

UNIVERSITE ASSANE SECK DE ZIGUINCHOR



UFR SCIENCES ET TECHNOLOGIES
Département de Mathématiques



Mémoire de Master

Domaine : sciences et technologies
Mention : Mathématiques et Applications
Spécialité : Mathématiques Appliquées
Option : Analyse Numérique

Sujet : MODELISATION MATHEMATIQUE D'UNE EPIDEMIE DE PESTE
PORCINE CLASSIQUE

Présenté par : OUSSEYNOU SARR

Sous la direction de : Dr. DIENE NGOM

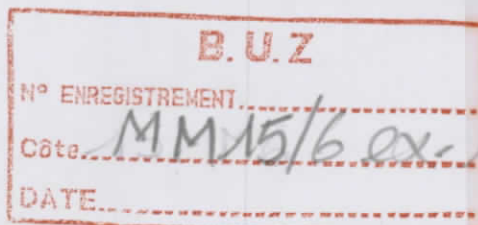
Devant le jury ci-après :

Noms et Prénoms	Grade	Qualité	Etablissement
DIEDHIOU Alassane	Maître de conférences	Président	UASZ
DIOUF Edouard	Chargé d'enseignement	Examinateur	UASZ
MANGA Clément	Chargé d'enseignement	Examinateur	UASZ
NGOM Diène	Chargé d'enseignement	Directeur	UASZ
SALL Oumar	Maître de conférences	Examinateur	UASZ

Année universitaire : 2014-2015



MM 15/6 ex :1



MM 15/6 ex. 1

Table des matières

1	Introduction générale	6
2	Préliminaires	9
2.1	Systèmes dynamiques	9
2.1.1	Systèmes dynamiques à temps continu	9
2.1.2	Systèmes dynamiques autonomes	10
2.1.3	Stabilité des systèmes linéaires autonomes	12
2.1.4	Stabilité par approximation linéaire :	12
2.1.5	Fonctions de Lyapunov	13
2.2	Exemple de modèles mathématiques en biologie	14
3	Modélisation d'une épidémie de peste porcine classique	18
3.1	Formulation mathématique du modèle	18
3.2	Analyse mathématique du modèle	21
3.2.1	Les points d'équilibre du modèle	21
3.2.2	Stabilité du modèle	25
3.3	Simulations numériques	27
4	Conclusion	32

Remerciements

La réalisation d'un travail de recherche ne peut connaître son aboutissement que grâce aux efforts conjugués des uns et des autres. Ceci m'amène à penser à ceux qui m'ont soutenu dans mes travaux de recherches, quelque soit le type ou la manière d'aide apporté.

Ainsi, je tiens à remercier sincèrement DIEU le TOUT PUISSANT pour ses merveilles et sa Miséricorde dans ma vie et pour toutes les grâces dont il me comble jour après jour.

Je tiens aussi à exprimer toute ma gratitude au docteur Diène NGOM enseignant à l'Université Assane Seck de Ziguinchor, d'avoir bien voulu m'encadrer et accepter de diriger ce mémoire de Master. Ceci, non seulement pour avoir accepté malgré ses énormes occupations de diriger avec attention mon travail mais aussi pour l'esprit d'amour et d'assistance qu'il n'a cessé de prouver envers moi.

Il s'est révélé réellement présent et précieux aussi bien lorsque étant ici ou en mission à l'extérieur et n'a ménagé aucun effort pour que ce travail puisse être effectué dans les temps. Que DIEU le bénisse ainsi que sa famille.

Je suis également reconnaissant à tout le personnel tant administratif que pédagogique de l'UFR sciences et technologies de l'Université Assane Seck de ziguinchor. En particulier, je veux remercier tous les enseignants du Département de Mathématiques qui ont donné le meilleur d'eux mêmes, pour que nous ayons la

formation qu'il faut et pour la qualité de l'enseignement et leur disponibilité : à savoir les professeurs Marie Salomon SAMBOU, Oumar SALL, Alassane DIEDHIOU, Clément MANGA, Edouard DIOUF, Timack NGOM, Mansour SANE, Daouda Niang DIATTA, Moussa FALL, Thieyacine TOP, qui n'ont ménagé aucun effort pour la réussite de ce travail.

Ils m'ont véritablement soutenu pendant tout au long de mon cursus dans cette Université et même lors de mes passages pour les travaux avec l'encadreur. Je remercie mes camarades de promotion de l'université Assane Seck de Ziguinchor (Souhaibou SAMBOU, Boubacar BALDE, Bambo DIATTA, Alassane AW, Abdoulaye DIOUF, Alioune FAYE, Tidiane MBALLO, Nestor DJINTELBE, Abba GOU-DIABY, M.Lamine SONKO, Diaby GASSAMA, Mor NDIAYE Assane SARR, Mor DIALLO, Ramatoulaye DABO, ...)

J'aimerais aussi remercier :

- les familles SARR et DANFA, pour la grande attention qu'elles m'accordent. Le Seigneur seul connaît la récompense qu'il convient aux hommes et femmes de grands coeurs ;
- mes parents, M.SARR Mar et Mme SARR Mariétou qui malgré les difficultés, continuent à me soutenir sur tous les plans et subviennent aux moindres de mes besoins ;
- tous mes frères, soeurs, cousins, oncles et tantes qui m'ont sans cesse soutenu tant moralement que financièrement et qui ont su être là quand j'avais besoin d'eux. Il s'agit de Toumany, Balla Moussa, Keba, Mafoudji, Tapha, Yacine, Mariama, Landing, Fanta, Sokhna, Modou, Salif, Omar, Cheikh, Ousmane, Awa Bamba, Mère LAM, Mère WADE et Mère SADIO ;
- mes ami(e)s : Landing DIOP, Salif MANE, Bocar MANKALY, Bafodé DRAME, Abdallah MANE, Chattry BADIANE, Bacary MANKALY, Yahya CAMARA, Kiki BALDE, Mainouna et Ndeye DIAFOUNE, Modou Diagne Fada MANSAL... pour leurs prières et leurs encouragements, et à toutes les personnes qui de près ou de

TABLE DES MATIÈRES

loin, m'ont aidé à réaliser ce travail de mémoire.

Je suis également reconnaissant à ma mère pour l'éducation qu'il m'a donnée et de m'avoir appris à acquérir la connaissance avec passion et patience.

Dédicaces

Ce mémoire est sans doute le résultat d'une formation reçue au cours de notre vie, depuis notre naissance, lors de la première lettre française livrée par l'honorable maître, jusqu'à la dernière propriété mathématique acquise dans les amphithéâtres avec nos formateurs. C'est sur ce contexte que je dédie ce travail :

◇ à Dieu le tout puissant pour son amour, sa bonté et sa grâce plus que jamais présent dans ma vie;

◇ à Mes parents M.SARR Mar et Mme SARR Mariétou;

◇ à messieurs et mesdames DE L'UASZ;

◇ à la famille SARR;

◇ à ma femme Oumou DRAME;

◇ à mes camarades de promotion de L'UASZ pour leur bel esprit d'équipe.

Je dis merci à vous tous.

Chapitre 1

Introduction générale

Pour aider les décideurs politiques et économiques à la prise de décision, il est important de disposer d'outils pratiques qui puissent bien représenter et expliquer les problèmes qui se posent à eux. La modélisation mathématique est l'un des outils pratiques qui aident à mieux comprendre et à représenter beaucoup de phénomènes complexes. Dans le domaine de l'épidémiologie, beaucoup de modèles mathématiques ont été proposés pour comprendre et expliquer la dynamique d'évolution de certaines maladies infectieuses [2, 3, 4, 1, 6]. A l'origine, les premiers modèles mathématiques en épidémiologie ont été conçus par des médecins, mais de nos jours les mathématiciens intègrent de plus en plus des équipes de recherche pluridisciplinaires pour développer des modèles sur plusieurs pathologies telles que la fièvre Ebola, le VIH, le cancer, les hépatites, la tuberculose et le paludisme. L'intérêt des modèles épidémiologiques réside dans leur capacité à étudier des scénarii hypothétiques et à fournir aux décideurs politiques des éléments permettant d'anticiper sur les conséquences de l'incursion d'une épidémie et de mesurer l'impact des stratégies d'intervention pour endiguer l'épidémie. Grâce à la modélisation épidémiologique, les grandes campagnes de vaccination sont actuellement planifiées. De cette façon, les gouvernements ont réussi à quasiment éradiquer quelques maladies autrefois considérées comme in-

contrôlables. Sans la modélisation, il est difficile de comprendre la dynamique d'une épidémie, car le processus de transmission d'un individu infecté vers un individu susceptible est un processus non linéaire qui repose à la fois sur l'effectif des individus sensibles et l'effectif des individus infectés. Mis à part les intérêts susmentionnés, notons que la modélisation peut contribuer à améliorer la lutte contre les maladies : par l'analyse et l'évaluation des différentes stratégies de lutte ; par la recherche des différentes stratégies à adopter dans diverses situations (préparation des plans d'urgence) ; par la recherche des ressources nécessaires pour les différentes stratégies de lutte contre les éventuelles épidémies (planification des ressources) ; par l'évaluation des risques, qui permet d'identifier les domaines prioritaires, c'est-à-dire associés à un risque potentiel maximal, et de mieux cibler les activités de préparation et de surveillance ; par l'évaluation de l'efficacité des différentes stratégies de surveillance ; par la mise à disposition lors des épidémies d'un soutien tactique reposant sur l'analyse et la vérification des hypothèses en prenant certaines précautions.

Dans ce mémoire, nous nous intéresserons à la modélisation mathématique d'une épidémie de peste porcine. La peste porcine est une maladie virale fortement contagieuse des porcs domestiques et sauvages dont les conséquences socio-économiques peuvent être dévastatrices, surtout pour les économies rurales des pays du sud. Malgré les efforts faits pour endiguer la peste porcine dans le monde, cette maladie est toujours présente dans beaucoup de pays d'Amérique du sud et centrale, d'Afrique et du sud-Est de l'Asie. Quelques épidémies de peste porcine classique ont été notées dans certains pays d'Europe entre 1996 et 2007 [11, 10]. Une épidémie de peste porcine est très difficile à contenir à cause du mode de contagion facile du virus et de la capacité de ce dernier à voyager sur de longues distances. En effet, lors d'une épidémie de peste porcine classique, la propagation du virus d'un porc infecté vers un autre susceptible peut se produire par contact direct ou indirect [5]. Le

contact direct suppose le contact effectif d'un porc infecté et d'un porc susceptible tandis que le contact indirect fait allusion au contact d'un porc susceptible avec un objet ou un autre être vivant contaminé (insectes, matériels ou les agents). Notre objectif dans ce mémoire est de proposer un modèle mathématique déterministe de propagation du virus de la peste porcine lors d'une épidémie. Le modèle que nous proposons sera écrit sous la forme de système d'équations différentielles ordinaires. Le modèle proposé nous permettra de simuler la diffusion potentielle de la peste porcine classique dans une ferme. A travers l'analyse mathématique du modèle, il nous sera possible de déterminer des conditions nécessaires et suffisantes pour endiguer l'épidémie. Récemment, quelques modèles ont été développés pour simuler la diffusion d'une épidémie de peste porcine dans des régions telles que la Belgique, l'Allemagne, l'Australie et le Netherland [7, 8].

Pour mener à bien notre travail, nous l'avons organisé de la manière suivante. Le chapitre 2 est consacré aux préliminaires dans lesquels nous faisons le rappel de quelques définitions et propriétés sur les systèmes d'équations différentielles ordinaires. Nous y présentons brièvement aussi quelques modèles épidémiologiques classiques.

Le chapitre 3 est consacré à la présentation et à l'analyse mathématique d'un modèle de peste porcine.

Le quatrième et dernier chapitre est réservé à la conclusion de notre travail.

Chapitre 2

Préliminaires

2.1 Systèmes dynamiques

2.1.1 Systèmes dynamiques à temps continu

Définition 2.1.1 *On appelle système dynamique à temps continu sur un ensemble D , une famille d'applications $\{\phi_t, t \in \mathbb{R}_+\}$ ou $\{\phi_t, t \in \mathbb{R}\}$, paramétrée soit par l'ensemble des réels positifs ou nuls soit par l'ensemble \mathbb{R} de tous les réels et vérifiant les propriétés suivantes :*

1. *Chaque application ϕ_t est définie sur une partie \mathcal{U}_t de D et à valeurs dans D ;*
2. *L'application ϕ_0 définie sur D tout entier est une application identité sur D ;*
3. *Soient t et s deux éléments de \mathbb{R}_+ ou \mathbb{R} qui paramètrent la famille d'applications considérées.*

Soit $x \in \mathcal{U}_s$, alors ϕ_s est un élément de \mathcal{U}_t si et seulement si x est un élément de \mathcal{U}_{t+s} et, lorsque c'est le cas, on a :

$$\phi_t(\phi_s(x)) = \phi_{t+s}(x)$$

L'ensemble D est appelé espace des phases du système dynamique.

2.1.2 Systèmes dynamiques autonomes

Soit K un ouvert de \mathbb{R}^n , considérons l'équation différentielle autonome définie sur K par

$$\dot{x} = X(x) \quad (2.1)$$

On suppose que $X : K \subset \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$ est assez régulière pour ne pas poser de problème quant à l'existence et l'unicité de la solution du problème de Cauchy associé à l'équation (2.1).

Les états stationnaires du système ou points d'équilibres du système (2.1) sont des points $x_0 \in K$ tels que $X(x_0) = 0$. Pour chaque $x \in K$, notons par $X_t(x)$ la solution du système (2.1) satisfaisant $X_0(x) = x$. On suppose que $X_t(x)$ est continue en (t, x) .

Définition 2.1.2 On appelle trajectoire d'un point x de K l'application :

$$X_x : t \mapsto X_t(x).$$

On appelle orbite d'un point x l'ensemble $\{X_t(x), t \in \mathbb{R}\}$.

L'orbite d'un point x de K est dite périodique si x n'est pas un point d'équilibre et s'il existe $T \in \mathbb{R}_+$ tel que $X_{t+T}(x) = X_t(x)$ pour tout $t > 0$. On dit alors que T est la période de l'orbite périodique considérée.

Définition 2.1.3 Soit $x_0 \in K$ un point d'équilibre du système (2.1). On appelle bassin d'attraction du point d'équilibre $x_0 \in K$, l'ensemble des éléments $x \in K$ tels que pour tout $t \in \mathbb{R}_+$, $X_t(x)$ soit défini et que

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

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

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

Définition 2.1.4 *Supposons que le système (2.1) est tel que X est de classe C^1 et que K est un ouvert de \mathbb{R}^n . Supposons de plus que cette équation admet des solutions quelque soit $t \leq 0$. Un sous ensemble D de K est dit absorbant suivant (2.1) si tout sous ensemble borné D_1 de K satisfait $x(t, D_1) \subset D$ pour tout temps t suffisamment grand. De même, D est dit absorbant lorsque pour toute condition initiale x_0 , il existe $T > 0$ tel que $X_t(x_0) \in D$ pour tout $t > T$.*

Définition 2.1.5 *Un sous ensemble D de K est dit positivement (respectivement négativement) invariant relativement à l'équation (2.1) si $x(t, D) \subset D$ pour tout $t > 0$ (respectivement $t \leq 0$). D est dit invariant si $x(t, D) = D$ pour tout t .*

Définition 2.1.6 *Soit $x_0 \in K$ un point d'équilibre du système (2.1). On dit que x_0 est un point d'équilibre stable pour le système (2.1) ou que le système (2.1) est stable en x_0 si pour tout $\varepsilon > 0$, il existe un nombre réel $\delta > 0$ tel que pour tout $x(0) \in K$ avec $\|x(0) - x_0\| < \delta$, la solution $X_t(x(0)) = x(t)$ est définie pour tout $t \geq 0$ et satisfait $\|x(t) - x_0\| < \varepsilon$ pour tout $t > 0$.*

Si de plus, il existe ε_0 tel que $0 < \varepsilon_0 < \varepsilon$ et

$$\|x(0) - x_0\| < \varepsilon \Rightarrow \lim_{t \rightarrow \infty} x(t) = x_0,$$

x_0 est dit asymptotiquement stable. Le système est instable lorsque x_0 n'est pas stable.

Nous allons présenter quelques résultats de stabilité des systèmes linéaires autonomes très importants dans l'étude de la stabilité du modèle que nous allons présenter au chapitre suivant.

2.1.3 Stabilité des systèmes linéaires autonomes

Définitions (stabilité des systèmes linéaires)

Soit le système temps-invariable linéaire :

$$\begin{cases} \dot{x} = Ax \\ x \in \mathbb{R}^n, \end{cases} \quad (2.2)$$

la solution de cette équation est donnée par $X_t(x) = e^{tA}x$. Par conséquent, les conditions précédentes de stabilité peuvent être exprimées en terme de valeurs propres de la matrice A :

Le système (2.2) est asymptotiquement stable si et seulement si il est globalement asymptotiquement stable si et seulement si toutes les valeurs propres de A sont à parties réelles négatives. (Dans ce cas, nous disons que A est un Hurwitz ou A est une matrice stable).

Si la matrice A a au moins une valeur propre à partie réelle positive, alors le système (2.2) est instable. Dans ce cas, A est une matrice instable .

Une matrice qui n'est ni stable ni instable est appelée matrice critique. Toutes les valeurs propres d'une matrice critique sont à parties réelles non-positives et au moins l'une d'entre elles est a partie réelle nulle (zéro). Les valeurs propres a parties réelles nulles sont appelées valeurs propres critiques ou racines caractéristiques critiques. Dans ce cas le système (2.2) peut être marginalement stable (stable mais attractive) si toutes les racines caractéristiques critiques sont les racines simples du polynôme minimal de A . Autrement dit, l'équilibre est instable.

2.1.4 Stabilité par approximation linéaire :

$$\dot{x} = X(x), x \in \Omega. \quad (2.3)$$

Nous supposons que $0 \in \Omega$; $X(0) = 0$ et X est de classe \mathcal{C}^1 .

Soit A la matrice jacobienne de X à l'origine. $A = \frac{\partial X}{\partial x}(0)$

Si A est Hurwitz, alors le système (2.3) est localement asymptotiquement stable.

Problème : Aucune information sur la région d'attraction. Ce n'est pas une condition nécessaire.

Si A a au moins une valeur propre à partie réelle positive, alors le système (2.3) est instable. Si A est critique, alors la technique de linéarisation ne permet pas de conclure au sujet des propriétés du système non-linéaire (2.3).

2.1.5 Fonctions de Lyapunov

La théorie de Lyapunov joue un rôle central dans l'étude théorique de la stabilisation des systèmes non linéaires. On introduit les définitions suivantes.

Soit $U : K \subset \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$ une fonction continue.

Définition 2.1.7 - La fonction U est dite définie positive si $U(x_0) = 0$ et $U(x) > 0$ dans un voisinage K_0 de x_0 pour tout $x \neq x_0$ dans ce voisinage.

- La fonction U est dite définie négative si $-U$ est définie positive.

- La fonction U est dite semi-définie positive si $U(x_0) = 0$ et $U(x) \geq 0$ dans un voisinage K_0 de x_0 .

Définition 2.1.8 Une fonction V de classe \mathcal{C}^1 définie positive dont la dérivée par rapport au temps \dot{V} est semi définie négative est appelée fonction de Lyapunov large pour le système (2.1). Si de plus \dot{V} est définie négative, alors V est une fonction de Lyapunov stricte pour le système (2.1).

Théorème 2.1.1 (de Lyapunov) - Si le système (2.1) admet une fonction de Lyapunov large sur K , alors le point d'équilibre x_0 est stable.

- Si le système (2.1) admet une fonction de Lyapunov stricte sur K , alors le point d'équilibre x_0 est asymptotiquement stable.



Ce théorème nous dit que pour montrer qu'un point d'équilibre est stable, il suffit de trouver une fonction de Lyapunov en ce point. Pour utiliser ce théorème original de Lyapunov dans le but de prouver qu'un point d'équilibre est asymptotiquement stable, nous devons trouver une fonction de Lyapunov stricte. Cette opération n'est en général pas une exercice facile. la condition sur la dérivée peut être allégée en employant le principe d'invariance de LaSalle [9].

2.2 Exemple de modèles mathématiques en biologie

Le modèle proie-prédateur sans compétition

Le modèle proie-prédateur de Lotka-Volterra est un modèle qui s'intéresse deux populations dont les effectifs au temps t sont respectivement notés $N(t)$ et $P(t)$, la seconde (les prédateurs) se nourrissant de la première (les proies). On fait les hypothèses suivantes (inévitablement simplificatrices!) :

- les proies $x(t)$ disposent de nourriture en quantité illimitée, seuls les prédateurs $P(t)$ s'opposent à leur croissance et en l'absence de prédateurs la population des proies a une croissance exponentielle (modèle malthusien).
- le nombre de prédateurs est limité par la quantité de proies dont ils disposent pour se nourrir et en l'absence de proies, la population des prédateurs a une décroissance exponentielle (modèle malthusien).
- le nombre de rencontres entre proies et prédateurs est à la fois proportionnel à $N(t)$ et $P(t)$ donc proportionnel au produit $N(t)P(t)$.
- Le taux de disparition des proies ainsi que le taux de croissance des prédateurs dus à ces rencontres sont l'un et l'autre proportionnels au nombre de rencontres entre les deux populations.

Sous ces hypothèses, le modèle proie-prédateur de Lotka-Volterra s'écrit :

$$\begin{cases} \dot{N} = aN - bNP \\ \dot{P} = -cP + ebNP \end{cases} \quad (2.4)$$

où $a > 0$ est le taux de natalité naturel des proies, $c > 0$ le taux de mortalité naturel des prédateurs, $b > 0$ et $e > 0$ sont des coefficients d'interaction entre les deux populations. Pour des raisons évidentes, on ne s'intéresse à ce système que pour des valeurs de N et P positives.

Le modèle (2.4) a deux équilibres : l'équilibre $(0,0)$ nul biologiquement indésirable parce que correspondant à la disparition des deux espèces et l'équilibre $(N^*, P^*) = \left(\frac{c}{eb}, \frac{a}{b}\right)$.

Proposition 2.2.1

L'équilibre non trivial $(N^*, P^*) = \left(\frac{c}{eb}, \frac{a}{b}\right)$ du modèle proie-prédateur de Lotka-Volterra est globalement stable.

Preuve 2.2.1

La linéarisation du système (2.1) autour du point (N^*, P^*) mène à :

$$\begin{pmatrix} \dot{N} \\ \dot{P} \end{pmatrix} = \underbrace{\begin{pmatrix} 0 & -\frac{c}{e} \\ ea & 0 \end{pmatrix}}_{A_1} \begin{pmatrix} N \\ P \end{pmatrix}.$$

La matrice A_1 a deux valeurs propres dont les parties réelles sont zéro, ainsi la méthode de linéarisation ne fournit aucune information sur la stabilité du système non linéaire (2.4). Dans cette situation, nous allons chercher à appliquer le théorème de stabilité Lyapunov.

Soit Ω l'intérieur du quart de cercle positif, c'est-à-dire,

$\Omega = \mathbb{R}_+^2 = \{(N, P) \in \mathbb{R}^2 : N > 0, P > 0\}$.

Soit V la fonction définie sur Ω par :

$$V(N, P) = ebN - c \log\left(\frac{eb}{c}N\right) + bP - a \log\left(\frac{b}{a}P\right) - (a + c)$$

Cette fonction est définie positive au point $(N^*, P^*) : V(N^*, P^*) = 0$ et $V(N, P) > 0$ pour tout $N \neq N^*$ et $P \neq P^*$. La fonction V est propre sur Ω .

En effet, on a :

$$V(\Omega) = [0, +\infty)$$

$$\lim_{\|(N,P)\| \rightarrow +\infty} V(N, P) = +\infty$$

$$\lim_{N \rightarrow 0} V(N, P) = +\infty$$

$$\lim_{P \rightarrow 0} V(N, P) = +\infty$$

De plus, sa dérivée en fonction de temps notée \dot{V} est nulle le long des trajectoires. Par conséquent, par le théorème de Lyapunov, l'équilibre non trivial (N^*, P^*) est stable. Puisque V est propre sur Ω , alors toutes les solutions sont bornées.

La fonction V ci-dessus est connue sous le nom de fonction écologique de Lyapunov.

Modèle proie-prédateur avec compétition

Dans le modèle proie-prédateur précédent, on fait maintenant l'hypothèse qu'il y a une compétition entre les espèces. Nous obtenons le modèle avec compétition suivant :

$$\begin{cases} \dot{N} = aN - bNP - fN^2 \\ \dot{P} = -cP + ebNP - gP^2 \end{cases} \quad (2.5)$$

f et g sont respectivement les paramètres d'interaction entre les proies et prédateurs. L'équilibre non trivial du système (2.5) est : $(N^*, P^*) = \left(\frac{ag + bc}{eb^2 + fg}, \frac{abe - cf}{eb^2 + fg}\right)$. Cet équilibre appartient à Ω si et seulement si $abe - cf > 0$. On suppose que cette hypothèse est vérifiée

Proposition 2.2.2

L'équilibre non trivial $(N^*, P^*) = \left(\frac{ag + bc}{eb^2 + fg}, \frac{abe - cf}{eb^2 + fg} \right)$ du modèle proie-prédateur (2.5) est globalement et asymptotiquement stable.

Preuve 2.2.2

Soit la fonction V définie par :

$$V(N, P) = eN^* \left(\frac{N}{N^*} - \log\left(\frac{N}{N^*}\right) \right) + P^* \left(\frac{P}{P^*} - \log\left(\frac{P}{P^*}\right) \right) - eN^* - P^*.$$

La fonction V est positive sur Ω , $V(N^*, P^*) = 0$ et V est une fonction propre sur Ω . Sa dérivée en fonction du temps le long des solutions du système (2.5) vérifie :

$$\dot{V}(N, P) = \left\langle \begin{pmatrix} aN - bNP - fN^2 \\ -cP + ebNP - gP^2 \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} \frac{\partial V}{\partial N} \\ \frac{\partial V}{\partial P} \end{pmatrix} \right\rangle = -ef(N - N^*)^2 - g(P - P^*)^2.$$

$\dot{V}(N, P) < 0$ pour tout $(N, P) \in \Omega \setminus \{(N^*, P^*)\}$ et $V(N, P) = 0$.

Ainsi, par la version du théorème de Lyapunov, nous concluons que l'équilibre non trivial (N^*, P^*) est globalement asymptotiquement stable.

Chapitre 3

Modélisation d'une épidémie de peste porcine classique

3.1 Formulation mathématique du modèle

On considère F_1 et F_2 deux fermes séparées par une distance d et où sévit une épidémie de peste porcine. Soit N la population totale dans les fermes F_1 et F_2 .

Soient les notations suivantes :

S_1 et S_2 sont respectivement les nombres de susceptibles dans les fermes F_1 et F_2 ;

I_1 et I_2 sont respectivement les nombres d'infectés dans les fermes F_1 et F_2 ;

β_1 et β_2 sont respectivement les taux d'infections des susceptibles par les infectés dans les fermes F_1 et F_2 ;

τ_1 est la probabilité de transport des susceptibles de la ferme F_1 vers la ferme F_2 ;

τ_2 est la probabilité de transport des susceptibles de la ferme F_2 vers la ferme F_1 ;

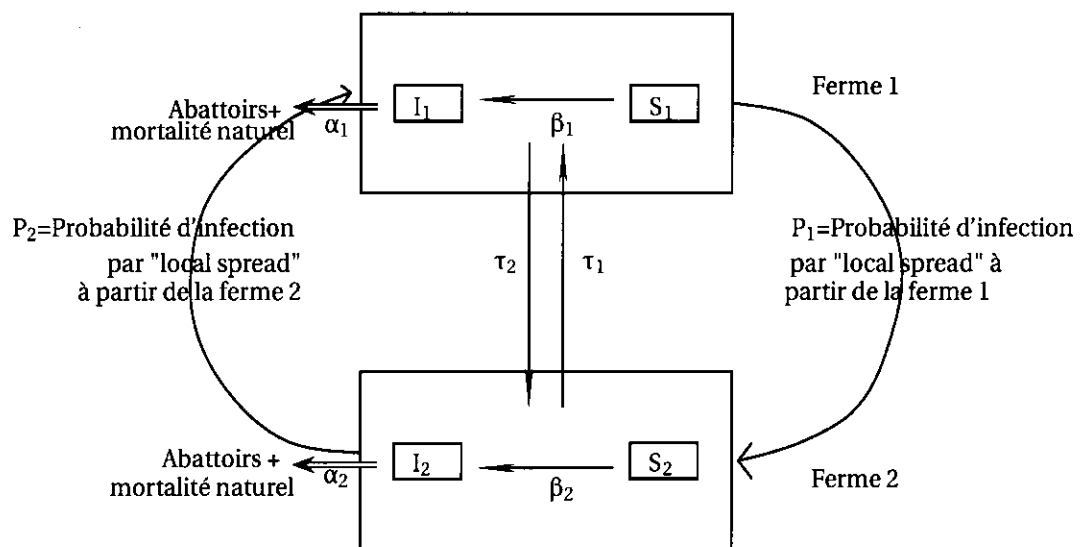
P_1 et P_2 sont respectivement les probabilités d'infections par "local spread" à partir des fermes F_1 et F_2 ;

α_1 : Taux de mortalité naturel + taux de mortalité due aux abattoirs dans la ferme F_1 ;

*CHAPITRE 3. MODÉLISATION D'UNE ÉPIDÉMIE DE PESTE PORCINE
CLASSIQUE*

α_2 : Taux de mortalité naturel + taux de mortalité due aux abattoirs dans la ferme F_2 .

Diagramme des flux



*CHAPITRE 3. MODÉLISATION D'UNE ÉPIDÉMIE DE PESTE PORCINE
CLASSIQUE*

On suppose que $N = S_1 + S_2 + I_1 + I_2$. C'est-à-dire que la population totale dans les deux fermes est constante car les porcs qui meurent sont remplacés par des porcs sains venant dans d'autres fermes.

Remarque 3.1.1 P_1 et P_2 dépendent de la distance entre les fermes F_1 et F_2 .

Suivant les notations et suppositions précédentes, l'évolution au cours du temps de S_1, I_1, S_2 et I_2 représentant respectivement les susceptibles dans la ferme F_1 , les infectés dans la ferme F_1 , les susceptibles dans la ferme F_2 et les infectés dans la ferme F_2 est décrit par le système d'équations différentielles ordinaires suivant :

$$\left\{ \begin{array}{l} \dot{S}_1 = \alpha_1 I_1 - \beta_1 S_1 I_1 - \frac{P_2}{N} S_1 I_2 - \tau_1 S_1 + \tau_2 S_2 \\ \dot{S}_2 = \alpha_2 I_2 - \beta_2 S_2 I_2 - \frac{P_1}{N} S_2 I_1 + \tau_1 S_1 - \tau_2 S_2 \\ \dot{I}_1 = \beta_1 S_1 I_1 + \frac{P_2}{N} S_1 I_2 - \alpha_1 I_1 - \tau_1 I_1 + \tau_2 I_2 \\ \dot{I}_2 = \beta_2 S_2 I_2 + \frac{P_1}{N} S_2 I_1 - \alpha_2 I_2 + \tau_1 I_1 - \tau_2 I_2 \end{array} \right. \quad (3.1)$$

3.2 Analyse mathématique du modèle

3.2.1 Les points d'équilibre du modèle

Nous nous intéressons dans ce paragraphe à l'étude des points d'équilibre du modèle (3.1). Afin de simplifier les calculs, nous allons chercher à simplifier le système en diminuant le nombre de paramètres. Pour cela, on divise les équations du modèle (3.1) par N . On obtient alors le nouveau système :

CHAPITRE 3. MODÉLISATION D'UNE ÉPIDÉMIE DE PESTE PORCINE
CLASSIQUE

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{\dot{S}_1}{N} = \alpha_1 \frac{I_1}{N} - \beta_1 N \frac{S_1}{N} \frac{I_1}{N} - P_2 \frac{S_1}{N} \frac{I_2}{N} - \tau_1 \frac{S_1}{N} + \tau_2 \frac{S_2}{N} \\ \frac{\dot{S}_2}{N} = \alpha_2 \frac{I_2}{N} - \beta_2 N \frac{S_2}{N} \frac{I_2}{N} - P_1 \frac{S_2}{N} \frac{I_1}{N} + \tau_1 \frac{S_1}{N} - \tau_2 \frac{S_2}{N} \\ \frac{\dot{I}_1}{N} = \beta_1 N \frac{S_1}{N} \frac{I_1}{N} + P_2 \frac{S_1}{N} \frac{I_2}{N} - \alpha_1 \frac{I_1}{N} - \tau_1 \frac{I_1}{N} + \tau_2 \frac{I_2}{N} \\ \frac{\dot{I}_2}{N} = \beta_2 N \frac{S_2}{N} \frac{I_2}{N} + P_1 \frac{S_2}{N} \frac{I_1}{N} - \alpha_2 \frac{I_2}{N} + \tau_1 \frac{I_1}{N} - \tau_2 \frac{I_2}{N} \end{array} \right. \quad (3.2)$$

Posons :

$$\frac{S_1}{N} = s_1 ; \frac{S_2}{N} = s_2 ; \beta_1 N = \beta_1 \quad \text{et} \quad \frac{I_1}{N} = i_1 ; \frac{I_2}{N} = i_2 ; \beta_2 N = \beta_2$$

On obtient le système équivalent :

$$\left\{ \begin{array}{l} \dot{s}_1 = \alpha_1 i_1 - \beta_1 s_1 i_1 - P_2 s_1 i_2 - \tau_1 s_1 + \tau_2 s_2 \\ \dot{s}_2 = \alpha_2 i_2 - \beta_2 s_2 i_2 - P_1 s_2 i_1 + \tau_1 s_1 - \tau_2 s_2 \\ \dot{i}_1 = \beta_1 s_1 i_1 + P_2 s_1 i_2 - \alpha_1 i_1 - \tau_1 i_1 + \tau_2 i_2 \\ \dot{i}_2 = \beta_2 s_2 i_2 + P_1 s_2 i_1 - \alpha_2 i_2 + \tau_1 i_1 - \tau_2 i_2 \end{array} \right. \quad (3.3)$$

Soit (s_1, s_2, i_1, i_2) un point d'équilibre du système : (3.3). Alors on a :

$$(E_1) : \left\{ \begin{array}{l} \alpha_1 i_1 - \beta_1 s_1 i_1 - P_2 s_1 i_2 - \tau_1 s_1 + \tau_2 s_2 = 0 \quad (1) \\ \alpha_2 i_2 - \beta_2 s_2 i_2 - P_1 s_2 i_1 + \tau_1 s_1 - \tau_2 s_2 = 0 \quad (2) \\ \beta_1 s_1 i_1 + P_2 s_1 i_2 - \alpha_1 i_1 - \tau_1 i_1 + \tau_2 i_2 = 0 \quad (3) \\ \beta_2 s_2 i_2 + P_1 s_2 i_1 - \alpha_2 i_2 + \tau_1 i_1 - \tau_2 i_2 = 0 \quad (4) \end{array} \right.$$

En remplaçant l'équation (1) du système (E_1) par $(1)+(3)$ on obtient :

$$\alpha_1 i_1 - \beta_1 s_1 i_1 - P_2 s_1 i_2 - \tau_1 s_1 + \tau_2 s_2 + \beta_1 s_1 i_1 + P_2 s_1 i_2 - \alpha_1 i_1 - \tau_1 i_1 + \tau_2 i_2 = 0,$$

CHAPITRE 3. MODÉLISATION D'UNE ÉPIDÉMIE DE PESTE PORCINE
CLASSIQUE

alors on a : $-\tau_1(s_1 + i_1) + \tau_2(s_2 + i_2) = 0$ (\star)

En remplaçant l'équation (2) du système (E_1) par (2)+(4) on obtient :

$$\alpha_2 i_2 - \beta_2 s_2 i_2 - P_1 s_2 i_1 + \tau_1 s_1 - \tau_2 s_2 + \beta_2 s_2 i_2 + P_1 s_2 i_1 - \alpha_2 i_2 + \tau_1 i_1 - \tau_2 i_2 = 0,$$

alors on a : $\tau_1(s_1 + i_1) - \tau_2(s_2 + i_2) = 0$ ($\star\star$)

D'après (\star) et ($\star\star$), on a le système réduit :

$$(E_2) : \begin{cases} -\tau_1(s_1 + i_1) + \tau_2(s_2 + i_2) = 0 \\ \beta_1 s_1 i_1 + P_2 s_1 i_2 - \alpha_1 i_1 - \tau_1 i_1 + \tau_2 i_2 = 0 \\ \beta_2 s_2 i_2 + P_1 s_2 i_1 - \alpha_2 i_2 + \tau_1 i_1 - \tau_2 i_2 = 0 \end{cases}$$

Puisque $S_1 + S_2 + I_1 + I_2 = N$, alors $s_1 + s_2 + i_1 + i_2 = 1$,

donc $i_1 = 1 - s_2 - i_2 - s_1$

d'où le système (E_2) devient

$$(E_3) : \begin{cases} -\tau_1(1 - s_2 - i_2) + \tau_2(s_2 + i_2) = 0 \\ (\beta_1 s_1 - \alpha_1 - \tau_1)i_1 + P_2 s_1 i_2 + \tau_2 i_2 = 0 \\ \beta_2 s_2 i_2 + (P_1 s_2 + \tau_1)i_1 - \alpha_2 i_2 - \tau_2 i_2 = 0 \end{cases}$$

Dans le but de simplifier d'avantage les calculs, on suppose que

$$\begin{aligned} \tau_1 &= \tau_2 = \tau \\ \beta_1 &= \beta_2 = \beta \\ \alpha_1 &= \alpha_2 = \alpha \\ P_1 &= P_2 = P \end{aligned}$$

CHAPITRE 3. MODÉLISATION D'UNE ÉPIDÉMIE DE PESTE PORCINE
CLASSIQUE

(Cette hypothèse n'est pas réaliste, il sert juste à simplifier les calculs). Alors (E_3) devient :

$$(E_4) \begin{cases} s_2 + i_2 = \frac{1}{2} & (5) \\ (\beta s_1 - \alpha - \tau)(1 - s_1 - s_2 - i_2) + P s_1 i_2 + \tau i_2 = 0 & (6) \\ (P s_2 + \tau)(1 - s_1 - s_2 - i_2) + \beta s_2 i_2 + \alpha i_2 - \tau i_2 = 0 & (7) \end{cases}$$

Divisons les lignes (6) et (7) par τ on a :

$$(E_4) : \begin{cases} s_2 + i_2 = \frac{1}{2} \\ \left(\frac{\beta s_1}{\tau} - \frac{\alpha}{\tau} - 1\right)(1 - s_1 - s_2 - i_2) + \frac{P}{\tau} s_1 i_2 + i_2 = 0 \\ \left(\frac{P s_2}{\tau} + 1\right)(1 - s_1 - s_2 - i_2) + \frac{\beta}{\tau} s_2 i_2 + \frac{\alpha}{\tau} i_2 - i_2 = 0 \end{cases}$$

Posons :

$$\beta_\tau = \frac{\beta}{\tau}; \alpha_\tau = \frac{\alpha}{\tau}; P_\tau = \frac{P}{\tau}$$

On obtient le système suivant :

$$(E_5) : \begin{cases} s_2 + i_2 = \frac{1}{2} & (8) \\ (\beta_\tau s_1 - \alpha_\tau - 1)(1 - s_1 - s_2 - i_2) + P_\tau s_1 i_2 + i_2 = 0 & (9) \\ (P_\tau s_2 + 1)(1 - s_1 - s_2 - i_2) + \beta_\tau s_2 i_2 + \alpha_\tau i_2 - i_2 = 0 & (10) \end{cases}$$

En admettant la condition $-2\alpha + \beta + P > 0$, le système (E_5) admet deux solutions positives :

$$(s_1, s_2, i_2) = \left(\frac{1}{2}, \frac{1}{2}, 0\right)$$

$$(s_1, s_2, i_2) = \left(\frac{\alpha}{\beta + P}, \frac{\alpha}{\beta + P}, \frac{1 - 2\alpha + \beta + P}{2(\beta + P)}\right).$$

CHAPITRE 3. MODÉLISATION D'UNE ÉPIDÉMIE DE PESTE PORCINE
CLASSIQUE

On en déduit que le système (E_2) admet deux solutions positives qui correspondent aux points d'équilibres positifs du modèle (3.3). Ces points d'équilibre sont :

$$(s_1, s_2, i_1, i_2) = \left(\frac{1}{2}, \frac{1}{2}, 0, 0\right)$$
$$(s_1, s_2, i_1, i_2) = \left(\frac{\alpha}{\beta + P}, \frac{\alpha}{\beta + P}, \frac{1 - 2\alpha + \beta + P}{2(\beta + P)}, \frac{1 - 2\alpha + \beta + P}{2(\beta + P)}\right)$$

3.2.2 Stabilité du modèle

Nous nous intéressons dans cette partie à l'étude de la stabilité du modèle (3.3) autour des points d'équilibres positifs. Nous avons la proposition suivante :

Proposition 3.2.1

- i) L'équilibre sans maladie $\left(\frac{1}{2}, \frac{1}{2}, 0, 0\right)$ du modèle (3.3) est instable.
- ii) L'équilibre endémique $\left(\frac{\alpha}{\beta + P}, \frac{\alpha}{\beta + P}, \frac{1 - 2\alpha + \beta + P}{2(\beta + P)}, \frac{1 - 2\alpha + \beta + P}{2(\beta + P)}\right)$ est stable.

Preuve 3.2.1

Soit F la fonction telle que le modèle (3.3) s'écrit sous la forme condensée :

$$\begin{pmatrix} \dot{s}_1 \\ \dot{i}_1 \\ \dot{s}_2 \\ \dot{i}_2 \end{pmatrix} = F \begin{pmatrix} s_1 \\ i_1 \\ s_2 \\ i_2 \end{pmatrix}$$

Soient J_0 et J_1 les matrices jacobiniennes respectives de F aux points d'équilibre $\left(\frac{1}{2}, \frac{1}{2}, 0, 0\right)$ et $\left(\frac{\alpha}{\beta + P}, \frac{\alpha}{\beta + P}, \frac{1 - 2\alpha + \beta + P}{2(\beta + P)}, \frac{1 - 2\alpha + \beta + P}{2(\beta + P)}\right)$.

Alors on a :

CHAPITRE 3. MODÉLISATION D'UNE ÉPIDÉMIE DE PESTE PORCINE
CLASSIQUE

$$J_0 = \begin{pmatrix} -\tau & \tau & \alpha - \frac{\beta}{2} & -\frac{P}{2} \\ \tau & -\tau & -\frac{P}{2} & \alpha - \frac{\beta}{2} \\ 0 & 0 & \frac{\beta}{2} - \alpha - \tau & \frac{P}{2} + \tau \\ 0 & 0 & \frac{P}{2} + \tau & \frac{\beta}{2} - \alpha - \tau \end{pmatrix}$$

et

$$J_1 = \begin{pmatrix} -\beta\theta - p\theta - \tau & \tau & \alpha - \frac{\alpha\beta}{\beta + P} & \frac{-p\alpha}{\beta + P} \\ \tau & -\beta\theta - p\theta - \tau & \frac{-p\alpha}{\beta + p} & \alpha - \frac{\alpha\beta}{\beta + p} \\ \beta\theta + p\theta & 0 & \frac{\alpha\beta}{\beta + p} - \alpha - \tau & \frac{p\alpha}{\beta + p} + \tau \\ 0 & \beta\theta + p\theta & \frac{p\alpha}{\beta + p} + \tau & \frac{\alpha\beta}{\beta + p} - \alpha - \tau \end{pmatrix}$$

avec

$$\theta = \frac{1 - 2\alpha + \beta + p}{2(\beta + p)}$$

Soient $\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3, \lambda_4$ les valeurs propres de la matrice J_0 et $\lambda_5, \lambda_6, \lambda_7, \lambda_8$ les valeurs

propres de la matrice J_1 . On a :

$$\left\{ \begin{array}{l} \lambda_1 = 0 \\ \lambda_2 = -2\tau \\ \lambda_3 = -2\alpha + \beta + P \\ \lambda_4 = -2\alpha + \beta - 4\tau - P \end{array} \right.$$

et

$$\left\{ \begin{array}{l} \lambda_5 = 0 \\ \lambda_6 = -2\tau \\ \lambda_7 = -\beta\theta - p\theta \\ \lambda_8 = -\frac{\beta^2\theta + 2\beta p\theta + p^2\theta + 2\alpha p + 2\beta\tau + 2p\tau}{\beta + p} \end{array} \right.$$

La matrice jacobienne J_0 admet une valeur propre $\lambda_3 = -2\alpha + \beta + P$ positive, alors le point d'équilibre sans maladie du modèle (3.3) est instable.

La matrice jacobienne J_1 a toutes ses valeurs propres qui sont négatives, alors le point d'équilibre endémique du modèle (3.3) est localement stable.

3.3 Simulations numériques

Sur cette partie, nous simulons les trajectoires des susceptibles et des infectés dans les fermes F_1 et F_2 pour des conditions initiales assez proches de l'équilibre endémique. On remarque que les trajectoires restent bornées lorsque la condition

CHAPITRE 3. MODÉLISATION D'UNE ÉPIDÉMIE DE PESTE PORCINE CLASSIQUE

initiale est prise assez proche de l'équilibre endémique. Nous avons écrit le code des simulations avec SCILAB, il est inséré à la page qui viens juste après les simulations.

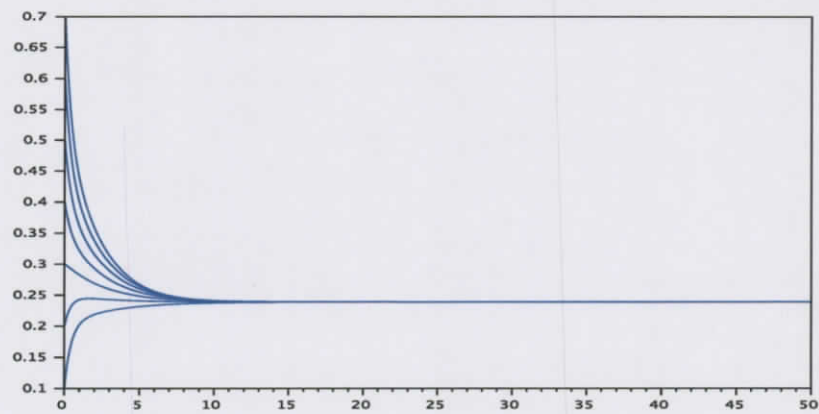


FIGURE 3.2 – Trajectoires autour de l'équilibre endémique des susceptibles dans la ferme 1

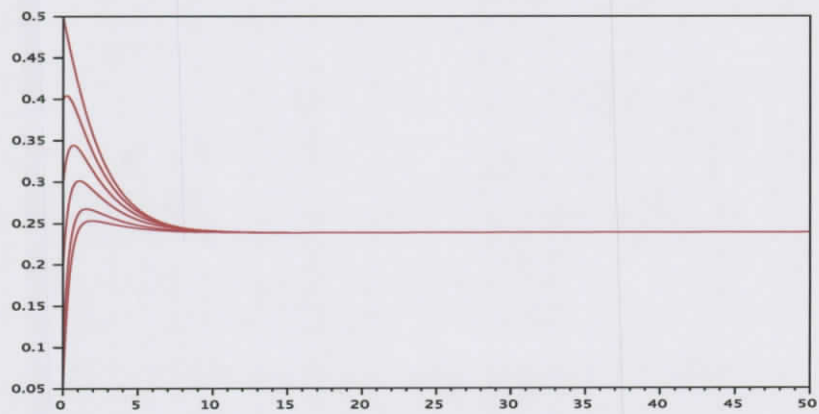


FIGURE 3.3 – Trajectoires autour de l'équilibre endémique des susceptibles dans la ferme 2

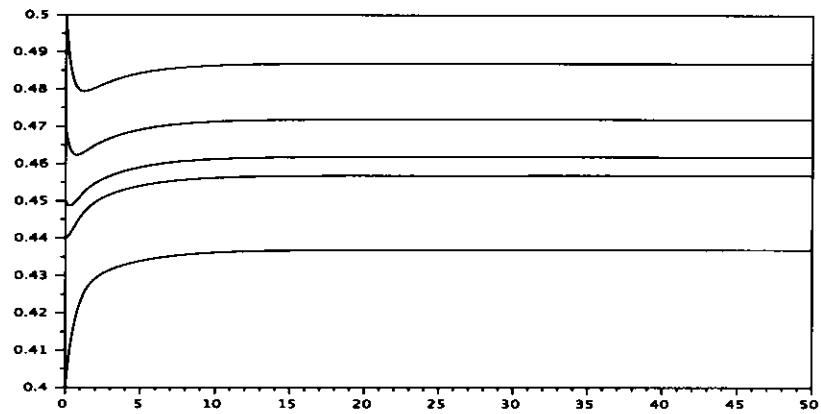


FIGURE 3.4 – Trajectoires autour de l'équilibre endémique des infectés dans la ferme 1

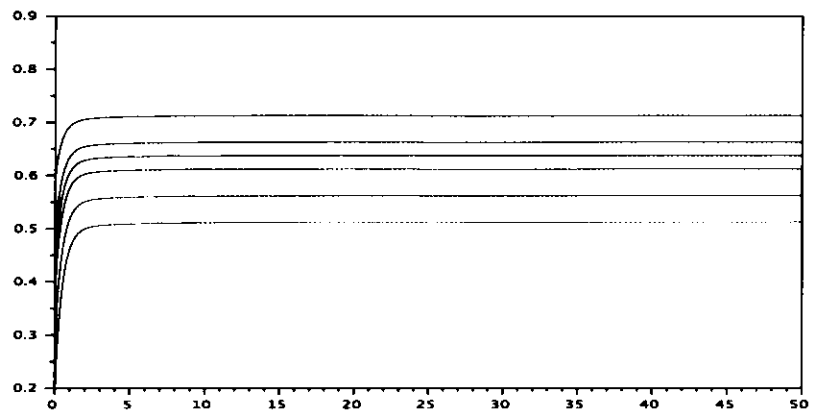


FIGURE 3.5 – Trajectoires autour de l'équilibre endémique des infectés dans la ferme 2

CHAPITRE 3. MODÉLISATION D'UNE ÉPIDÉMIE DE PESTE PORCINE CLASSIQUE

```

1 // Declaration des différents paramètres du modèle
2 a1=0.15 //a1=alpha
3 a2=0.15 //a2=alpha2
4 b1=0.5 //b1=beta1
5 b2=0.5 //b2=beta2
6 t1=1; //t1=tau1
7 t2=1; //t2=tau2
8 p1=0.13; //p1=PI
9 p2=0.13; //p2=P2
10 s1=a1/(b1+p1);
12 s2=(-2*a1+b1+p1)/(b1+p1);
13 N=1;
14 // Implémentation du modèle
15 function ydot=f(t, y)
16     ydot=[a1*y(3)-b1*y(1)*y(3)-p2*y(1)*y(4)/N-t1*y(1)+t2*y(2);
17           a2*y(4)-b2*y(2)*y(4)-p1*y(2)*y(3)/N+t1*y(1)-t2*y(2);
18           b1*y(1)*y(3)+p2*y(1)*y(4)-a1*y(3)-t1*y(3)+t2*y(4);
19           b2*y(2)*y(4)+p1*y(2)*y(3)-a2*y(4)+t1*y(3)-t2*y(4)]
20 endfunction
21 // Initialisation des variables
22 y0=[0.2;0.3;0.47;0.45];
23 t0=0; //temps initial
24 t=0:0.001:50; //temps d'intégration
25 y = ode(y0,t0,t,f); // intégration du modèle
26 plot(t,y(1,:), 'blue') // Simulation des trajectoires des susceptibles dans F1
27
28 plot(t,y(2,:), 'red') // Simulation des trajectoires des susceptibles dans F2
29
30 plot(t,y(3,:), 'black') // Simulation des trajectoires des infectés dans F1
31
32 plot(t,y(4,:), 'green') // Simulation des trajectoires des infectés dans F2
33
34
35

```

Line 32, Column 20.

Chapitre 4

Conclusion

Nous avons commencé ce travail par un premier chapitre qui porte sur le rappel des outils mathématiques que nous avons utilisés tout au long de notre travail. Il s'agit principalement de quelques notions sur les matrices, sur les systèmes dynamiques et sur la stabilité des points d'équilibre d'un système dynamique. Toujours dans ce premier chapitre, nous avons aussi fait le rappel sur la description et l'analyse mathématiques de quelques modèles épidémiologiques très souvent utilisés dans la littérature. L'objectif de ce mémoire étant de s'inspirer de ces exemples de modèles épidémiologiques pour proposer un modèle épidémiologique mathématique qui décrit l'évolution dans le temps d'une épidémie de peste porcine dans une ferme.

Le deuxième chapitre de ce mémoire constitue la partie principale de notre travail. Dans ce chapitre, nous avons considéré deux fermes F_1 et F_2 séparées par une distance d et où sévit une épidémie de peste porcine. Sous certaines hypothèses, nous avons proposé un modèle épidémiologique mathématique qui permet de suivre l'évolution de l'épidémie de la peste dans les fermes F_1 et F_2 . Après avoir élaboré le modèle, nous avons fait une analyse mathématique du modèle en étudiant la stabilité du système dynamique représentant le modèle autour de ces points d'équilibre. Nous avons par la suite proposé des simulations numériques pour illustrer les résultats ob-

tenus dans le cadre de l'analyse mathématique du modèle.

En perspective de ce travail, nous envisageons d'améliorer le modèle en tenant compte de l'effet des mesures de contrôle autre que l'abattage des porcs infectés. Il s'agira pour nous de voir en l'absence de traitement quelles mesures de contrôle il faudra inclure dans le modèle afin que les infectés diminuent ou disparaissent dans un horizon de temps.

Bibliographie

- [1] Anderson, R. M. AND May, R. M. *Infectious Diseases of Humans : Dynamics and control*, Oxford University Press, Oxford, 1991.
- [2] Blower, S. AND Bernoulli, D. *An attempt at a new analysis of the mortality caused by smallpox and of the advantages of inoculation to prevent it*, Rev. Mod. Virol. 14, pp.275-288. 2004
- [3] Diekmann, O. AND Heesterbeek, J.A.P *Mathematical Epidemiology of Infectious Diseases : Model Building, Analysis and Interpretation*, John Wiley and Sons Ltd, 2000.
- [4] Dietz, K. AND Heesterbeek, J.A.P *Bernoulli was ahead of modern epidemiology* Nature, 408, pp.513-514. 2000
- [5] Elbers, A.T.W., Stegeman, A., Moser, H., Ekker, H.M., Smak, J.A., Pluimers, H. *The CSF epidemic 1997-1998 in the Netherlands : descriptive epidemiology* Prev. Vet. Med.. 42 :157-184. 1999.
- [6] Hethcote, H. S. *The mathematics of infectious diseases*, SIAM Review, 42, pp.599-653. 2000.
- [7] Kartsen, S., Rave, G., Krieter, J. *Monte Carlo simulation of classical swine fever epidemics and control I. General concepts and description of the model*. Veterinary Microbiology. 108 : 187-198. 2005
- [8] Klinkenberg, D., De Bree, J., Laevens, H., De Jong, M.C.M. *Whithin- and Between-pen transmission of CSF Virus : a new method to estimate the basic*

reproduction ration from transmission experiments. part I Epidemiol. Infect. 128 : 293-299. 2002.

- [9] LaSalle, J. P. *Stability theory for ordinary differential equations*, J. Differ. equations, 41, pp. 57-65. 1968.
- [10] OIE (2008) *World Animal Health Information Database*.
- [11] OIE (2008) *Handistatus II*
Available at : [http ://www.oie.int/hs2/report.asp?lang=es](http://www.oie.int/hs2/report.asp?lang=es)

