. [4](#)
- [42] M. Y. Li and J. S. Muldowney. Global stability for the SEIR model in epidemiology. *Math. Biosci.*, **125**(2) :155–164, 1995. [9](#)
- [43] M. Y. Li, J. S. Muldowney, and P. van den Driessche. Global stability of SEIRS models in epidemiology. *Canad. Appl. Math. Quart.*, **7**(4) :409–425, 1999. [9](#)
- [44] M. Y. Li, H. L. Smith, and L. Wang. Global dynamics an SEIR epidemic model with vertical transmission. *SIAM J. Appl. Math.*, **62**(1) :58–69 (electronic), 2001. [9](#)
- [45] A. Liénard and H. Chipart. Sur le signe de la partie réelle des racines d’une équation algébrique. *J. Math. Pures Appl.*, **10** :291–346, 1914. [34](#)
- [46] X. D Lin, H. W. Hethcote, and P. van den Driessche. An epidemiological model for HIV/AIDS with proportional recruitment. *Math. Biosci.*, **118**(2) :181–195, 1993. [4](#)
- [47] W. M. Liu, H. W. Hethcote, and S. A. Levin. Dynamical behavior of epidemiological models with nonlinear incidence rates. *J. Math. Biol.*, **25**(4) :359–380, 1987. [8](#), [9](#)
- [48] W. M. Liu, S. A. Levin, and Y. Iwasa. Influence of nonlinear incidence rates upon the behavior of SIRS epidemiological models. *J. Math. Biol.*, **23**(2) :187–204, 1986. [8](#)
- [49] W. Niu and Wang D. Algebraic approaches to stability analysis in biological systems. *Mathematics in Computer Science*, **1**(3) :507–539, 2008. [4](#), [47](#)
- [50] W. Niu and D. Wang. Algebraic analysis of bifurcation and limit cycles for biological systems. In Katsuhisa Horimoto, Georg Regensburger, Markus Rosenkranz, and Hiroshi Yoshida, editors, *Algebraic Biology - Third International Conference (AB 2008)*, volume 5147 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 156–171. Springer-Verlag, 2008. [4](#)

- [51] J. F. Ritt. *Differential Algebra*. American Mathematical Society Colloquium Publications, Vol. XXXIII. American Mathematical Society, New York, N. Y., 1950. [4](#)
- [52] J. Sotomayor. Generic bifurcations of dynamical systems. In *Dynamical systems (Proc. Sympos., Univ. Bahia, Salvador, 1971)*, pages 561–582. Academic Press, New York, 1973. [22](#), [23](#)
- [53] T. Sturm and A. Weber. Investigating generic methods to solve hopf bifurcation problems in algebraic biology. In Katsuhisa Horimoto, Georg Regensburger, Markus Rosenkranz, and Hiroshi Yoshida, editors, *Algebraic Biology - Third International Conference (AB 2008)*, volume 5147 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 216–229. Springer-Verlag, 2008. [4](#)
- [54] T. Sturm, A. Weber, E. O. Abdel-Rahman, and M. El Kahoui. Investigating algebraic and logical algorithms to solve hopf bifurcation problems in algebraic biology. *Mathematics in Computer Science*, 2(3), 2009. [4](#)
- [55] A. Tarski. *A Decision Method for Elementary Algebra and Geometry*. Univ. of California Press, Berkley, second edition, 1951. [4](#)
- [56] P. van den Driessche and J. Watmough. Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission. *Math. Biosci.*, 180 :29–48, 2002. John A. Jacquez memorial volume. [9](#), [47](#), [64](#)
- [57] P. van den Driessche and J. Watmough. Epidemic solutions and endemic catastrophies. In *Dynamical systems and their applications in biology (Cape Breton Island, NS, 2001)*, volume 36 of *Fields Inst. Commun.*, pages 247–257. Amer. Math. Soc., Providence, RI, 2003. [9](#)
- [58] D. Wang. *Elimination practice*. Imperial College Press, London, 2004. Software tools and applications, With 1 CD-ROM (UNIX/LINUX, Windows). [4](#)
- [59] D. Wang and B. Xia. Stability analysis of biological systems with real solution classification. In *ISSAC'05*, pages 354–361 (electronic). ACM, New York, 2005. [4](#)
- [60] L. Wang and M. Y. Li. Global dynamics of SEIR models with vertical transmission and saturation incidence. In *Dynamic systems and applications, Vol. 3 (Atlanta, GA, 1999)*, pages 603–610. Dynamic, Atlanta, GA, 2001. [9](#)
- [61] V. Weispfenning. Quantifier elimination for real algebra—the cubic case. *Proceedings of the 1994 International Symposium on Symbolic and Algebraic Computation (ISSAC '94)*, Association for Computing Machinery, Oxford, 1994. [4](#)

- [62] V. Weispfenning. Quantifier elimination for real algebra—the quadratic case and beyond. *Applicable Algebra in Engineering Communication and Computing*, 8(2) :85–101, February 1997. [4](#)
- [63] S. Wiggins. *Introduction to applied nonlinear dynamical systems and chaos*, volume 2 of *Texts in Applied Mathematics*. Springer-Verlag, New York, second edition, 2003. [18](#), [20](#)