



UNITÉ DE FORMATION ET DE RECHERCHE
DES SCIENCES ET TECHNOLOGIES

Département de Mathématiques
Master Mathématiques et Applications
Option : Systèmes dynamiques

MÉMOIRE DE MASTER

Présenté par :
Fallou DIAGNE

**Transmission de la peste entre hôte et
vecteur : contrôle optimal, application web
et simulation du modèle à base d'agents sur
Gama**

Sous la Direction du **Docteur Mamadou Lamine Diagne**
et sous la supervision du **Professeur Ousmane Seydi**

Soutenu le : 7 Février 2024

Devant le jury composé de :

M. Diène Ngom	Professeur Titulaire, UASZ.	Président
M. Ramsés Djidjou-Demasse	HDR, IRD.	Examineur
M. Timack Ngom	Maître de conférences Titulaire, UASZ.	Examineur
M. Ousmane Seydi	Professeur assimilé, EPT.	Superviseur
M. Mamadou Lamine Diagne	Maître de conférences Titulaire, UIDT.	Directeur

Transmission de la peste entre hôte et
vecteur : Contrôle optimal, application web
et simulation du modèle à base d'agents sur
Gama

Dédicaces

Je dédie ce mémoire

À mon père

À ma Mère

À mes frères

À mes soeurs

À mes cousins

À mes cousines

À toute ma famille

À mes amis

Remerciements

Je tiens à exprimer ma profonde gratitude envers Dieu, source de toutes les grâces dans ma vie. Chacune de ses bénédictions est une manifestation de sa miséricorde infinie envers ma modeste personne. Que chaque réussite et chaque étape franchie dans ce parcours académique soit un témoignage de Son amour incommensurable. Merci, "ALLAH", pour toutes les opportunités, les défis surmontés, et les enseignements précieux que Vous m'avez accordés. Que ma reconnaissance envers Vous soit éternelle, et que je puisse continuer à faire preuve de gratitude dans chaque aspect de ma vie. Je tiens aussi à exprimer ma sincère gratitude envers toutes les personnes qui ont contribué à la réalisation de ce mémoire de master. Leur soutien et leurs encouragements ont été inestimables tout au long de ce parcours académique exigeant.

En premier lieu, je tiens à remercier mon superviseur de mémoire, Pr Ousmane Seydi et mon encadrant Dr Mamadou Lamine Diagne, pour leur guidance précieuse et leur conseils éclairés. Leur disponibilité, leur patience et leur expertise ont grandement enrichi ce travail de recherche et de stage.

J'adresse mes plus sincères remerciements au Professeur Ramsés Djidjou-Demasse pour sa contribution exceptionnelle. Je tiens également à souligner la précieuse contribution du Dr Abdoulaye Mendy, Dr Lucien Gning et du Dr Papa Alioune Cissé du Département d'informatique de l'Université Assane Seck de Ziguinchor. C'est un véritable honneur d'avoir pu bénéficier de leur soutien inestimable. Ma reconnaissance s'étend également à l'ensemble des membres du jury. Être lu et évalué par des chercheurs de leur calibre représente une distinction dont je suis profondément reconnaissant. Je souhaite exprimer ma gratitude envers tous les enseignants du département de Mathématiques de l'Université Assane Seck de Ziguinchor. Leur dévouement à ma formation de base a été d'une importance capitale. Je tiens particulièrement à mentionner la recommandation chaleureuse du Pr Diene Ngom et Pr Samsdine Goudiaby pour ce stage, un geste qui a largement contribué à enrichir cette expérience. Leurs conseils et leur appui ont grandement marqué cette étape de ma formation.

J'exprime toute ma reconnaissance à l'équipe de recherche de DysTEP de m'avoir accueilli en leur sein et d'avoir facilité mon intégration. Merci de votre ouverture, votre disponibilité et de vos encouragements. Je n'oublie pas les post-doctorants, les doctorants et les stagiaires dont la collaboration et les échanges ont été très fructueux. A tous les étudiants du Master Mathématiques et Applications de l'Université Assane Seck de Ziguinchor avec lesquels je partage l'amour des mathématiques appliquées, je dis merci de A tous les étudiants du Master Mathématiques et Applications de l'Université Assane Seck de Ziguinchor avec lesquels je partage l'amour des mathématiques appliquées, je dis merci de m'avoir offert un cadre convivial pour la recherche. Veuillez trouver ici l'expression de toute ma gratitude et ma reconnaissance.

Un merci spécial à tous les membre de ma famille, à mes amis et mon tuteur à Ziguinchor je veux nommer le Pr Daouda Diouf pour leur soutien indéfectible durant mes études. Leurs encouragements m'ont donné la force nécessaire pour surmonter les défis et persévérer dans la réalisation de ce mémoire.

Enfin, je tiens à exprimer ma gratitude envers tous ceux qui, de près ou de loin, ont contribué à la réussite de ce projet. Leur impact positif restera gravé dans mes souvenirs.

Merci sincèrement à tous ceux qui ont rendu cette aventure académique exceptionnelle possible.

"La gratitude donne du sens au passé, apporte la paix au présent et crée un vision

pour l'avenir. " (Melody Beattie)

Table des matières

Dédicaces	3
Remerciements	5
Introduction	12
1 Etude du modèle de transmission de la peste entre hôtes et vecteurs	16
1.1 Introduction	16
1.2 Formulation compacte du modèle	19
1.3 Existence et unicité de solutions positives	21
1.3.1 l'équilibre trivial	21
1.3.2 Équilibre sans maladie	22
1.4 Evolution démographique des rongeurs	24
1.5 Évolution démographique des puces	25
1.6 Le nombre moyen de reproduction de base	26
1.7 Analyse de la stabilité	36
1.8 Simulations numériques	38
1.8.1 Évolution démographique des rongeurs	38
1.8.2 Évolution démographique des puces	39
1.8.3 L'équilibre sans maladie	40
1.9 Conclusion	43
2 Contrôle optimal du modèle de la transmission de la peste entre hôte et vecteur	44
2.1 Introduction	44
2.2 Problème du contrôle optimal de l'épidémie de la peste	44
2.2.1 Existence d'un contrôle optimal	46
2.2.2 Caractérisation des contrôles optimaux	47
2.3 Simulations numériques avec et sans contrôle optimal	51
2.4 Conclusion	58
3 Simulation du modèle de migration des espèces entre trois zones et mise en place d'une application web	60
3.1 Description du modèle	60
3.2 Implémentation du modèle	64
3.3 Invasion et extinction pour les trois zones	65

3.4	Mise en place d'une application interactive avec streamlit	72
3.4.1	Traitement du modèle	72
3.4.2	Utilisation d' API de streamlit	74
3.4.3	Déploiement de l'application web	77
3.4.4	Conclusion	78
4	Approche sur l'épidémiologie computationnelle : Simulation du modèle à base d'agents sur la plateforme GAMA	80
4.1	Introduction	80
4.2	Modélisation et simulation à base d'agents	81
4.3	Modélisation et simulation à base d'agents dans GAMA	82
4.4	Développement du modèle de transmission de peste entre rongeurs et puces à base d'agents dans GAMA	83
4.4.1	Arborescence du travail.	83
4.4.2	Implementation du modèle mathématique dans GAMA.	85
4.4.3	Implémentation du modèle de couplage des deux modèle dans GAMA.	87
4.4.4	Implémentation du modèle de migration à base d'agents dans GAMA.	89
4.5	Conclusion	94

Table des figures

1.1	<i>Diagramme du modèle de la dynamique des rongeurs.</i>	18
1.2	<i>Diagramme du modèle de la dynamique des puces.</i>	19
1.3	Evolution démographique des rongeurs : $\mathcal{R}_0^p = 25.95$	39
1.4	Évolution démographique des puces : $\mathcal{R}_0^p = 25.95$	40
1.5	Évolution démographique des rongeurs : $\mathcal{R}_0 = 0.51$	41
1.6	Évolution démographique des puces : $\mathcal{R}_0 = 0.51$	41
1.7	Évolution démographique des rongeurs : $\mathcal{R}_0 = 1.64$	42
1.8	Évolution démographique des puces : $\mathcal{R}_0 = 1.64$	43
2.1	Contrôles $u_1(t)$ et $u_2(t)$	54
2.2	Contrôles $v_1(t)$ et $v_2(t)$	54
2.3	Dynamique de S_1 avec et sans Contrôle	55
2.4	Dynamique de S_2 avec et sans Contrôle	55
2.5	Dynamique de I_1 avec et sans Contrôle	56
2.6	Dynamique de I_2 avec et sans contrôle	56
2.7	Dynamique de A_1 avec et sans Contrôle	57
2.8	Dynamique de A_2 avec et sans Contrôle	57
2.9	Dynamique de L_1 avec et sans Contrôle	58
2.10	Dynamique de L_2 avec et sans Contrôle	58
3.1	Dynamique de migration des espèces : Cas où $\mathcal{R}_0^{(1)} < 1$, $\mathcal{R}_0^{(2)} < 1$ et $\mathcal{R}_0^{(3)} < 1$	66
3.2	Dynamique de migration des espèces : Cas où $\mathcal{R}_0^{(1)} < 1$, $\mathcal{R}_0^{(2)} > 1$ et $\mathcal{R}_0^{(3)} < 1$	67
3.3	Dynamique de migration des espèces : Cas où $\mathcal{R}_0^{(1)} < 1$, $\mathcal{R}_0^{(2)} < 1$ et $\mathcal{R}_0^{(3)} > 1$	68
3.4	Dynamique de migration des espèces : Cas où $\mathcal{R}_0^{(1)} < 1$, $\mathcal{R}_0^{(2)} > 1$ et $\mathcal{R}_0^{(3)} > 1$	69
3.5	Dynamique de migration des espèces : Cas où $\mathcal{R}_0^{(1)} > 1$, $\mathcal{R}_0^{(2)} > 1$ et $\mathcal{R}_0^{(3)} < 1$	70
3.6	Dynamique de migration des espèces : Cas où $\mathcal{R}_0^{(1)} > 1$, $\mathcal{R}_0^{(2)} < 1$ et $\mathcal{R}_0^{(3)} > 1$	71
3.7	nombres d'espèces à chaque pas de temps pour la zone 1	73
3.8	nombres d'espèces à chaque pas de temps pour la zone 2	73
3.9	nombres d'espèces à chaque pas de temps pour la zone 3	74
3.10	Evolution des rongeurs et des puces dans les différentes zones	75

3.11	Evolution des rongeurs infectés dans les différentes zones en fonction du temps	76
3.12	Evolution des Puces libres infectueuses dans les différentes zones en fonction du temps	76
3.13	déploiement des fichiers sur github	77
3.14	notre application et ses tests sur streamlit	78
3.15	Interface d'accueil de l'application web	79
4.1	Arborescence du projet	84
4.2	Apperçu sur les données SIG	85
4.3	mécanisme de couplage entre le modèle mathématique et le modèle à base d'agents	88
4.4	dynamique de propagation et de migration des S1 dans les différents arrondissements	91
4.5	dynamique de propagation et de migration des S2 dans les différents arrondissements	91
4.6	Dynamique de propagation et de migration des I1 dans les différents arrondissements	92
4.7	Dynamique de propagation et de migration des I2 dans les différents arrondissements	92
4.8	Dynamique de propagation et de migration des A1 dans les différents arrondissements	93
4.9	Dynamique de propagation et de migration des A2 dans les différents arrondissements	93
4.10	Dynamique de propagation et de migration des L1 dans les différents arrondissements	94
4.11	Dynamique de propagation et de migration des L2 dans les différents arrondissements	94

Liste des tableaux

1.1	Description des paramètres , valeurs et références	38
1.2	valeurs des paramètres	38
1.3	valeurs des paramètres	39
1.4	Valeurs des paramètres	40
1.5	valeurs des paramètres	42
2.1	Description des paramètres , valeurs et references	52
2.2	Conditions initiales des espèces	52
3.1	Description des paramètres , valeurs et références	64
3.2	nombres initiaux des espèces dans zone 1	65
3.3	nombres initiaux des espèces dans zone 2	65
3.4	nombres initiaux des espèces dans zone 3	65

Résumé

Dans le premier segment dédié à l'analyse mathématique du modèle, nous avons évalué l'équilibre du système et calculé le taux de reproduction de base, jetant ainsi les bases pour évaluer la stabilité du modèle.

Le deuxième volet de notre étude explore le contrôle optimal en tant qu'outil stratégique crucial pour influencer la dynamique du système. La création d'un modèle de contrôle optimal représente une avancée majeure dans notre quête pour mieux comprendre et maîtriser l'épidémie de peste.

Le troisième segment s'attaque à l'incorporation de la migration des espèces entre trois zones géographiques distinctes, reflétant la complexité de la peste bubonique. En prenant en compte la mobilité des rongeurs et des vecteurs, notre modèle devient plus réaliste, nous permettant d'explorer des scénarios de propagation à une échelle plus vaste.

Dans un souci d'accessibilité, on a réalisé une application web interactive. Cette interface conviviale permet aux utilisateurs d'interagir avec notre modèle, d'observer visuellement les résultats et de mieux appréhender la complexité de la maladie.

On termine par une approche sur l'épidémiologie computationnelle pour surmonter les limites de la modélisation en épidémiologie mathématique dans le contexte de la migration. Les simulations réalisées éclairent la dynamique des populations de rongeurs et de puces dans différentes zones géographiques, enrichissant notre compréhension du processus de migration et nous guidant ainsi vers une perspective de réalisation des mesures de contrôles plus efficaces dans le contexte de la migration.

La validation de nos résultats se fera à travers la simulation avec la plateforme GAMA, renforçant ainsi la robustesse de notre recherche et consolidant nos conclusions. Cette approche multidimensionnelle vise à mieux comprendre et maîtriser la peste en explorant différentes facettes de son dynamisme épidémiologique.

Introduction

La peste, une maladie infectieuse redoutable causée par la bactérie *Yersinia pestis*, a une histoire marquée par des épidémies dévastatrices qui ont façonné le cours de l'histoire humaine. Cette maladie, transmise principalement par les puces infectées qui infestent les rongeurs sauvages, a été responsable de pandémies meurtrières, dont la plus célèbre est la Peste Noire du XIV^e siècle en Europe, qui a décimé des millions de vies [45]. Bien que la peste bubonique soit aujourd'hui rare et peut être traitée efficacement avec des antibiotiques, elle demeure une menace potentielle, en particulier dans les régions où elle persiste dans la faune sauvage et où les conditions favorisent la transmission à l'homme.[18]

La modélisation mathématique des maladies infectieuses joue un rôle crucial dans la compréhension de leur dynamique, la prévision de leurs épidémies potentielles, et la planification de mesures de contrôle. Dans cette optique, le modèle de dynamique épidémiologique de la peste bubonique basé sur le cadre développé par Keeling et Gilligan [24] offre une approche puissante pour étudier et quantifier la propagation de la maladie au sein des populations de rongeurs et de puces.

1. **Contexte de la peste** La peste a marqué l'histoire humaine par trois pandémies majeures, notamment la peste de Justinien au cours du VI^e siècle, la peste médiévale au XIV^e siècle, et la peste asiatique depuis 1894 [45]. Cette zoonose, causée par *Yersinia pestis*, est principalement une maladie des rongeurs, avec des réservoirs sauvages qui maintiennent sa circulation persistante, occasionnant des épidémies sporadiques chez les populations humaines [44], [10]. Les caractéristiques des foyers de peste varient, mais tous impliquent des hôtes mammifères en tant que réservoirs et des puces comme vecteurs. Deux facteurs clés sont suspectés d'expliquer la persistance endémique de la peste malgré sa virulence. Tout d'abord, la coexistence de rongeurs sensibles à la peste joue un rôle important dans la transmission de la maladie. Les rongeurs sensibles permettent la propagation de la peste en développant la septicémie nécessaire. Deuxièmement, la structure de la population des rongeurs peut favoriser une dynamique d'extinction-recolonisation de la peste entre les foyers locaux, limitant ainsi la propagation rapide de la maladie [5], [37]. Des modèles théoriques ont montré que ces dynamiques d'extinction-recolonisation jouent un rôle crucial dans la persistance de plusieurs maladies infectieuses, comme la rougeole [2], [21], [19]. D'autres mécanismes, tels que la présence d'hôtes multiples, la persistance possible de *Y. pestis* dans les sols, la transmission directe entre rats à l'intérieur des terriers, ou encore l'hétérogénéité de la phénologie de la reproduction des hôtes, peuvent également

contribuer à la persistance de la peste [17],[16].

2. L'importance de la modélisation

La modélisation mathématique des maladies infectieuses, telle que celle basée sur le cadre de Keeling et Gilligan, joue un rôle essentiel dans la compréhension de la dynamique complexe de la peste bubonique. Ce modèle repose sur une série d'équations différentielles qui tiennent compte du nombre d'individus et du statut épidémiologique des rongeurs (hôtes) et des puces (vecteurs). Il incorpore une variété de paramètres, notamment les taux de natalité des rats, les taux de mortalité naturelle, les taux de transmission de l'infection, et bien d'autres.

Un aspect unique de ce modèle est sa capacité à prendre en compte la variabilité de la susceptibilité des rongeurs à être infectés par différentes sous-populations de puces. Cette distinction est cruciale pour comprendre comment la transmission de la peste peut varier en fonction des caractéristiques spécifiques des rongeurs et des vecteurs.

Dans cette étude, nous explorerons en détail ce modèle complexe, analyserons ses implications pour la dynamique de la peste bubonique, et discuterons de ses applications potentielles en matière de prévention et de gestion des épidémies. Cette recherche contribuera à éclairer les chercheurs, les épidémiologistes et les décideurs sur les mécanismes sous-jacents de cette maladie historique et sur les moyens de mieux la comprendre et de la contrôler.

3. Mise en Contexte de l'Étude

Alors que de nombreuses études théoriques ont tenté d'expliquer l'endémisme de la peste bubonique [16], [23]–[7], les rôles distincts de la résistance des rongeurs et de la structure de métapopulation des réservoirs de rongeurs pour la persistance de la peste ont rarement été explorés de manière indépendante. Par exemple, le modèle développé par Keeling & Gilligan [23] a montré que la structure de métapopulation peut expliquer la persistance à long terme de la peste via la dynamique d'extinction-recolonisation de la maladie, mais la population théorique qu'ils ont modélisée comprenait des individus résistants, de sorte que les rôles des deux facteurs ne peuvent pas être démêlés. C'est également le cas pour les études théoriques sur le foyer kazakh [7], [20], où les hôtes sont modélisés comme partiellement résistants. Dans les populations d'hôtes sensibles, comme les chiens de prairie (*Cynomys* spp.) aux États-Unis, le lien entre la structure spatiale et la persistance de la peste a été observé empiriquement [6]–[36] et théoriquement confirmé, du moins sur de courtes échelles de temps (Salkeld et al. ont constaté que la transmission de la peste entre groupe de voisin d'une population d'hôtes sensibles structurée conduit à des phases enzootiques qui durent plus de 1 an dans environ 25 % des séries de modèles [35]). En outre, plusieurs études ont souligné la nécessité de tester les différents mécanismes impliqués dans l'endémisme de la peste [17], [15].

Les phénomènes épidémiologiques impliquent souvent un grand nombre d'entités - hôte, vecteur, agent pathogène, environnement, etc. - qui peuvent interagir et donner lieu à des dynamiques complexes s'étendant sur plusieurs échelles spatio-temporelles. Ces dynamiques peuvent avoir des conséquences sanitaires graves, comme la propagation sur de vastes zones géographiques et la contamination d'un grand nombre de personnes. Les phénomènes épidé-

miologiques, en raison de leur évolution qui résulte des interactions entre les éléments, peuvent être décrits comme des systèmes complexes. Pour les étudier efficacement, il est nécessaire de passer par un processus de modélisation et de simulation afin de produire des outils de prédiction et de définir des politiques de prévention et de contrôle [33].

4. Structure de notre étude

Dans le premier chapitre, nous nous appuyons sur le modèle classique de dynamique épidémiologique de la peste bubonique, en nous basant sur le cadre développé par Keeling et Gilligan [23], pour approfondir notre compréhension de cette maladie redoutable. Le modèle sur lequel nous travaillons fait l'objet de notre stage à l'EPT avec l'équipe Dystep. Cependant, le reste de notre étude portera sur ce modèle épidémiologique en intégrant des méthodes de simulation diverses qui élargiront considérablement les perspectives.

Dans le deuxième chapitre, nous avons abordé le contrôle optimal en tant qu'outil stratégique clé pour influencer de manière significative la dynamique du système. Ce chapitre a jeté les bases de notre approche innovante visant à modérer la propagation de la peste. Nous avons développé un modèle de contrôle optimal qui constitue une avancée majeure dans notre quête pour mieux comprendre et maîtriser l'épidémie. Dans le troisième chapitre on procède à l'incorporation de la migration des espèces entre trois zones géographiques distinctes. Cette dimension reflète la réalité de la peste bubonique, qui peut se propager entre des zones géographiques variées. En prenant en compte la mobilité des rongeurs et des vecteurs de la maladie plus particulièrement, les puces libres infectieuses, notre modèle devient plus réaliste et permet d'explorer des scénarios de propagation à plus grande échelle.

Dans un souci de rendre notre recherche accessible et de permettre une exploration interactive de la dynamique de la peste bubonique, nous avons développé une application web interactive. Cette application offre aux utilisateurs la possibilité d'interagir avec notre modèle, d'observer visuellement les résultats et de mieux comprendre la complexité de la maladie.

Pour franchir les limites et la complexité de la modélisation en épidémiologie mathématique dans le contexte de la migration, dans le quatrième chapitre, on fait appel à l'épidémiologie computationnelle (ou épidémiologie informatique) dans le but de mieux comprendre et de prévenir la propagation de la peste dans plusieurs zones. Nous avons mené des simulations pour comprendre la dynamique de la population des rongeurs et des puces dans ces différentes zones géographiques et mieux appréhender le processus de migration. Ces simulations éclairent la manière dont les mesures de contrôle peuvent être mises en œuvre avec efficacité pour limiter la propagation de la maladie.

Ainsi, nous prévoyons de simuler notre modèle avec la plateforme GAMA, ce qui nous permettra de valider nos résultats et de renforcer la robustesse de notre recherche en comparant les simulations obtenues avec différentes approches.

Dans la suite de ce projet, nous explorerons en détail ce modèle complexe, analyserons ses implications pour la dynamique de la peste bubonique et discuterons de ses applications potentielles en matière de prévention et de gestion des épidémies. Cette recherche s'inscrit dans une démarche multidimensionnelle visant à mieux comprendre et à maîtriser cette maladie historique.

En annexe, nous exposons brièvement les outils fondamentaux employés tout au long de notre étude, se concentrant principalement sur la théorie de la stabilité des équations différentielles ordinaires (EDOs). Nous examinons également la méthode de la matrice de prochaine génération et le nombre de reproduction de base dans ce chapitre. Cette méthode est largement utilisée lors de l'analyse de la stabilité du point d'équilibre du modèle. Enfin, la partie se clôture par un rappel sur le contrôle optimal.

Etude du modèle de transmission de la peste entre hôtes et vecteurs

1.1 Introduction

Nous étudions ici le modèle qui décrit la dynamique d'interaction entre une population de rongeurs et de puces. La population de rongeurs est subdivisée en rongeurs susceptibles (**S**) et infectieux (**I**). Les rongeurs ont deux niveaux de susceptibilités différentes qui sont matérialisées par les classes (S_1) et (S_2). L'hétérogénéité au niveau des rongeurs susceptibles est prise en compte dans la classe des infectés (I_1) (resp. (I_2)) qui décrit les rongeurs infectieux qui étaient susceptibles de type (S_1) (resp. (S_2)).

La population des puces (**P**) est composée de deux sous-populations. La sous-population de puces libres (**L**) c'est-à-dire celles qui cherchent à s'accrocher sur les rongeurs et la sous-population de puces vivant sur des rongeurs (**A**). Les puces libres peuvent avoir une préférence sur les rongeurs en fonction de leur susceptibilité créant ainsi une hétérogénéité avec des sous-populations libres de type (L_1) et (L_2) et par conséquent des sous-populations (A_1) (resp. (A_2)) sur les rongeurs (I_1) (resp. (I_2)). Dans la suite, on note $N_R(t)$ (resp. $N_P(t)$) la population totale des rongeurs à l'instant $t > 0$ *i.e.*,

$$N_R(t) = \sum_{k=1}^2 (S_k(t) + I_k(t)) \quad \text{et} \quad N_P(t) = \sum_{k=1}^2 (A_k(t) + L_k(t)). \quad (1.1)$$

La force d'infection des rongeurs susceptibles (S_k), $k = 1, 2$ par les puces est densité dépendante et est donnée par

$$\lambda_{PR}^k(t) = (1 - e^{-\alpha N_R(t)}) \left(\beta_{k1} \frac{L_1(t)}{N_R(t)} + \beta_{k2} \frac{L_2(t)}{N_R(t)} \right) \quad (1.2)$$

avec β_{k1} (resp. β_{k2}) le taux d'infection des puces libres (P_L^1) (resp. (P_L^2)) sur les rongeurs susceptibles (S_k). De manière générale, β_{kj} est le taux d'infection des puces libres (P_L^j) sur les rongeurs susceptibles (S_k). La dynamique des rongeurs est régie

par le système dynamique suivant :

$$\begin{cases} \frac{dS_k(t)}{dt} = (r_k S_k(t) + \epsilon \sum_{j=1}^2 (-1)^j r_j S_j(t)) \left(1 - \frac{N_R(t)}{K_R}\right) - S_k(t) \lambda_{PR}^k(t) - d_k S_k(t) + \gamma_k I_k(t) \\ \frac{dI_k(t)}{dt} = S_k(t) \lambda_{PR}^k(t) - (d_k + \delta_k) I_k(t) - \gamma_k I_k(t) \end{cases} \quad (1.3)$$

Avec $k = 1, 2$, $S_k(0) = S_{k0} \geq 0$ et $I_k(0) = I_{k0} \geq 0$. La dynamique des puces est donnée par le système d'équations suivant :

$$\begin{cases} \frac{dA_k(t)}{dt} = r_k^A A_k(t) \left(1 - \frac{A_k(t)}{K_A}\right) + \frac{L_k(t)}{N_R(t)} (1 - e^{-\alpha N_R(t)}) \\ \frac{dL_k(t)}{dt} = (d_k + \delta_k) A_k(t) I_k(t) - L_k(t) (1 - e^{-\alpha N_R(t)}) - d_L L_k(t) \end{cases} \quad (1.4)$$

avec $k = 1, 2$, $A_k(0) = A_{k0} \geq 0$ et $L_k(0) = L_{k0} \geq 0$.

Dans ce chapitre, nous commencerons par démontrer l'existence et l'unicité de la solution positive des systèmes (1.3) et (1.4) dans le cas où en absence d'infections des puces. Ensuite, nous examinerons le modèle de la dynamique des rongeurs en l'absence des puces et le modèle de la dynamique des puces en l'absence des rongeurs pour obtenir une compréhension des stratégies de contrôle. Nous nous pencherons ensuite sur l'étude du nombre moyen de reproduction de base R_0 afin d'évaluer la stabilité locale du modèle épidémiologique. Enfin, nous illustrerons graphiquement les résultats obtenus théoriquement en effectuant des simulations numériques.

Les hypothèses

Nous allons énoncé ici une série d'hypothèses qui découle du modèle et sur laquelle depends les études analytiques du modèle mathématique.

H1 : Les taux de natalité des rats sont supposés dépendre de la densité et est modélisés par une équation logistique, $r_1 \geq 0$ et $r_2 \geq 0$ représentant respectivement le taux de natalité maximal des rongeurs des types S_1 et S_2 avec une capacité limite de la population des rats K_R

H2 : Une proportion $(1 - \epsilon)r_1$ de la progéniture des rongeurs S_1 sont nés avec une plus grande susceptibilité à être infectés par L_1 vecteurs que L_2 vecteurs, les autres descendants ϵr_1 sont plus susceptibles d'être infectés par L_2 vecteurs que L_1 vecteurs. Nous faisons également les mêmes hypothèses pour la population de rongeurs S_2 . Les descendants $(1 - \epsilon)r_2$ de S_2 sont nés avec une plus grande susceptibilité à L_2 vecteurs qu'à L_1 vecteurs, les autres descendants ϵr_2 sont plus susceptibles d'être infectés par L_1 vecteurs que L_2 vecteurs. Avec ϵ un paramètre inter-spécifique compris entre 0 et 1

H3 : Les vecteurs infectieux libres (L_j) viennent au hasard en contact avec des rongeurs avec une probabilité de rencontre $(1 - e^{-\alpha N_R})$

H4 : L'infection survient lorsque des puces infectieuses libres (L) atterrissent sur des rongeurs sensibles (S).

H5 : les rongeurs S_1 sont infectés par L_1 et L_2 respectivement selon les probabilités

de transmission β_{11} et β_{12} (avec $\beta_{11} > \beta_{12}$) et les rongeurs S_2 sont infectés par L_2 et L_1 selon respectivement les probabilités de transmission β_{22} et β_{21} (avec $\beta_{22} > \beta_{21}$).

H6 : L'infection des rats par des vecteurs est modélisée comme un processus dépendant de la fréquence avec des forces d'infections de S_1 et S_2 respectivement λ_{RF}^1 et λ_{RF}^2

H7 : On suppose que les rats meurent naturellement à un taux constant $d_j \geq 0$

H8 : les puces libres infectieuses L_j meurt à un taux d_F

H9 : Les rats infectés I_j peuvent récupérer à un taux constante $\gamma_j \geq 0$

H10 : Ou bien ils peuvent mourir rapidement de septicémie, qui entraîne une mortalité supplémentaire $\delta_j \geq 0$.

H11 : La mort de chacun de ces rats conduit à la libération de A_j puces dans l'environnement, augmentant le nombre de puces infectieuses libres L_j .

H12 : Les puces sur les rats sont supposées avoir une croissance dépendante de la densité, avec un taux de croissance maximal $r_j^A \geq 0$ et une capacité portante par rat K_A .

Diagramme de flux

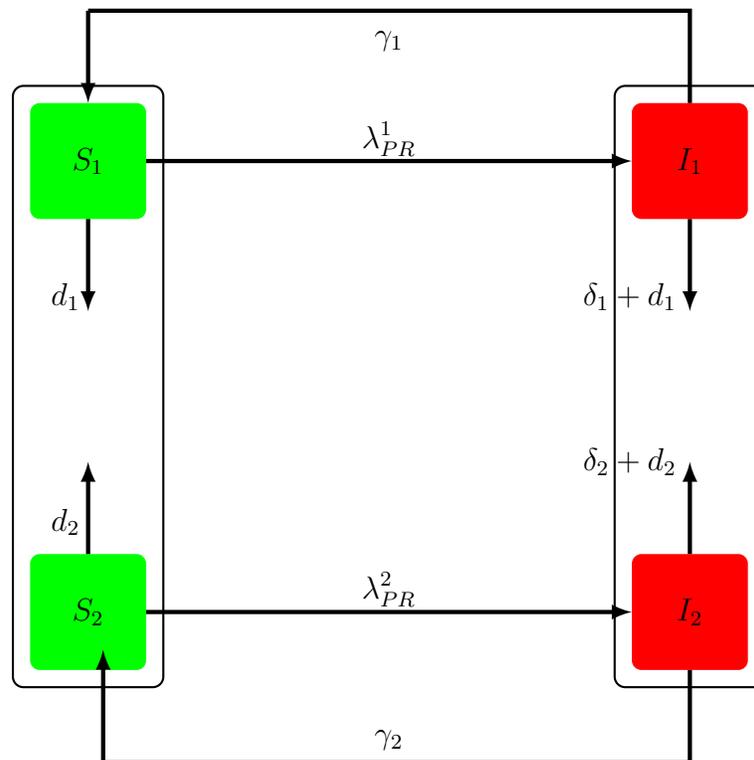


FIGURE 1.1 – Diagramme du modèle de la dynamique des rongeurs.

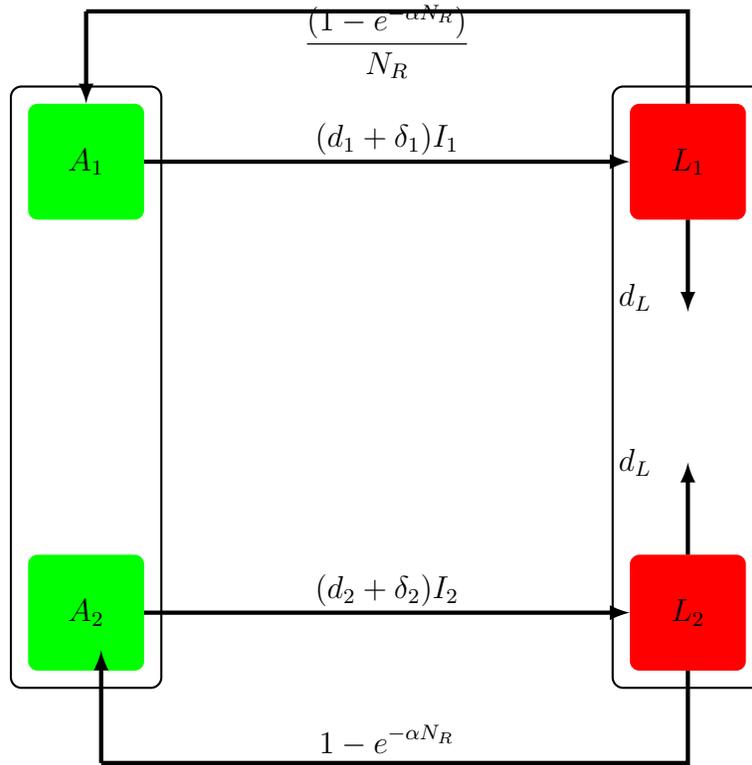


FIGURE 1.2 – Diagramme du modèle de la dynamique des puces.

1.2 Formulation compacte du modèle

Dans cette section, nous allons réécrire les modèles (1.3) et (1.4) en utilisant une notation vectorielle. Soit \mathbf{e}_k , $k = 1, 2$ les vecteurs de la base canonique de \mathbb{R}^2 . Notons $\mathbf{S}(t)$ (resp. $\mathbf{I}(t)$) le vecteur donnant le nombre de rongeurs susceptibles (resp. infectieux) à l'instant t c'est-à-dire

$$\mathbf{S}(t) = S_1(t)\mathbf{e}_1 + S_2(t)\mathbf{e}_2 \quad \text{et} \quad \mathbf{I}(t) = I_1(t)\mathbf{e}_1 + I_2(t)\mathbf{e}_2.$$

De même, on désigne par $\mathbf{L}(t)$ (resp. $\mathbf{A}(t)$) le vecteur donnant le nombre de puces libres (resp. attachées) à l'instant t . On a ainsi à chaque instant $t > 0$

$$\mathbf{L}(t) = L_1(t)\mathbf{e}_1 + L_2(t)\mathbf{e}_2 \quad \text{et} \quad \mathbf{A}(t) = A_1(t)\mathbf{e}_1 + A_2(t)\mathbf{e}_2.$$

Soit \mathbf{M} la matrice de reproduction démographique des rongeurs donnée par

$$\mathbf{M} = \begin{pmatrix} (1 - \epsilon)r_1 & \epsilon r_2 \\ \epsilon r_1 & (1 - \epsilon)r_2 \end{pmatrix}$$

et $\boldsymbol{\beta} := (\beta_{ij})_{1 \leq i, j \leq 2}$ la matrice d'infection des rongeurs par les puces. La matrice des taux de mortalité naturelles et de mortalité dues à l'infection par les puces sont données respectivement par

$$\boldsymbol{\delta} = \text{diag}(\delta_1, \delta_2) \quad \text{et} \quad \mathbf{d} = \text{diag}(d_1, d_2).$$

Enfin, en notant $\boldsymbol{\gamma} = \text{diag}(\gamma_1, \gamma_2)$ la matrice des taux de "guérison" des rongeurs on obtient

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{d\mathbf{S}(t)}{dt} = \left(1 - \frac{N_R(t)}{K_R}\right) \mathbf{M}\mathbf{S}(t) - \frac{1 - e^{-\alpha N_R(t)}}{N_R(t)} \text{diag}(\boldsymbol{\beta}\mathbf{L}(t)) \mathbf{S}(t) - \mathbf{d}\mathbf{S}(t) + \boldsymbol{\gamma}\mathbf{I}(t) \\ \frac{d\mathbf{I}(t)}{dt} = \frac{1 - e^{-\alpha N_R(t)}}{N_R(t)} \text{diag}(\boldsymbol{\beta}\mathbf{L}(t)) \mathbf{S}(t) - (\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta} + \boldsymbol{\gamma})\mathbf{I}(t) \\ N_R(t) = \sum_{k=1}^2 \langle \mathbf{S}(t) + \mathbf{I}(t), \mathbf{e}_k \rangle \\ \mathbf{S}(0) = \mathbf{S}_0 \in \mathbb{R}_+^2, \mathbf{I}(0) = \mathbf{I}_0 \in \mathbb{R}_+^2. \end{array} \right. \quad (1.5)$$

Soit maintenant $\mathbf{d}_L = \text{diag}(d_L, d_L)$ la matrice des taux de mortalité des puces libres et $\mathbf{r}^A = \text{diag}(r_1^A, r_2^A)$ la matrice de croissance intrinsèque des puces vivantes sur les rats.

Le système dynamique des puces s'écrit alors, sous la forme compacte, comme suit :

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{d\mathbf{A}(t)}{dt} = \mathbf{r}^A \left(\mathbf{A}(t) - \frac{1}{K_A} \text{diag}(\mathbf{A}(t)) \mathbf{A}(t) \right) + \frac{1 - e^{-\alpha N_R(t)}}{N_R(t)} \mathbf{L}(t) \\ \frac{d\mathbf{L}(t)}{dt} = \text{diag}(\mathbf{I}(t))(\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta})\mathbf{A}(t) - (1 - e^{-\alpha N_R(t)})\mathbf{L}(t) - \mathbf{d}_L\mathbf{L}(t) \\ \mathbf{A}(0) = \mathbf{A}_0 \in \mathbb{R}_+^2 \\ \mathbf{L}(0) = \mathbf{L}_0 \in \mathbb{R}_+^2. \end{array} \right. \quad (1.6)$$

En cumulant les deux système, on obtient le modèle général sous forme compacte

$$\left\{ \begin{array}{l} \text{(R)} \left\{ \begin{array}{l} \frac{d\mathbf{S}(t)}{dt} = \left(1 - \frac{N_R(t)}{K_R}\right) \mathbf{M}\mathbf{S}(t) - \frac{1 - e^{-\alpha N_R(t)}}{N_R(t)} \text{diag}(\boldsymbol{\beta}\mathbf{L}(t)) \mathbf{S}(t) - \mathbf{d}\mathbf{S}(t) + \boldsymbol{\gamma}\mathbf{I}(t) \\ \frac{d\mathbf{I}(t)}{dt} = \frac{1 - e^{-\alpha N_R(t)}}{N_R(t)} \text{diag}(\boldsymbol{\beta}\mathbf{L}(t)) \mathbf{S}(t) - (\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta} + \boldsymbol{\gamma})\mathbf{I}(t) \\ N_R(t) = \sum_{k=1}^2 \langle \mathbf{S}(t) + \mathbf{I}(t), \mathbf{e}_k \rangle \\ \mathbf{S}(0) = \mathbf{S}_0 \in \mathbb{R}_+^2, \mathbf{I}(0) = \mathbf{I}_0 \in \mathbb{R}_+^2. \end{array} \right. \\ \text{(P)} \left\{ \begin{array}{l} \frac{d\mathbf{A}(t)}{dt} = \mathbf{r}^A \left(\mathbf{A}(t) - \frac{1}{K_A} \text{diag}(\mathbf{A}(t)) \mathbf{A}(t) \right) + \frac{1 - e^{-\alpha N_R(t)}}{N_R(t)} \mathbf{L}(t) \\ \frac{d\mathbf{L}(t)}{dt} = \text{diag}(\mathbf{I}(t))(\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta})\mathbf{A}(t) - (1 - e^{-\alpha N_R(t)})\mathbf{L}(t) - \mathbf{d}_L\mathbf{L}(t) \\ \mathbf{A}(0) = \mathbf{A}_0 \in \mathbb{R}_+^2 \\ \mathbf{L}(0) = \mathbf{L}_0 \in \mathbb{R}_+^2. \end{array} \right. \end{array} \right. \quad (1.7)$$

1.3 Existence et unicité de solutions positives

Dans cette section, nous allons montrer que le système (1.7) admet une solution positives. Nous allons d'abord prouver l'existence de solution positive dans le cas où on a pas d'infécton, nous allons montrer que cette solution unique existe et elle est unique sous certaines conditions.

Pour trouver les points d'équilibre on pose :

$$\left\{ \begin{array}{l} \text{(R)} \\ \text{(P)} \end{array} \right\} \left\{ \begin{array}{l} \frac{d\mathbf{S}(t)}{dt} = 0_{\mathbb{R}^2} \\ \frac{d\mathbf{I}(t)}{dt} = 0_{\mathbb{R}^2} \\ \frac{d\mathbf{A}(t)}{dt} = 0_{\mathbb{R}^2}, \\ \frac{d\mathbf{L}(t)}{dt} = 0_{\mathbb{R}^2} \end{array} \right. \quad (1.8)$$

Équivaut à

$$\left\{ \begin{array}{l} \text{(R)} \\ \text{(P)} \end{array} \right\} \left\{ \begin{array}{l} \left(1 - \frac{N_R}{K_R}\right) \mathbf{M}\bar{\mathbf{S}} - \frac{1 - e^{-\alpha N_R}}{N_R} \text{diag}(\beta\bar{\mathbf{L}}) \bar{\mathbf{S}} - \mathbf{d}\bar{\mathbf{S}} + \gamma\bar{\mathbf{I}} = 0_{\mathbb{R}^2} \\ \frac{1 - e^{-\alpha N_R}}{N_R} \text{diag}(\beta\bar{\mathbf{L}}) \bar{\mathbf{S}} - (\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta} + \gamma)\bar{\mathbf{I}} = 0_{\mathbb{R}^2}. \\ \mathbf{r}^A \left(I_d - \frac{1}{K_A} \text{diag}(\bar{\mathbf{A}}) \right) \bar{\mathbf{A}} + \frac{1 - e^{-\alpha N_R}}{N_R(t)} \bar{\mathbf{L}} = 0_{\mathbb{R}^2} \\ \text{diag}(\bar{\mathbf{I}})(\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta})\bar{\mathbf{A}} - (1 - e^{-\alpha N_R})\bar{\mathbf{L}} - \mathbf{d}_L\bar{\mathbf{L}} = 0_{\mathbb{R}^2} \end{array} \right. \quad (1.9)$$

1.3.1 l'équilibre trivial

En considérant le système ci-dessus , il est évident que $\bar{\mathbf{S}} = 0$, $\bar{\mathbf{I}} = 0$ et $\bar{\mathbf{L}} = 0$ et pour ce qui est de la 3ieme équation :

$$\mathbf{r}^A \left(I_d - \frac{1}{K_A} \text{diag}(\bar{\mathbf{A}}) \right) \bar{\mathbf{A}} = 0_{\mathbb{R}^2}$$

On a $\left(1 - \frac{1}{K_A} \text{diag}(\bar{\mathbf{A}}(t))\right) = 0_{\mathbb{R}^2}$ ou bien $\bar{\mathbf{A}} = 0_{\mathbb{R}^2}$ c.a.d $\text{diag}(\bar{\mathbf{A}}(t)) = K_A$ ie $\bar{A}_1 = K_A$ et $\bar{A}_2 = K_A$

Par conséquent on a deux points d'équilibres

- $(\bar{\mathbf{S}}, \bar{\mathbf{I}}, \bar{\mathbf{A}}, \bar{\mathbf{L}}) = (0_{\mathbb{R}^2}, 0_{\mathbb{R}^2}, 0_{\mathbb{R}^2}, 0_{\mathbb{R}^2})$
- $(\bar{\mathbf{S}}, \bar{\mathbf{I}}, \bar{\mathbf{A}}, \bar{\mathbf{L}}) = (0_{\mathbb{R}^2}, 0_{\mathbb{R}^2}, K_A e_1 + K_A e_2, 0_{\mathbb{R}^2})$

En guise d'interprétation biologique, si $\bar{\mathbf{I}} = 0_{\mathbb{R}^2}$ et $\bar{\mathbf{S}} = 0_{\mathbb{R}^2}$ alors $\bar{\mathbf{A}} = 0_{\mathbb{R}^2}$ c'est-à-dire si on n'a pas de présence de rongeurs alors pas de puces attachées sur des rongeurs.

Le seul équilibre démographique trivial possible est :

$$(\mathbf{S}, \mathbf{I}, \mathbf{A}, \mathbf{L}) = (0_{\mathbb{R}^2}, 0_{\mathbb{R}^2}, 0_{\mathbb{R}^2}, 0_{\mathbb{R}^2})$$

1.3.2 Équilibre sans maladie

Proposition 1.3.1 On suppose que les hypothèses **H1**, **H2** et **H7** de la section 1.1 sont satisfaites. Alors, pour toutes conditions initiales, il existe :

- Deux équilibres triviaux
 $E_0 = (\bar{S}_0, \bar{I}_0, \bar{A}_0, \bar{L}_0) = (0_{\mathbb{R}^2}, 0_{\mathbb{R}^2}, 0_{\mathbb{R}^2}, 0_{\mathbb{R}^2})$;
- Une équilibre de coexistence du DFE $E_2 = (\bar{S}, \bar{I}, \bar{A}, \bar{L}) = (\bar{S}, 0_{\mathbb{R}^2}, \bar{A}, 0_{\mathbb{R}^2})$ Tels que $\bar{\mathbf{S}}$ et existe si le rayon spectral de la matrice $\mathbf{d}^{-1}\mathbf{M}$ est supérieur à 1 et $\bar{\mathbf{A}} = K_A e_1 + K_A e_2$ avec

$$\bar{\mathbf{S}} = \left(\sum_{k=1}^2 \langle \mathbf{v}, \mathbf{e}_k \rangle \right)^{-1} (\mathcal{R}_0^P - 1) \frac{K_R}{\mathcal{R}_0^P} \mathbf{v}$$

où :

- \mathbf{v} est le vecteur propre associé à la matrice $\mathbf{d}^{-1}\mathbf{M}$
- $\mathcal{R}_0^P := \sup \{ |\lambda| : \lambda \in \sigma(\mathbf{d}^{-1}\mathbf{M}) \}$

Preuve 1.3.2 Considérons le système (1.9), dans le cas de l'équilibre sans maladie, on a $\bar{\mathbf{I}} = 0_{\mathbb{R}^2}$

Considérant le système suivant :

$$\left\{ \begin{array}{l} \text{(R)} \quad \left\{ \left(1 - \frac{\sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle}{K_R} \right) \mathbf{M} \bar{\mathbf{S}} - \frac{1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle}}{\sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle} \text{diag}(\beta \bar{\mathbf{L}}) \bar{\mathbf{S}} - \mathbf{d} \bar{\mathbf{S}} = 0_{\mathbb{R}^2} \quad (a) \right. \\ \text{(P)} \quad \left\{ \begin{array}{l} \mathbf{r}^A \left(I_d - \frac{1}{K_A} \text{diag}(\bar{\mathbf{A}}) \right) \bar{\mathbf{A}} + \frac{1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle}}{\sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle} \bar{\mathbf{L}} = 0_{\mathbb{R}^2} \quad (b) \\ -(1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle}) \bar{\mathbf{L}} - \mathbf{d}_L \bar{\mathbf{L}} = 0_{\mathbb{R}^2} \quad (c) \end{array} \right. \end{array} \right. \quad (1.10)$$

En considérant l'équation (c), on a :

$$-(1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle}) \bar{\mathbf{L}}(t) - \mathbf{d}_L \bar{\mathbf{L}} = 0_{\mathbb{R}^2}$$

En transposant $-\mathbf{d}_L \bar{\mathbf{L}}(t)$ à droite, on obtient :

$$-(1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle}) \bar{\mathbf{L}} = \mathbf{d}_L \bar{\mathbf{L}}(t)$$

On constate qu'à gauche de l'égalité on a un réel multiplié par un vecteur et à droite, une matrice inversible multipliée par le même vecteur $\bar{\mathbf{L}}$, alors la seule solution possible est :

$$\bar{\mathbf{L}} = 0_{\mathbb{R}^2}$$

- Si $\bar{\mathbf{L}} = 0_{\mathbb{R}^2}$ Alors on a le système suivant :

$$\left\{ \begin{array}{l} \left(1 - \frac{\sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle}{K_R} \right) \mathbf{M} \bar{\mathbf{S}} - \mathbf{d} \bar{\mathbf{S}} = 0_{\mathbb{R}^2} \\ \mathbf{r}^A \left(I_d - \frac{1}{K_A} \text{diag}(\bar{\mathbf{A}}) \right) \bar{\mathbf{A}} = 0_{\mathbb{R}^2} \end{array} \right. \quad (1.11)$$

Réolvons d'abord la première équation du système ci-dessus :

$$0_{\mathbb{R}^2} = \left(1 - \frac{1}{K_R} \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle \right) \mathbf{M} \bar{\mathbf{S}} - \mathbf{d} \bar{\mathbf{S}}.$$

qui est équivalente à

$$\bar{\mathbf{S}} = \left(1 - \frac{1}{K_R} \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle \right) \mathbf{d}^{-1} \mathbf{M} \bar{\mathbf{S}} \quad (1.12)$$

- On a $\bar{\mathbf{S}} = 0_{\mathbb{R}^2}$ une solution triviale de l'équation, ie $\bar{S}_1 = 0$ et $\bar{S}_2 = 0$.
 $E_0 = (\bar{S}, \bar{I}, \bar{A}, \bar{L}) = (0_{\mathbb{R}^2}, 0_{\mathbb{R}^2}, 0_{\mathbb{R}^2}, 0_{\mathbb{R}^2})$ est un équilibre trivial du DFE
- : Nous allons ensuite nous intéresser à l'existence de solution non triviale de (1.12) c'est-à-dire lorsque $\bar{S}_1 := \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_1 \rangle$ ou $\bar{S}_2 := \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_2 \rangle$ est non nul. Observons que le coté droit de (1.12) s'écrit comme le produit d'un nombre réel d'une matrice positive irréductible $\mathbf{d}^{-1} \mathbf{M}$. Par conséquent, en posant

$$\mathcal{R}_0^P := \sup \{ |\lambda| : \lambda \in \sigma(\mathbf{d}^{-1} \mathbf{M}) \} \quad (1.13)$$

on sait que \mathcal{R}_0^P est l'unique valeur propre de $\mathbf{d}^{-1} \mathbf{M}$ associée à un vecteur propre à composantes strictement positives est une valeur propre associée à un vecteur propre droite (resp. gauche) à composantes strictement positives.

En notant \mathbf{v} ce vecteur propre, on sait que [34] $\bar{\mathbf{S}}$ satisfait (1.12) si et seulement s'il existe $\epsilon > 0$ tel que :

$$\begin{cases} \bar{\mathbf{S}} = \epsilon \mathbf{v} \\ 1 = \mathcal{R}_0^P \left(1 - \frac{\epsilon}{K_R} \sum_{k=1}^2 \langle \mathbf{v}, \mathbf{e}_k \rangle \right). \end{cases} \quad (1.14)$$

On remplace $\epsilon = \bar{\mathbf{S}} \mathbf{v}^{-1}$ dans

$$1 = \mathcal{R}_0^P \left(1 - \frac{\epsilon}{K_R} \sum_{k=1}^2 \langle \mathbf{v}, \mathbf{e}_k \rangle \right)$$

On obtient :

$$\bar{\mathbf{S}} = \left(\sum_{k=1}^2 \langle \mathbf{v}, \mathbf{e}_k \rangle \right)^{-1} (\mathcal{R}_0^P - 1) \frac{K_R}{\mathcal{R}_0^P} \mathbf{v}$$

D'où il existe une unique solution positive non triviale de (1.14) si et seulement si $\mathcal{R}_0^P > 1$.

Maintenant, considérons la deuxième équation du système d'équations (1.11) on a :

$$\begin{aligned} \mathbf{r}^A \left(I_d - \frac{1}{K_A} \text{diag}(\bar{\mathbf{A}}) \right) \bar{\mathbf{A}} &= 0_{\mathbb{R}^2} \\ \mathbf{r}^A \bar{\mathbf{A}} - \frac{\mathbf{r}^A}{K_A} \text{diag}(\bar{\mathbf{A}}) \bar{\mathbf{A}} &= 0_{\mathbb{R}^2} \\ \mathbf{r}^A \bar{\mathbf{A}} &= \frac{\mathbf{r}^A}{K_A} \text{diag}(\bar{\mathbf{A}}) \bar{\mathbf{A}} \end{aligned}$$

$-\bar{\mathbf{A}} = 0_{\mathbb{R}^2}$ est solution triviale de cette équation.

-On s'intéresse maintenant à la solution non nul de $\bar{\mathbf{A}}$

Pour cela , on multiplie par $(\mathbf{r}^A)^{-1}$:

$$\bar{\mathbf{A}} = \frac{I_d}{K_A} \text{diag}(\bar{\mathbf{A}}) \bar{\mathbf{A}}$$

On multiplie par $\bar{\mathbf{A}}^{-1}$:

$$I_d = \frac{I_d}{K_A} \text{diag}(\mathbf{A})$$

On a : $\bar{\mathbf{A}} = K_A e_1 + K_A e_2$ qui est une solution positive.

En résumé si $\bar{\mathbf{L}} = 0_{\mathbb{R}^2}$ On a deux DFE non trivial :

— $E_1 = (\bar{S}, \bar{I}, \bar{A}, \bar{L}) = (\bar{S}, 0_{\mathbb{R}^2}, 0_{\mathbb{R}^2}, 0_{\mathbb{R}^2})$ cas où on a uniquement présence de rongeurs susceptibles.

Avec

$$\bar{\mathbf{S}} = \left(\sum_{k=1}^2 \langle \mathbf{v}, \mathbf{e}_k \rangle \right)^{-1} (\mathcal{R}_0^P - 1) \frac{K_R}{\mathcal{R}_0^P} \mathbf{v}$$

— $E_2 = (\bar{S}, \bar{I}, \bar{A}, \bar{L}) = (\bar{S}, 0_{\mathbb{R}^2}, \bar{A}, 0_{\mathbb{R}^2})$ cas où on a présence de rongeurs susceptibles et des puces attachées aux rongeurs.

Avec

$$\bar{\mathbf{S}} = \left(\sum_{k=1}^2 \langle \mathbf{v}, \mathbf{e}_k \rangle \right)^{-1} (\mathcal{R}_0^P - 1) \frac{K_R}{\mathcal{R}_0^P} \mathbf{v}$$

et

$$\bar{\mathbf{A}} = K_A e_1 + K_A e_2$$

1.4 Evolution démographique des rongeurs

Dans cette partie, nous étudierons la dynamique des rongeurs en l'absence des puces c'est-à-dire l'évolution du système.

$$\begin{cases} \frac{d\mathbf{S}(t)}{dt} = \left(1 - \frac{N_R(t)}{K_R}\right) \mathbf{M}\mathbf{S}(t) - \mathbf{d}\mathbf{S}(t) + \gamma \mathbf{I}(t) \\ \frac{d\mathbf{I}(t)}{dt} = -(\mathbf{d} + \delta + \gamma) \mathbf{I}(t) \\ N_R(t) = \sum_{k=1}^2 \langle \mathbf{S}(t) + \mathbf{I}(t), \mathbf{e}_k \rangle \\ \mathbf{S}(0) = \mathbf{S}_0 \in \mathbb{R}_+^2, \mathbf{I}(0) = \mathbf{I}_0 \in \mathbb{R}_+^2. \end{cases} \quad (1.15)$$

En résolvant la deuxième équation, on obtient :

$$\mathbf{I}(t) = e^{-(\mathbf{d} + \delta + \gamma)t} \mathbf{I}_0, \quad \forall t \geq 0$$

qui signifie que la population des rongeurs infectés disparaît de manière exponentielle. On peut ainsi naturellement penser que l'infection des rongeurs peut être contrôlée si la population de puces libres l'est. Au vu de la remarque précédente, on en déduit que

le seul équilibre démographique possible en l'absence de puces libres est $\mathbf{I}(t) \equiv 0_{\mathbb{R}^2}$ et $S(t) \equiv \bar{S}$ avec \bar{S} la solution de l'équation algébrique :

$$0_{\mathbb{R}^2} = \left(1 - \frac{1}{K_R} \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle \right) \mathbf{M}\bar{\mathbf{S}} - \mathbf{d}\bar{\mathbf{S}}.$$

qui est équivalente à

$$\bar{\mathbf{S}} = \left(1 - \frac{1}{K_R} \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle \right) \mathbf{d}^{-1} \mathbf{M}\bar{\mathbf{S}} \quad (1.16)$$

Cette équation admet $\bar{\mathbf{S}} = 0_{\mathbb{R}^2}$ comme solution triviale et d'après le théorème du point fixe de Perron-frobenius (Voir la résolution de l'équation (1.12) dans la section précédente) on obtient ainsi :

$$\bar{\mathbf{S}} = \left(\sum_{k=1}^2 \langle \mathbf{v}, \mathbf{e}_k \rangle \right)^{-1} (\mathcal{R}_0^P - 1) \frac{K_R}{\mathcal{R}_0^P} \mathbf{v}$$

Qui garantit l'existence et l'unicité d'une solution positive non trivial si et seulement si $\mathcal{R}_0^P > 1$

1.5 Évolution démographique des puces

Dans cette partie, nous étudions la dynamique des puces en l'absence de rongeurs c'est-à-dire l'évolution du système

$$\begin{cases} \frac{d\mathbf{A}(t)}{dt} = \mathbf{r}^A \left(\mathbf{A}(t) - \frac{1}{K_A} \text{diag}(\mathbf{A}(t)) \mathbf{A}(t) \right) \\ \frac{d\mathbf{L}(t)}{dt} = -\mathbf{d}_L \mathbf{L}(t) \\ \mathbf{A}(0) = \mathbf{A}_0 \in \mathbb{R}_+^2 \\ \mathbf{L}(0) = \mathbf{L}_0 \in \mathbb{R}_+^2. \end{cases} \quad (1.17)$$

On constate que la population des puces attachées aux rongeurs suit une croissance logistique. Cependant il y a plusieurs cas de figures possibles :

- Si A_0 est inférieur à K_A alors la population croît et tend vers la capacité limite K_A si t tend vers infini.

- Si A_0 est supérieur à K_A alors la population décroît et tend vers la capacité limite K_A si t tend vers l' infini.

- Si A_0 est égal à la capacité d'accueil K_A alors la population est constante $A_j(t) = K_A$

En effet ,

$$f(t) = A'_j(t) = r_j^A A_j \left(1 - \frac{A_j}{K_A} \right) \quad r > 0, \quad K_A > 0$$

Par changement de variable $x = \frac{1}{A_j}$ valable pour $A_j > 0$, conduit à l'équation différentielle :

$$x' = -r_j^A \left(x - \frac{1}{K_A} \right)$$

dont les solutions sont les fonctions g définies par :

$$g(t) = \lambda e^{-r_j^A t} + \frac{1}{K_A}$$

La fonction f doit donc vérifier :

$$f(t) = \frac{1}{g(t)} = \frac{K_A}{1 + \lambda K_A e^{-r_j^A t}}$$

La condition initiale $A_j(0) = A_0$ conduit à l'unique solution :

$$f(t) = \frac{K_A}{1 + \left(1 - \frac{A_0}{K_A}\right) e^{-r_j^A t}}$$

Il est aisé de vérifier que cette fonction est bien définie et positive sur $[0, +\infty[$. En effet,

$$1 + \left(1 - \frac{A_0}{K_A}\right) e^{-r_j^A t} = e^{-r_j^A t} \left(e^{r_j^A t} + 1 - \frac{A_0}{K_A} \right)$$

Or pour $r_j^A > 0$, $t > 0$, $e^{r_j^A t} > 1$; $e^{r_j^A t} + 1 - \frac{A_0}{K_A} > \frac{A_0}{K_A} > 0$

Selon les valeurs de A_0 , la fonction est soit constante ($A_0 = K_A$), soit croissante ($K_A > A_0$), soit décroissante ($A_0 > K_A$) de plus on a :

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} f(t) = \lim_{t \rightarrow +\infty} \frac{K_A}{1 + \left(1 - \frac{A_0}{K_A}\right) e^{-r_j^A t}} = K_A$$

Considérons la deuxième équation :

$$\frac{d\mathbf{L}(t)}{dt} = -\mathbf{d}_L \mathbf{L}(t)$$

La résolution de cette équation des puces libres donne :

$$\mathbf{L}(t) = e^{-\mathbf{d}_L t} L_0, \forall t \geq 0$$

Ce qui signifie que la population des puces libres disparaît de manière exponentielle en absence de rongeurs.

1.6 Le nombre moyen de reproduction de base

L'équilibre sans maladie (DFE) est obtenu en considérant la forme compacte du modèle. En effet, on pose $\mathbf{I} = 0_{\mathbb{R}^2}$, On considère ainsi l'équilibre de coexistence trouver précédemment :

$$E_2 = (\bar{S}, \bar{I}, \bar{A}, \bar{L}) = (\bar{S}, 0_{\mathbb{R}^2}, \bar{A}, 0_{\mathbb{R}^2}).$$

Pour calculer le nombre moyen de reproduction de base, nous utiliserons méthode de la matrice de prochaine génération, qui consiste à déterminer \mathbf{F} et \mathbf{V} . Le nombre moyen de reproduction de base noté R_0 est ainsi défini comme étant le rayon spectral de la matrice $F(V)^{-1}$. Considérons l'équation sur densité des rongeur infectés :

$$\frac{d\mathbf{I}(t)}{dt} = \frac{1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \mathbf{S}(t) + \mathbf{I}(t), \mathbf{e}_k \rangle}}{\sum_{k=1}^2 \langle \mathbf{S}(t) + \mathbf{I}(t), \mathbf{e}_k \rangle} \text{diag}(\beta \mathbf{L}(t)) \mathbf{S}(t) - (\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta} + \gamma) \mathbf{I}(t)$$

On linéarise cette équation autour du DFE :

$$E_2 = (\bar{S}, \bar{I}, \bar{A}, \bar{L}) = (\bar{S}, 0_{\mathbb{R}^2}, \bar{A}, 0_{\mathbb{R}^2})$$

$$\frac{d\mathbf{I}(t)}{dt} = \frac{1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \mathbf{S}(t) + \mathbf{I}(t) + \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle}}{\sum_{k=1}^2 \langle \mathbf{S} + \mathbf{I} + \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle} \text{diag}(\beta \mathbf{L}(t)) (\mathbf{S}(t) + \bar{\mathbf{S}}) - (\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta} + \gamma) \mathbf{I}$$

On développe :

$$\begin{aligned} \frac{d\mathbf{I}(t)}{dt} &= \frac{1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle} e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \mathbf{S}(t) + \mathbf{I}(t), \mathbf{e}_k \rangle}}{\sum_{k=1}^2 \langle \mathbf{S}(t) + \mathbf{I}(t), \mathbf{e}_k \rangle + \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle} [\text{diag}(\beta \mathbf{L}(t)) \mathbf{S} + \text{diag}(\beta \mathbf{L}(t)) \bar{\mathbf{S}}] \\ &\quad - (\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta} + \gamma) \mathbf{I}(t) \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \frac{d\mathbf{I}(t)}{dt} &= \frac{1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle} e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \mathbf{S}(t) + \mathbf{I}(t), \mathbf{e}_k \rangle}}{\sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle} \times \frac{\sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle}{\sum_{k=1}^2 \langle \mathbf{S}(t) + \mathbf{I}(t), \mathbf{e}_k \rangle + \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle} \\ &\quad \times [\text{diag}(\beta \mathbf{L}(t)) \mathbf{S}(t) + \text{diag}(\beta \mathbf{L}(t)) \bar{\mathbf{S}}] - (\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta} + \gamma) \mathbf{I}(t) \end{aligned} \tag{1.18}$$

Le développement limité de :

$$e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \mathbf{S} + \mathbf{I}, \mathbf{e}_k \rangle}$$

est donnée par :

$$1 - \alpha \sum_{k=1}^2 \langle \mathbf{S} + \mathbf{I}, \mathbf{e}_k \rangle$$

De même l'expression suivante :

$$\frac{\sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle}{\sum_{k=1}^2 \langle \mathbf{S}(t) + \mathbf{I}(t), \mathbf{e}_k \rangle + \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle}$$

cette expression peut s'écrire sous la forme :

$$\frac{1}{1 + \frac{\sum_{k=1}^2 \langle \mathbf{S}(t) + \mathbf{I}(t), \mathbf{e}_k \rangle}{\sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle}}$$

Et son développement limité est donnée par :

$$1 - \frac{\sum_{k=1}^2 \langle \mathbf{S}(t) + \mathbf{I}(t), \mathbf{e}_k \rangle}{\sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle}$$

Remplaçons maintenant les expressions approximées dans 1.18

$$\begin{aligned} \frac{d\mathbf{I}(t)}{dt} &= \frac{1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle} (1 - \alpha \sum_{k=1}^2 \langle \mathbf{S}(t) + \mathbf{I}(t), \mathbf{e}_k \rangle)}{\sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle} \left(1 - \frac{\sum_{k=1}^2 \langle \mathbf{S}(t) + \mathbf{I}(t), \mathbf{e}_k \rangle}{\sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle} \right) \\ &\times [\text{diag}(\beta \mathbf{L}(t)) \mathbf{S}(t) + \text{diag}(\beta \mathbf{L}(t)) \bar{\mathbf{S}}] - (\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta} + \gamma) \mathbf{I}(t) \end{aligned}$$

On développe l'expression :

$$\begin{aligned} \frac{d\mathbf{I}(t)}{dt} &= \left[\frac{1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle}}{\sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle} + \frac{\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \mathbf{S}(t) + \mathbf{I}(t), \mathbf{e}_k \rangle e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle}}{\sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle} \right] \\ &\times \left(1 - \frac{\sum_{k=1}^2 \langle \mathbf{S}(t) + \mathbf{I}(t), \mathbf{e}_k \rangle}{\sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle} \right) [\text{diag}(\beta \mathbf{L}(t)) \mathbf{S}(t) + \text{diag}(\beta \mathbf{L}(t)) \bar{\mathbf{S}}] - (\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta} + \gamma) \mathbf{I}(t) \end{aligned}$$

En développant et en ignorant les termes quadratique, on obtient la forme linéaire suivante :

$$\frac{d\mathbf{I}(t)}{dt} = \frac{1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle}}{\sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle} \text{diag}(\beta \mathbf{L}(t)) \bar{\mathbf{S}} - (\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta} + \gamma) \mathbf{I}(t)$$

Considérons l'équation sur la densité des puces :

$$\frac{d\mathbf{L}(t)}{dt} = \text{diag}(\mathbf{I}(t))(\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta}) \mathbf{A}(t) - (1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \mathbf{S}(t) + \mathbf{I}(t), \mathbf{e}_k \rangle}) \mathbf{L}(t) - \mathbf{d}_L \mathbf{L}(t)$$

On linéarise cette équation autour du DFE :

$$\frac{d\mathbf{L}(t)}{dt} = \text{diag}(\mathbf{I}(t))(\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta})(\mathbf{A}(t) + \bar{\mathbf{A}}) - (1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \mathbf{s} + \mathbf{I} + \bar{\mathbf{s}}, \mathbf{e}_k \rangle}) \mathbf{L}(t) - \mathbf{d}_L \mathbf{L}(t)$$

On développe cette expression :

$$\begin{aligned} \frac{d\mathbf{L}}{dt} &= \text{diag}(\mathbf{I}(t))(\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta})\mathbf{A}(t) + \text{diag}(\mathbf{I}(t))(\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta})\bar{\mathbf{A}} \\ &\quad - (1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \mathbf{S} + \mathbf{I}, \mathbf{e}_k \rangle} e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle})\mathbf{L}(t) - \mathbf{d}_L \mathbf{L}(t) \end{aligned}$$

Le développement limité de :

$$e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \mathbf{S} + \mathbf{I}, \mathbf{e}_k \rangle}$$

est donnée par l'expression suivante :

$$1 - \alpha \sum_{k=1}^2 \langle \mathbf{S} + \mathbf{I}, \mathbf{e}_k \rangle$$

On remplace le DL :

$$\begin{aligned} \frac{d\mathbf{L}}{dt} &= \text{diag}(\mathbf{I}(t))(\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta})\mathbf{A}(t) + \text{diag}(\mathbf{I}(t))(\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta})\bar{\mathbf{A}} \\ &\quad - (1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle} (1 - \alpha \sum_{k=1}^2 \langle \mathbf{S} + \mathbf{I}, \mathbf{e}_k \rangle))\mathbf{L}(t) - \mathbf{d}_L \mathbf{L}(t) \end{aligned}$$

On développe :

$$\begin{aligned} \frac{d\mathbf{L}(t)}{dt} &= \text{diag}(\mathbf{I}(t))(\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta})\mathbf{A}(t) + \text{diag}(\mathbf{I}(t))(\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta})\bar{\mathbf{A}} - (1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle} \\ &\quad + \alpha \sum_{k=1}^2 \langle \mathbf{S}(t) + \mathbf{I}(t), \mathbf{e}_k \rangle) e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle} \mathbf{L}(t) - \mathbf{d}_L \mathbf{L}(t) \end{aligned}$$

On ignore les termes quadratiques et on obtient la forme linéaire suivante :

$$\frac{d\mathbf{L}(t)}{dt} = \text{diag}(\mathbf{I}(t))(\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta})\bar{\mathbf{A}} - (1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle})\mathbf{L}(t) - \mathbf{d}_L \mathbf{L}(t)$$

Cherchons la matrice de Transmission :

$$\left\{ \begin{aligned} \frac{d\mathbf{I}(t)}{dt} &= -(\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta} + \boldsymbol{\gamma})\mathbf{I}(t) + \frac{1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle}}{\sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle} \text{diag}(\boldsymbol{\beta} \mathbf{L}(t)) \bar{\mathbf{S}} \\ \frac{d\mathbf{L}(t)}{dt} &= \text{diag}(\mathbf{I}(t))(\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta})\bar{\mathbf{A}} - (1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle})\mathbf{L}(t) - \mathbf{d}_L \mathbf{L}(t) \end{aligned} \right. \quad (1.19)$$

$$\Leftrightarrow \begin{cases} \frac{d\mathbf{I}(t)}{dt} = -(\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta} + \boldsymbol{\gamma})\mathbf{I}(t) + \frac{1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle}}{\sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle} \text{diag}(\boldsymbol{\beta} \bar{\mathbf{S}}) \mathbf{L}(t) \\ \frac{d\mathbf{L}(t)}{dt} = \text{diag}(\bar{\mathbf{A}})(\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta})\mathbf{I}(t) - (1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle})\mathbf{L}(t) + \mathbf{d}_L \mathbf{L}(t) \end{cases} \quad (1.20)$$

$$\Leftrightarrow \begin{pmatrix} \frac{d\mathbf{I}(t)}{dt} \\ \frac{d\mathbf{L}(t)}{dt} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -(\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta} + \boldsymbol{\gamma}) & \frac{1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle}}{\sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle} \text{diag}(\boldsymbol{\beta} \bar{\mathbf{S}}) \\ \text{diag}(\bar{\mathbf{A}})(\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta}) & -\text{diag}((1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle}) + \mathbf{d}_L) \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \mathbf{I}(t) \\ \mathbf{L}(t) \end{pmatrix}$$

Notons :

$$\mathbf{A} = \begin{pmatrix} -(\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta} + \boldsymbol{\gamma}) & \frac{1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle}}{\sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle} \text{diag}(\boldsymbol{\beta} \bar{\mathbf{S}}) \\ \text{diag}(\bar{\mathbf{A}})(\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta}) & -\text{diag}((1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle}) + \mathbf{d}_L) \end{pmatrix}$$

Écrivons \mathbf{A} sous la forme $\mathbf{F} - \mathbf{V}$:

Ainsi, on obtient

$$\mathbf{F} = \begin{pmatrix} 0 & \frac{1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle}}{\sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle} \text{diag}(\boldsymbol{\beta} \bar{\mathbf{S}}) \\ \text{diag}(\bar{\mathbf{A}})(\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta}) & 0 \end{pmatrix}$$

et

$$\mathbf{V} = \begin{pmatrix} (\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta} + \boldsymbol{\gamma}) & 0 \\ 0 & \text{diag}((1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k \rangle}) + \mathbf{d}_L) \end{pmatrix}$$

Par définition, le taux de reproduction est le rayon spectral de la matrice \mathbf{FV}^{-1} on note :

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

Calculons maintenant \mathcal{R}_0 :

On a :

$$\mathbf{FV}^{-1} = \begin{pmatrix} 0 & M \\ N & 0 \end{pmatrix}$$

Avec

$$M = \frac{1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{s}}, \mathbf{e}_k \rangle}}{\sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{s}}, \mathbf{e}_k \rangle} \text{diag}(\beta \bar{\mathbf{S}}) * [\text{diag}((1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{s}}, \mathbf{e}_k \rangle}) + \mathbf{d}_L)]^{-1}$$

et

$$N = \text{diag}(\bar{\mathbf{A}}(t))(\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta}) * [(\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta} + \boldsymbol{\gamma})]^{-1}$$

On désagrège l'écriture de M

$$M = \frac{1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{s}}, \mathbf{e}_k \rangle}}{\sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{s}}, \mathbf{e}_k \rangle} * \begin{pmatrix} \beta_{11} \bar{S}_1 & 0 \\ 0 & \beta_{22} \bar{S}_2 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \frac{1}{(1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{s}}, \mathbf{e}_k \rangle} + d_L)} & 0 \\ 0 & \frac{1}{(1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{s}}, \mathbf{e}_k \rangle} + d_L)} \end{pmatrix}$$

Posons :

$$b = \frac{1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{s}}, \mathbf{e}_k \rangle}}{\sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{s}}, \mathbf{e}_k \rangle}$$

On calcule le produit :

$$M = b \begin{pmatrix} \frac{\beta_{11} \bar{S}_1}{1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{s}}, \mathbf{e}_k \rangle} + d_L} & 0 \\ 0 & \frac{\beta_{22} \bar{S}_2}{1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{s}}, \mathbf{e}_k \rangle} + d_L} \end{pmatrix}$$

de même on désagrège l'écriture de N

$$N = \begin{pmatrix} (d_1 + \delta_1) \bar{A}_1 & 0 \\ 0 & (d_2 + \delta_2) \bar{A}_2 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \frac{1}{d_1 + \delta_1 + \gamma_1} & 0 \\ 0 & \frac{1}{d_2 + \delta_2 + \gamma_2} \end{pmatrix}$$

On fait le produit des deux matrices :

$$N = \begin{pmatrix} \frac{(d_1 + \delta_1) \bar{A}_1}{d_1 + \delta_1 + \gamma_1} & 0 \\ 0 & \frac{(d_2 + \delta_2) \bar{A}_2}{d_2 + \delta_2 + \gamma_2} \end{pmatrix}$$

Ainsi :

$$\mathbf{FV}^{-1} = \begin{pmatrix} 0 & M \\ N & 0 \end{pmatrix}$$

Avec

$$M = b \begin{pmatrix} \frac{\beta_{11}\bar{S}_1}{1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{s}}, \mathbf{e}_k \rangle} + d_L} & 0 \\ 0 & \frac{\beta_{22}\bar{S}_2}{1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{s}}, \mathbf{e}_k \rangle} + d_L} \end{pmatrix}$$

et

$$N = \begin{pmatrix} \frac{(d_1 + \delta_1)\bar{A}_1}{d_1 + \delta_1 + \gamma_1} & 0 \\ 0 & \frac{d_2 + \delta_2}{d_2 + \delta_2 + \gamma_2} \bar{A}_2 \end{pmatrix}$$

Calculons $(\mathbf{FV}^{-1})^2$:

$$(\mathbf{FV}^{-1})^2 = \begin{pmatrix} 0 & M \\ N & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 0 & M \\ N & 0 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} MN & 0 \\ 0 & NM \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} MN & 0 \\ 0 & MN \end{pmatrix}$$

En effet :

$$MN = b \begin{pmatrix} \frac{\beta_{11}\bar{S}_1}{1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{s}}, \mathbf{e}_k \rangle} + d_L} & 0 \\ 0 & \frac{\beta_{22}\bar{S}_2}{1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{s}}, \mathbf{e}_k \rangle} + d_L} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \frac{(d_1 + \delta_1)\bar{A}_1}{d_1 + \delta_1 + \gamma_1} & 0 \\ 0 & \frac{d_2 + \delta_2}{d_2 + \delta_2 + \gamma_2} \bar{A}_2 \end{pmatrix}$$

$$MN = b \begin{pmatrix} \frac{\beta_{11}\bar{S}_1(d_1 + \delta_1)\bar{A}_1}{(1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{s}}, \mathbf{e}_k \rangle} + d_L)(d_1 + \delta_1 + \gamma_1)} & 0 \\ 0 & \frac{\beta_{22}\bar{S}_2(d_2 + \delta_2)\bar{A}_2}{(1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{s}}, \mathbf{e}_k \rangle} + d_L)(d_2 + \delta_2 + \gamma_2)} \end{pmatrix}$$

et

$$NM = b \begin{pmatrix} \frac{(d_1 + \delta_1)\bar{A}_1}{d_1 + \delta_1 + \gamma_1} & 0 \\ 0 & \frac{d_2 + \delta_2}{d_2 + \delta_2 + \gamma_2} \bar{A}_2 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \frac{\beta_{11}\bar{S}_1}{1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{s}}, \mathbf{e}_k \rangle} + d_L} & 0 \\ 0 & \frac{\beta_{22}\bar{S}_2}{1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{s}}, \mathbf{e}_k \rangle} + d_L} \end{pmatrix}$$

$$NM = b \begin{pmatrix} \frac{\beta_{11}\bar{S}_1(d_1 + \delta_1)\bar{A}_1}{(1 - e^{-\alpha\sum_{k=1}^2\langle\bar{\mathbf{S}},\mathbf{e}_k\rangle} + d_L)(d_1 + \delta_1 + \gamma_1)} & 0 \\ 0 & \frac{\beta_{22}\bar{S}_2(d_2 + \delta_2)\bar{A}_2}{(1 - e^{-\alpha\sum_{k=1}^2\langle\bar{\mathbf{S}},\mathbf{e}_k\rangle} + d_L)(d_2 + \delta_2 + \gamma_2)} \end{pmatrix}$$

On constate que $MN = NM$ alors M et N commutent.

$$(\rho(\mathbf{FV}^{-1}))^2 = \rho((\mathbf{FV}^{-1})^2) \quad (1.21)$$

En effet ,

Soit A une matrice carrée et $k \in \mathbb{N}$, par définition on a :

$$\rho(A^2) = \lim_{k \rightarrow \infty} \|A^{2k}\|^{\frac{1}{k}}$$

et

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

ainsi

$$\rho(A)^2 = \left(\lim_{k \rightarrow \infty} \|A^k\|^{\frac{1}{k}}\right)^2 = \lim_{k \rightarrow \infty} \|A^k\|^{\frac{2}{k}}$$

Si k tend vers l'infini alors $\rho(A^2)$ et $\rho(A)^2$ vont tendre vers la même limite. Par conséquent $\rho(A^2) = (\rho(A))^2$.

On rappelle que :

$$(\mathbf{FV}^{-1})^2 = \begin{pmatrix} MN & 0 \\ 0 & MN \end{pmatrix}$$

On a :

$$\rho((\mathbf{FV}^{-1})^2) = \rho(MN) \quad (1.22)$$

or

$$MN = b \begin{pmatrix} \frac{\beta_{11}\bar{S}_1(d_1 + \delta_1)\bar{A}_1}{(1 - e^{-\alpha\sum_{k=1}^2\langle\bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k\rangle} + d_L)(d_1 + \delta_1 + \gamma_1)} & 0 \\ 0 & \frac{\beta_{22}\bar{S}_2(d_2 + \delta_2)\bar{A}_2}{(1 - e^{-\alpha\sum_{k=1}^2\langle\bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k\rangle} + d_L)(d_2 + \delta_2 + \gamma_2)} \end{pmatrix}$$

$$\rho(MN) = b * \max\{k_1, k_2\}$$

avec

$$k_1 = \frac{\beta_{11}\bar{S}_1(d_1 + \delta_1)\bar{A}_1}{(1 - e^{-\alpha\sum_{k=1}^2\langle\bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k\rangle} + d_L)(d_1 + \delta_1 + \gamma_1)}$$

$$k_2 = \frac{\beta_{22}\bar{S}_2(d_2 + \delta_2)\bar{A}_2}{(1 - e^{-\alpha\sum_{k=1}^2\langle\bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k\rangle} + d_L)(d_2 + \delta_2 + \gamma_2)}$$

D'après (1.21) et (1.22) on a :

$$\rho(\mathbf{FV}^{-1}) = \sqrt{\rho(MN)}$$

$$\rho(\mathbf{FV}^{-1}) = \sqrt{b * \max\{k_1, k_2\}}$$

$$R_0 = \sqrt{b * \max\{k_1, k_2\}} \quad ; \quad b > 0 \quad k_1 > 0 \quad k_2 > 0$$

Avec

$$b = \frac{1 - e^{-\alpha\sum_{k=1}^2\langle\bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k\rangle}}{\sum_{k=1}^2\langle\bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k\rangle}$$

$$k_1 = \frac{\beta_{11}\bar{S}_1(d_1 + \delta_1)\bar{A}_1}{(1 - e^{-\alpha\sum_{k=1}^2\langle\bar{\mathbf{S}}, \mathbf{e}_k\rangle} + d_L)(d_1 + \delta_1 + \gamma_1)}$$

$$k_2 = \frac{\beta_{22} \bar{S}_2 (d_2 + \delta_2) \bar{A}_2}{(1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{S}, \mathbf{e}_k \rangle} + d_L)(d_2 + \delta_2 + \gamma_2)}$$

1.7 Analyse de la stabilité

Le but de cette section est d'étudier la stabilité au point d'équilibre sans maladie (DFE) E_2 [42].

Théorème 1.7.1 Le système épidémiologique est localement asymptotiquement stable par rapport au DFE (E_2) si $\mathcal{R}_0 < 1$ et est instable sinon.

Preuve 1.7.2 L'objectif principal est ici de faire le lien entre \mathcal{R}_0 et la valeur de la partie réelle de la valeur propre dominante de FV^{-1} . Pour atteindre l'objectif on sera obligé d'évoquer certaines définitions et théorèmes.

Définition 1.7.3 (Matrice de Metzler). Une matrice dont les termes hors de la diagonale sont positifs, i.e. si $i \neq j$ alors $a_{ij} \geq 0$ est appelé une matrice de Metzler.

Théorème 1.7.4 Si \mathbf{A} est une matrice de Metzler, les conditions suivantes sont équivalentes

- La matrice de Metzler \mathbf{A} est asymptotiquement stable
- La matrice de Metzler \mathbf{A} est inversible et $-\mathbf{A}^{-1} \geq 0$
- Si b est un vecteur tel que $b \gg 0$ alors il existe $x \gg 0$ tel que $Ax + b = 0$
- Il existe $c > 0$ tel que $Ac \ll 0$
- Il existe $c \gg 0$ tel que $Ac \ll 0$

Théorème 1.7.5 (Perron-Frobenius). Le rayon spectral d'une matrice positive $A \geq 0$ est une valeur propre associée à un vecteur propre dans l'orthant positif. Si $A \geq 0$ est en plus irréductible alors le vecteur propre correspondant est dans l'intérieur de l'orthant positif. Ce vecteur est unique, à un coefficient multiplicatif près.

Nous allons énoncer maintenant un résultat dû à Varga [42] qui est important dans l'élaboration du concept de \mathcal{R}_0

Théorème 1.7.6 (Varga). Soit une matrice de Metzler A . Il est équivalent de dire, pour toute décomposition de A de la forme :

$$A = F + V$$

où $F \geq 0$ et V est une matrice de Metzler asymptotiquement stable (équivalent à V inversible).

- A est asymptotiquement stable
- $\rho(-FV^{-1}) < 1$

Soit \mathbf{A} la matrice de contact définit par :

$$\mathbf{A} = \begin{pmatrix} -(\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta} + \boldsymbol{\gamma}) & \frac{1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{s}}, \mathbf{e}_k \rangle}}{\sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{s}}, \mathbf{e}_k \rangle} \text{diag}(\boldsymbol{\beta} \bar{\mathbf{S}}) \\ \text{diag}(\bar{\mathbf{A}})(\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta}) & -\text{diag}((1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{s}}, \mathbf{e}_k \rangle}) + \mathbf{d}_L) \end{pmatrix}$$

La borne spectrale est définie par :

$$\mathcal{S}(\mathbf{A}) := \sup \{ \mathcal{R}e(\lambda) : \lambda \in \sigma(\mathbf{A}) \} \quad (1.23)$$

On décompose \mathbf{A} sous la forme $\mathbf{F} - \mathbf{V}$ tel que :

$$\mathbf{F} = \begin{pmatrix} 0 & \frac{1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{s}}, \mathbf{e}_k \rangle}}{\sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{s}}, \mathbf{e}_k \rangle} \text{diag}(\boldsymbol{\beta} \bar{\mathbf{S}}) \\ \text{diag}(\bar{\mathbf{A}})(\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta}) & 0 \end{pmatrix}$$

et

$$\mathbf{V} = \begin{pmatrix} (\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta} + \boldsymbol{\gamma}) & 0 \\ 0 & \text{diag}((1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{s}}, \mathbf{e}_k \rangle}) + \mathbf{d}_L) \end{pmatrix}$$

$$\mathbf{FV}^{-1} = \begin{pmatrix} 0 & M \\ N & 0 \end{pmatrix}$$

Avec

$$M = \frac{1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{s}}, \mathbf{e}_k \rangle}}{\sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{s}}, \mathbf{e}_k \rangle} \text{diag}(\boldsymbol{\beta} \bar{\mathbf{S}}) * [\text{diag}((1 - e^{-\alpha \sum_{k=1}^2 \langle \bar{\mathbf{s}}, \mathbf{e}_k \rangle}) + \mathbf{d}_L)]^{-1}$$

et

$$N = \text{diag}(\bar{\mathbf{A}}(t))(\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta}) * [(\mathbf{d} + \boldsymbol{\delta} + \boldsymbol{\gamma})]^{-1}$$

- D'abord la théorie des matrices de Metzler permet de prouver que FV^{-1} est non négative.
- Par le théorème de Perron-Frobenius , on a $\mathcal{R}_0 = \rho(FV^{-1})$ qui est une valeur propre de FV^{-1}
- On s'intéresse maintenant sur la linéarisation du système autour du DFE , d'après le théorème de Poincaré-Lyapunov on sait que le DFE est asymptotiquement stable si et seulement si toutes les valeurs propres de la matrice \mathbf{A} sont à partie réelles strictement négatives i.e $\mathcal{S}(\mathbf{A}) < 0$ et est instable s'il existe au moins une valeur propre à partie réelle strictement positive.

Alors d'après le théorème de Varga, nous pouvons conclure que :

$$\mathcal{S}(\mathbf{F} - \mathbf{V}) < 0 \Leftrightarrow \mathcal{R}_0 < 1$$

Par la continuité nous avons :

$$\mathcal{S}(\mathbf{F} - \mathbf{V}) \leq 0 \Leftrightarrow \mathcal{R}_0 \leq 1$$

Si $\mathcal{R}_0 < 1$, alors un individu en infecte en moyenne moins d'un, ce qui signifie que la maladie disparaîtra de la population à terme. À l'opposé, si $\mathcal{R}_0 > 1$, alors la maladie peut se propager dans la population.

1.8 Simulations numériques

Dans cette section, on s'intéresse à la simulation numérique des différentes études effectuées sur le modèle. Cette visualisation se fera sur d'abord sur l'évolution démographique des rongeurs, ensuite sur celle des puces et enfin on verra ce que donne l'étude numérique de l'équilibre sans maladie (DFE). Les descriptions et sources des différents paramètres sont définies sur le tableau suivant :

Paramètres	Descriptions	Valeurs	Source
r_1 et r_2	Taux de natalité maximal des rongeurs des types S_1 et S_2	0 à 20 ($jour^{-1}$)	15 dans [1], 5 in [23]
K_R	Capacité de charge de la population de rats	1000 (rats)	arbitrairement choisi
α	Efficacité de recherche des vecteurs	0.7	[23]
β_{11}	Paramètre de transmission de F_1 sur S_1	0 à 1 ($jour^{-1}$)	4.7 [23], 7.7 [26] et 23.4 ($jour^{-1}$) dans [11]
β_{12}	Paramètre de transmission de F_2 sur S_1	0 à 1 ($jour^{-1}$)	4.7 [23], 7.7 [26] et 23.4 ($jour^{-1}$) dans [11]
β_{21}	Paramètre de transmission de L_1 sur S_2	0 à 1 ($jour^{-1}$)	4.7 [23], 7.7 [26] et 23.4 ($jour^{-1}$) dans [11]
β_{22}	Paramètre de transmission de L_2 sur S_2	0 à 1 ($jour^{-1}$)	4.7 [23], 7.7 [26] et 23.4 ($jour^{-1}$) dans [11]
r_j^A	Taux de croissance des rats sur les rongeurs	0 à 1 ($jour^{-1}$)	[3]
d_j	Taux de mortalité naturel constant des rats	0 à 1 ($jour^{-1}$)	(J-M Duplantier, unpublished data)
d_L	Taux de mortalité des puces libres infectées L_J	0 à 1 ($jour^{-1}$)	[12]
γ_j	Taux de guérison constant des rats infectés	0 à 1	[31][1]
δ_j	Taux de mortalité supplémentaire par septicémie des rats infectés	0 à 1 ($jour^{-1}$)	[40]
K_A	Capacité de charge de la population des puces vivant sur les rats	50-500 (puce)	[32]

TABLE 1.1 – Description des paramètres, valeurs et références

1.8.1 Évolution démographique des rongeurs

Dans cette partie, on simule le modèle (1.15) qui illustre la dynamique des rongeurs en absence des puces. On rappelle que théoriquement la population des rongeurs infectés disparaît de manière exponentielle et que la population des rongeurs susceptibles tend vers l'équilibre démographique $\bar{\mathbf{S}} \in \mathbb{R}_2^+$ qui, son existence dépend d'une certaine condition $\mathcal{R}_0^P > 1$ avec :

$$\mathcal{R}_0^P := \sup \{ |\lambda| : \lambda \in \sigma(\mathbf{d}^{-1}\mathbf{M}) \} \quad (1.24)$$

Les valeurs des paramètres de ce modèle sont illustrées dans le tableau suivant :

ϵ	r_1	r_2	K_R	d_1	d_2	δ_1	δ_2	γ_1	γ_2
0.3	0.9	0.79	1000	0.7	0.1	0.2	0.1	0.3	2

TABLE 1.2 – valeurs des paramètres

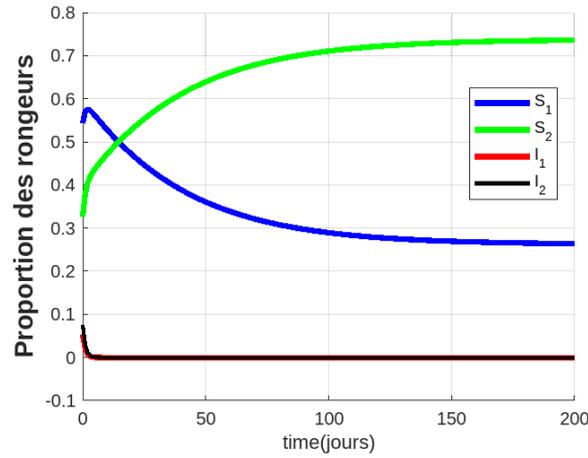


FIGURE 1.3 – Evolution démographique des rongeurs : $\mathcal{R}_0^p = 25.95$

Ces valeurs sont choisies de manière à ce que \mathcal{R}_0^p soit supérieur à 1 pour garantir l'existence de la solution $\bar{\mathbf{S}} \in \mathbb{R}_2^+$. La valeur de \mathcal{R}_0^p est déterminée numériquement par $\mathcal{R}_0^p = 25.95$.

1.8.2 Évolution démographique des puces

Dans cette section, on simule le modèle (1.17) qui illustre la dynamique des puces sans rongeurs. On rappelle que théoriquement la population des puces attachées aux rongeurs suit une croissance logistique. Cependant il y a plusieurs cas de figures possibles :

- Si A_0 est inférieur à K_A alors la population croît et tend vers la capacité limite K_A si t tend vers infini.
- Si A_0 est supérieur à K_A alors la population décroît et tend vers la capacité limite K_A si t tend vers l'infini.
- Si A_0 est égal à la capacité d'accueil K_A alors la population est constante $A_j(t) = K_A$.

pour ce qui concerne les puces libres, on note une disparition de façon exponentielle.

Les valeurs des paramètres de ce modèle sont illustrer dans le tableau suivant :

K_A	r_1^A	r_2^A	d_L
0.3	0.9	0.79	1

TABLE 1.3 – valeurs des paramètres

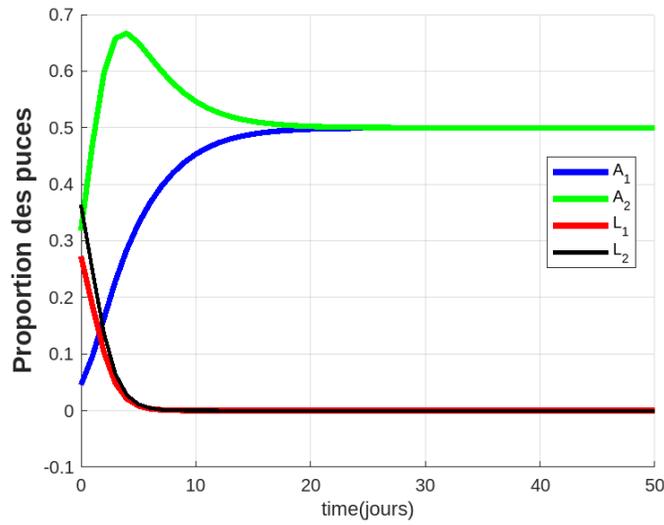


FIGURE 1.4 – Évolution démographique des puces : $\mathcal{R}_0^p = 25.95$

Ces valeurs sont choisies de manière à ce que \mathcal{R}_0^p soit supérieur à 1 pour garantir l'existence de la solution $\bar{\mathbf{S}} \in \mathbb{R}_2^+$. La valeur de \mathcal{R}_0^p est déterminée numériquement par $\mathcal{R}_0^p = 25.95$.

1.8.3 L'équilibre sans maladie

Dans le cas de l'étude de la dynamique des population sans maladie, le modèle est localement asymptotique stable vers le point d'équilibre E_2 garanti par un taux de reproduction moyen inférieur à 1. L'existence des solutions de $\bar{\mathbf{S}}$ est dû au fait que $\mathcal{R}_0^p > 1$ et $\bar{\mathbf{A}}$ tend vers la capacité de charge K_A

Les valeurs des paramètres de ce modèle dans le cas où $\mathcal{R}_0 < 1$ sont illustrées dans le tableau suivant :

ϵ	r_1	r_2	K_R	α	β_{11}	β_{12}	β_{21}	β_{22}
0.3	0.9	0.79	1000	0.7	0.1	0.2	0.1	0.3
d_1	d_2	γ_1	γ_2	δ_1	δ_2	d_L	r_1^A	r_2^A
0.05	0.025	0.8	0.8	0.1	0.1	0.5	0.3	0.4
K_A								
50								

TABLE 1.4 – Valeurs des paramètres

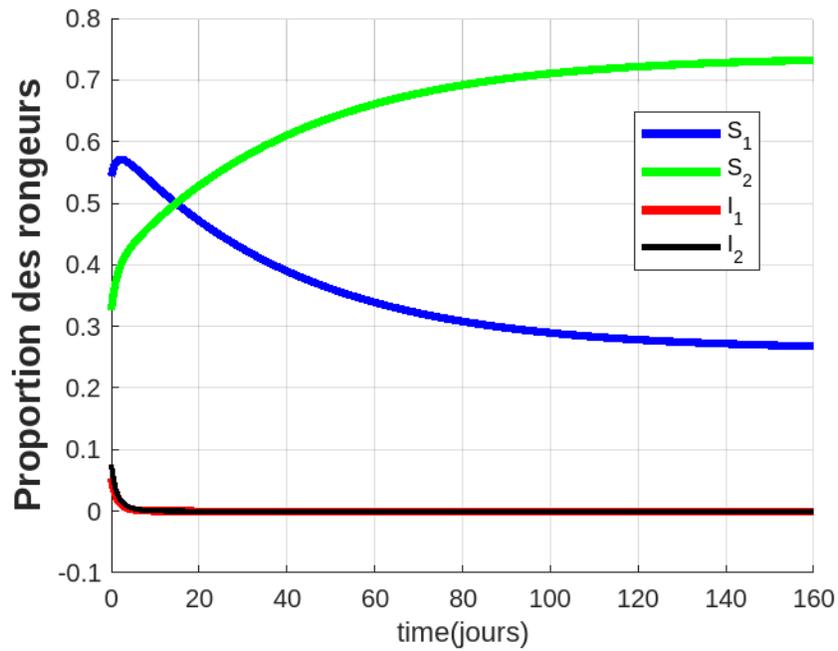


FIGURE 1.5 – Évolution démographique des rongeurs : $\mathcal{R}_0 = 0.51$

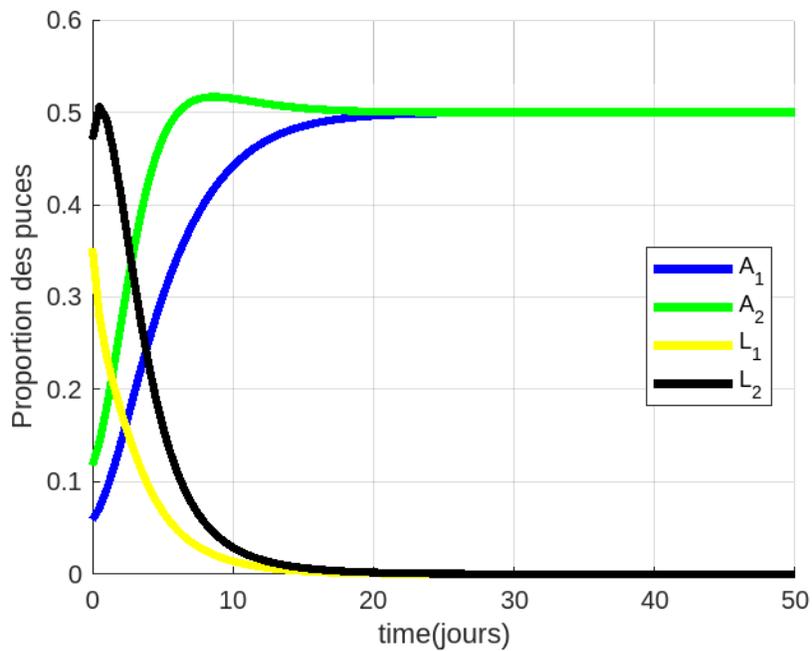


FIGURE 1.6 – Évolution démographique des puces : $\mathcal{R}_0 = 0.51$

Ces valeurs sont choisies de manière à ce que $\mathcal{R}_0 < 1$. Alors E_2 est le seul équilibre et il est localement asymptotiquement stable. La valeur de \mathcal{R}_0 est déterminée numériquement par $\mathcal{R}_0 = 0.51$.

Les valeurs des paramètres de ce modèle dans le cas où $\mathcal{R}_0 > 1$ sont illustrer dans le tableau suivant :

ϵ	r_1	r_2	K_R	α	β_{11}	β_{12}	β_{21}	β_{22}
0.3	0.9	0.79	1000	0.7	0.1	0.2	0.1	0.3
d_1	d_2	γ_1	γ_2	δ_1	δ_2	d_L	r_1^A	r_2^A
0.05	0.025	0.8	0.8	0.1	0.1	0.5	0.3	0.4
K_A								
500								

TABLE 1.5 – valeurs des paramètres

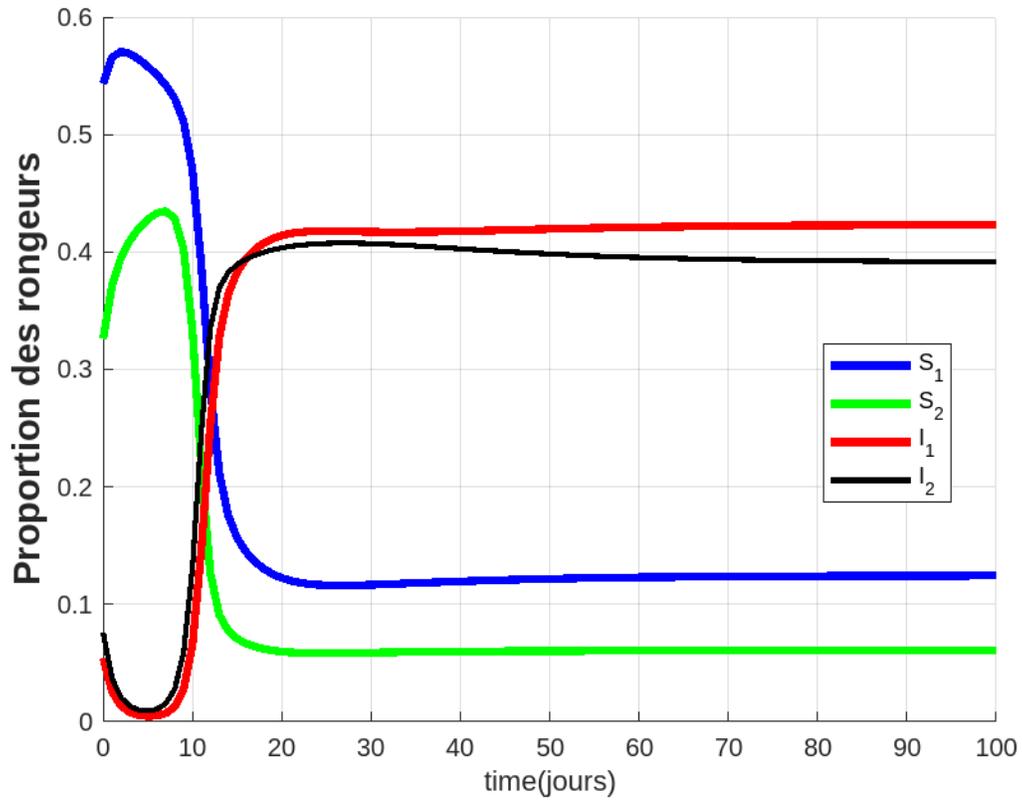


FIGURE 1.7 – Évolution démographique des rongeurs : $\mathcal{R}_0 = 1.64$

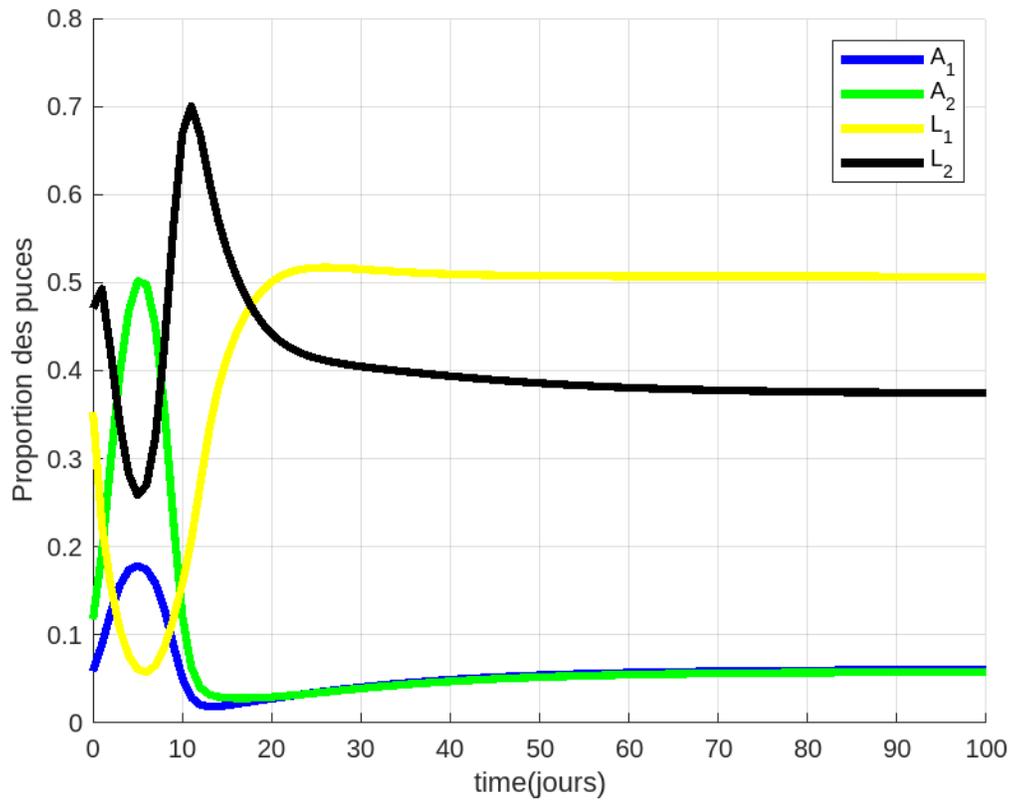


FIGURE 1.8 – Évolution démographique des puces : $\mathcal{R}_0 = 1.64$

Ces valeurs sont choisies de manière à ce que $\mathcal{R}_0 > 1$. Dans ce cas on a un équilibre de coexistence. La valeur de \mathcal{R}_0 est déterminée numériquement par $\mathcal{R}_0 = 1.64$.

1.9 Conclusion

L'évaluation de la stabilité locale des équilibres a enrichi notre compréhension des dynamiques du système, tandis que l'identification des points d'instabilité vers une endémie future a souligné les scénarios potentiels où la maladie pourrait persister. Ces résultats constituent une base solide pour notre exploration plus approfondie dans les chapitres suivants. En effet, afin d'apporter des contributions significatives à la compréhension et à la gestion de la peste, nous nous tournons maintenant vers le deuxième chapitre, axé sur le contrôle optimal. Ce nouveau volet de notre recherche constitue une étape cruciale pour influencer activement la dynamique du système et modérer la propagation de la peste.

Contrôle optimal du modèle de la transmission de la peste entre hôte et vecteur

2.1 Introduction

Dans n'importe quel domaine : physique, informatique, biomathématique, astronomie, biologie, chimie, etc . . . , réaliser un objectif et tenter de le faire de manière optimale représentent l'objectif principal de la théorie du contrôle optimal qui fait partie de la théorie du contrôle.

On suppose l'existence d'une commande de contrôle $c(t)$ telle que la trajectoire $x(t)$ associée relie un point de l'ensemble de départ $x_0 \in M_0$ à la cible terminale $x_1 \in M_1$ en un temps fini. L'objectif, c'est de minimiser la fonction coût qui est le problème du contrôle optimal.

2.2 Problème du contrôle optimal de l'épidémie de la peste

Comprendre comment contrôler et éliminer/éradiquer les maladies infectieuses est l'un des principaux objectifs de l'épidémiologie mathématique [28]. L'application de contrôle optimal nous permet de prévoir ou de choisir de meilleur scénario qui, s'il est bien mise en œuvre, pourrait contribuer à atténuer la propagation de l'épidémie [39]. Certes les puces sont souvent associées aux rongeurs et le contrôle efficace de la population de rongeurs contribuera à réduire la présence de puces mais pour un contrôle plus rigoureux, on est appelé à exercer des mesures sur les rongeurs infectés. Ainsi pour étudier l'impacte potentiel de mesures d'intervention mise en œuvre, les variables de contrôles suivantes sont incorporées dans le système du modèle de départ désagrégé (2.1)

- $u_j, j = 1, 2$: représentent les mesures de contrôle sur la restriction de déplacement des rongeurs infectés, sur le traitement antiparasitaire, la désinfection des zones infestées, etc.
- $v_j, j = 1, 2$: représentent des mesures de contrôle pour la réduction des puces infectieuses par exemple l'utilisation des insecticides, etc.

$$\left\{ \begin{array}{l} \text{(R)} \\ \text{(P)} \end{array} \right. \left\{ \begin{array}{l} \frac{dS_1(t)}{dt} = ((1 - \varepsilon)r_1S_1 + \varepsilon r_2S_2) \left(1 - \frac{R}{K_R}\right) - S_1(1 - u_1) (1 - e^{-\alpha R}) \left(\beta_{11} \frac{L_1}{R} + \beta_{12} \frac{L_2}{R}\right) \\ -d_1S_1 + \gamma_1I_1, \\ \frac{dS_2(t)}{dt} = ((1 - \varepsilon)r_2S_2 + \varepsilon r_1S_1) \left(1 - \frac{R}{K_R}\right) - S_2(1 - u_2) (1 - e^{-\alpha R}) \left(\beta_{21} \frac{L_1}{R} + \beta_{22} \frac{L_2}{R}\right) \\ -d_2S_2 + \gamma_2I_2, \\ \frac{dI_j(t)}{dt} = S_j(1 - u_j) (1 - e^{-\alpha R}) \left(\beta_{j1} \frac{L_1}{R} + \beta_{j2} \frac{L_2}{R}\right) - (d_j + \delta_j)I_j - \gamma_jI_j, \quad j = 1, 2, \\ R = \sum_j (S_j + I_j). \\ \frac{dA_j(t)}{dt} = r_j^A A_j \left(1 - \frac{A_j}{K_A}\right) + \frac{L_j (1 - e^{-\alpha R})}{R}, \\ \frac{dL_j(t)}{dt} = (d_j + \delta_j)I_j A_j - L_j (1 - e^{-\alpha R}) - (1 + v_j)d_L L_j, \quad j = 1, 2, \end{array} \right. \quad (2.1)$$

Considérons maintenant la fonction quadratique suivante qui mesure le coût de contrôle. Ce coût comprend les interventions.

La fonction objective non linéaire est :

$$\begin{aligned} \mathbf{J}(u_1, u_2, v_1, v_2) = & \int_0^T [C_1 I_1(t) + C_2 I_2(t) + C_3 L_1(t) + C_4 L_2(t) + C_5 (A_1(t) + A_2(t)) \\ & + \frac{w_1}{2} u_1^2 + \frac{w_2}{2} u_2^2 + \frac{w_3}{2} v_1^2 + \frac{w_4}{2} v_2^2] dt \end{aligned} \quad (2.2)$$

où T est le temps final, C_i , $i = 1, \dots, 5$ sont des constantes de poids positives et w_i , $i = 1, \dots, 4$ sont des poids constantes pour les stratégies et traitement contre la peste. Ici, nous avons utilisé une fonction quadratique pour mesurer le coût du contrôle, de telles fonctions objectives sont nombreuses dans la littérature sur le contrôle des épidémies [22]. Ainsi, on s'attend à ce que le coût des actions de contrôle soit une fonction non linéaire des deux contrôles, d'où le choix des termes linéaires avec les coefficients C_i , $i = 1, 2, 3, 4, 5$ pour la partie des coûts des actions dépendant du nombre d'individus (comme I_1 , I_2 , L_1 , L_2 , A_1 et A_2 respectivement), et les termes quadratiques représentent la non-linéarité. Ainsi, la fonction de coût est non linéaire. Dans ce contexte, nous avons utilisé une fonction quadratique pour mesurer le coût de contrôle. Nous cherchons à trouver un contrôle optimal, u_1^* , u_2^* , v_1^* et v_2^* , tel que la fonction de contrôle optimale

$$\mathbf{J}(u_1^*, u_2^*, v_1^*, v_2^*) = \inf_U \{J(u_1, u_2, v_1, v_2)\},$$

où $U = \{u_j, v_j \in L^2(0, T) \mid a \leq u_j(t) \leq b, \quad c \leq v_j(t) \leq d, \quad j = 1, 2, \quad t \in [0, T]\}$ est l'ensemble de contrôle et $a, b, c, d \in [0, 1]$.

2.2.1 Existence d'un contrôle optimal

L'existence d'une solution du système (2.1) pour un intervalle de temps fini, compte tenu d'un contrôle dans l'ensemble de contrôle admissible U , peut être établie à l'aide des résultats de Lukes [27]. Par conséquent, le résultat suivant est valable.

Théorème 2.2.1 *Pour tout contrôle $(u_1, u_2, v_1, v_2) \in U$, il existe une solution bornée du système (2.1).*

Puisque les variables d'état et les contrôles sont uniformément bornés, l'existence d'un contrôle optimal découle de la borne des solutions et de leurs dérivées du système (2.1) pour un intervalle de temps fini [27]. La propriété de bornage et la convexité de la fonction objective fournissent une compacité suffisante pour l'existence d'un contrôle optimal [[14],[25]]. Ainsi, avec la fonction objective J sous réserve de l'ensemble de contrôle U , il existe un contrôle optimal $(u_1^*, u_2^*, v_1^*, v_2^*)$ tel que :

$$\mathbf{J}(u_1^*, u_2^*, v_1^*, v_2^*) = \min_{u_1, u_2, v_1, v_2 \in U} J(u_1, u_2, v_1, v_2).$$

2.2.2 Caractérisation des contrôles optimaux

Les conditions nécessaires qu'un contrôle optimal doit satisfaire proviennent du Principe du Maximum de Pontryagin [29]. Ce principe convertit (2.1) et (2.2) en un problème de minimisation ponctuelle d'un Hamiltonien H , par rapport à (u_1, u_2, v_1, v_2) . Tout d'abord, nous formulons l'hamiltonien à partir de la fonction de coût (2.2) et de la dynamique (2.1) pour obtenir les conditions d'optimalité.

$$\begin{aligned}
\mathbf{H} = & C_1 I_1(t) + C_2 I_2(t) + C_3 L_1(t) + C_4 L_2(t) + C_5 (A_1(t) + A_2(t)) + \frac{w_1}{2} u_1^2 + \frac{w_2}{2} u_2^2 + \frac{w_3}{2} v_1^2 + \frac{w_4}{2} v_2^2 \\
& + \xi_1 \left[((1 - \varepsilon) r_1 S_1 + \varepsilon r_2 S_2) \left(1 - \frac{R}{K_R} \right) - S_1 (1 - u_1) (1 - e^{-\alpha R}) \left(\beta_{11} \frac{L_1}{R} + \beta_{12} \frac{L_2}{R} \right) - d_1 S_1 + \gamma_1 I_1 \right] \\
& + \xi_2 \left[((1 - \varepsilon) r_2 S_2 + \varepsilon r_1 S_1) \left(1 - \frac{R}{K_R} \right) - S_2 (1 - u_2) (1 - e^{-\alpha R}) \left(\beta_{21} \frac{L_1}{R} + \beta_{22} \frac{L_2}{R} \right) - d_2 S_2 + \gamma_2 I_2 \right] \\
& + \xi_3 \left[S_1 (1 - u_1) (1 - e^{-\alpha R}) \left(\beta_{11} \frac{L_1}{R} + \beta_{12} \frac{L_2}{R} \right) - (d_1 + \delta_1) I_1 - \gamma_1 I_1 \right] \\
& + \xi_4 \left[S_2 (1 - u_2) (1 - e^{-\alpha R}) \left(\beta_{21} \frac{L_1}{R} + \beta_{22} \frac{L_2}{R} \right) - (d_2 + \delta_2) I_2 - \gamma_2 I_2 \right] \\
& + \xi_5 \left[r_1^A A_1 \left(1 - \frac{A_1}{K_A} \right) + \frac{L_1 (1 - e^{-\alpha R})}{R} \right] \\
& + \xi_6 \left[r_2^A A_2 \left(1 - \frac{A_2}{K_A} \right) + \frac{L_2 (1 - e^{-\alpha R})}{R} \right] \\
& + \xi_7 [(d_1 + \delta_1) I_1 A_1 - L_1 (1 - e^{-\alpha R}) - (1 + v_1) d_L L_1] \\
& + \xi_8 [(d_2 + \delta_2) I_2 A_2 - L_2 (1 - e^{-\alpha R}) - (1 + v_2) d_L L_2]
\end{aligned}$$

où les ξ_i , $i = 1, \dots, 8$ sont les adjoints associés aux états $S_1, S_2, I_1, I_2, A_1, A_2, L_1, L_2$. Le système d'équation est trouvé en prenant les dérivées partielles appropriées de l'hamiltonien par rapport à la variable d'état associée.

Théorème 2.2.2 *Étant donné le contrôle optimal $(u_1^*, u_2^*, v_1^*, v_2^*)$ et les solutions d'état correspondantes $S_1^*, S_2^*, I_1^*, I_2^*, A_1^*, A_2^*, L_1^*, L_2^*$, du système (2.1) qui minimise $J(u_1, u_2, v_1, v_2)$ sur U . Il existe ξ_i , $i = 1, \dots, 8$ satisfaisant le système*

adjoint

$$\begin{aligned}
\xi'_1 &= \left(\frac{(1-\varepsilon)r_1(K_R - S_1) - \varepsilon r_2 S_2 - (1-\varepsilon)r_1 R}{K_R} \right) \xi_1 + \left(\frac{\varepsilon r_1(K_R - S_1) - \varepsilon r_1 R - (1-\varepsilon)r_2 S_2}{K_R} \right) \xi_2 \\
&\quad - d_1 \xi_1 + (1-u_1) \left[\alpha e^{-\alpha R} \left(\frac{(\beta_{11}L_1 + \beta_{12}L_2)S_1}{R} \right) + (1-e^{\alpha R}) \left(\frac{(\beta_{11}L_1 + \beta_{12}L_2)(S_2 + I_1 + I_2)}{R^2} \right) \right] \\
&\quad \times (\xi_3 - \xi_1) \\
&\quad + (1-u_2) \left(\frac{(\beta_{21}L_1 + \beta_{22}L_2)S_2}{R} \right) ((\alpha+1)e^{-\alpha R} - 1) (\xi_4 - \xi_2) \\
&\quad + \frac{(\alpha R + 1)e^{-\alpha R} - 1}{R^2} (L_1 \xi_5 + L_2 \xi_6) - \alpha e^{-\alpha R} (L_1 \xi_7 + L_2 \xi_8). \\
\xi'_2 &= \left(\frac{\varepsilon r_2(K_R - S_2) - \varepsilon r_2 R - (1-\varepsilon)r_1 S_1}{K_R} \right) \xi_1 + \left(\frac{(1-\varepsilon)r_2(K_R - S_2) - \varepsilon r_1 S_1 - (1-\varepsilon)r_2 R}{K_R} \right) \xi_2 \\
&\quad - d_2 \xi_2 + (1-u_1) \left(\frac{(\beta_{11}L_1 + \beta_{12}L_2)S_1}{R} \right) ((\alpha+1)e^{-\alpha R} - 1) (\xi_3 - \xi_1) \\
&\quad + (1-u_2) \left[\alpha e^{-\alpha R} \left(\frac{(\beta_{21}L_1 + \beta_{22}L_2)S_2}{R} \right) + (1-e^{\alpha R}) \left(\frac{(\beta_{21}L_1 + \beta_{22}L_2)(S_1 + I_1 + I_2)}{R^2} \right) \right] (\xi_4 - \xi_2) \\
&\quad + \frac{(\alpha R + 1)e^{-\alpha R} - 1}{R^2} (L_1 \xi_5 + L_2 \xi_6) - \alpha e^{-\alpha R} (L_1 \xi_7 + L_2 \xi_8). \\
\xi'_3 &= C_1 - \frac{(1-\varepsilon)r_1 S_1 + \varepsilon r_2 S_2}{K_R} \xi_1 - \frac{(1-\varepsilon)r_2 S_2 + \varepsilon r_1 S_1}{K_R} \xi_2 + \gamma_1 \xi_1 - (d_1 + \delta_1 + \gamma_1) \xi_3 \\
&\quad + (1-u_1) \left(\frac{(\beta_{11}L_1 + \beta_{12}L_2)S_1}{R} \right) ((\alpha+1)e^{-\alpha R} - 1) (\xi_3 - \xi_1) \\
&\quad + (1-u_2) \left(\frac{(\beta_{21}L_1 + \beta_{22}L_2)S_2}{R} \right) ((\alpha+1)e^{-\alpha R} - 1) (\xi_4 - \xi_2) \\
&\quad + \frac{(\alpha R + 1)e^{-\alpha R} - 1}{R^2} (L_1 \xi_5 + L_2 \xi_6) - \alpha e^{-\alpha R} (L_1 \xi_7 + L_2 \xi_8) + (d_1 + \delta_1) N_1 \xi_7. \\
\xi'_4 &= C_2 - \frac{(1-\varepsilon)r_1 S_1 + \varepsilon r_2 S_2}{K_R} \xi_1 - \frac{(1-\varepsilon)r_2 S_2 + \varepsilon r_1 S_1}{K_R} \xi_2 + \gamma_2 \xi_2 - (d_2 + \delta_2 + \gamma_2) \xi_4
\end{aligned} \tag{2.3}$$

$$\begin{aligned}
& + (1 - u_1) \left(\frac{(\beta_{11}L_1 + \beta_{12}L_2)S_1}{R} \right) ((\alpha + 1)e^{-\alpha R} - 1) (\xi_3 - \xi_1) \\
& + (1 - u_2) \left(\frac{(\beta_{21}L_1 + \beta_{22}L_2)S_2}{R} \right) ((\alpha + 1)e^{-\alpha R} - 1) (\xi_4 - \xi_2) \\
& + \frac{(\alpha R + 1)e^{-\alpha R} - 1}{R^2} (L_1\xi_5 + L_2\xi_6) - \alpha e^{-\alpha R} (L_1\xi_7 + L_2\xi_8) + (d_2 + \delta_2)A_2\xi_8. \\
\\
\xi'_5 & = C_5 + r_1^A \left(1 - \frac{2A_1}{K_A} \right) \xi_5 + (d_1 + \delta_1)I_1\xi_7. \\
\\
\xi'_6 & = C_5 + r_2^A \left(1 - \frac{2A_2}{K_A} \right) \xi_6 + (d_2 + \delta_2)I_2\xi_8. \\
\\
\xi'_7 & = C_3 + (1 - u_1)(1 - e^{-\alpha R})\frac{\beta_{11}S_1}{R}(\xi_3 - \xi_1) + (1 - u_2)(1 - e^{-\alpha R})\frac{\beta_{21}S_2}{R}(\xi_4 - \xi_2) \\
& + \frac{1 - e^{-\alpha R}}{R}\xi_5 - (1 - e^{-\alpha R})\xi_7 - (1 + v_1)d_L\xi_7. \\
\\
\xi'_8 & = C_4 + (1 - u_1)(1 - e^{-\alpha R})\frac{\beta_{12}S_1}{R}(\xi_3 - \xi_1) + (1 - u_2)(1 - e^{-\alpha R})\frac{\beta_{22}S_2}{R}(\xi_4 - \xi_2) \\
& + \frac{1 - e^{-\alpha R}}{R}\xi_6 - (1 - e^{-\alpha R})\xi_8 - (1 + v_2)d_L\xi_8.
\end{aligned} \tag{2.4}$$

et avec comme condition de transversalité :

$$\xi_i(T) = 0, \quad i = 1, \dots, 8$$

De plus, nous avons les caractérisations du contrôle optimal

$$\begin{aligned}
u_1^* &= \frac{(1 - e^{-\alpha R})}{w_1} \left(\frac{(\beta_{11}L_1 + \beta_{12}L_2)S_1}{R} \right) (\xi_3 - \xi_1). \\
u_2^* &= \frac{(1 - e^{-\alpha R})}{w_2} \left(\frac{(\beta_{21}L_1 + \beta_{22}L_2)S_2}{R} \right) (\xi_4 - \xi_2). \\
v_1^* &= \frac{d_L}{w_3} L_1. \\
v_2^* &= \frac{d_L}{w_4} L_2.
\end{aligned} \tag{2.5}$$

Preuve 2.2.3 Étant donné l'existence de contrôle optimal, les équations différentielles gouvernant les variables adjointes sont obtenues par différenciation de la fonction Hamiltonienne, donnée par :

$$\begin{aligned}
\xi_1' &= -\frac{\partial \mathbf{H}}{\partial S_1}, & \xi_2' &= -\frac{\partial \mathbf{H}}{\partial S_2}, \\
\xi_3' &= -\frac{\partial \mathbf{H}}{\partial I_1}, & \xi_4' &= -\frac{\partial \mathbf{H}}{\partial I_2}, \\
\xi_5' &= -\frac{\partial \mathbf{H}}{\partial A_1}, & \xi_6' &= -\frac{\partial \mathbf{H}}{\partial A_2}, \\
\xi_7' &= -\frac{\partial \mathbf{H}}{\partial L_1}, & \xi_8' &= -\frac{\partial \mathbf{H}}{\partial L_2}.
\end{aligned}$$

En considérant les conditions d'optimalité, la fonction Hamiltonienne est différenciée par rapport aux variables de contrôle, ce qui donne :

$$\begin{aligned}
0 &= \frac{\partial \mathbf{H}}{\partial u_1} = w_1 u_1 - (1 - e^{-\alpha R}) \left(\frac{(\beta_{11}L_1 + \beta_{12}L_2)S_1}{R} \right) (\xi_3 - \xi_1). \\
0 &= \frac{\partial \mathbf{H}}{\partial u_2} = w_2 u_2 - (1 - e^{-\alpha R}) \left(\frac{(\beta_{21}L_1 + \beta_{22}L_2)S_2}{R} \right) (\xi_4 - \xi_2). \\
0 &= \frac{\partial \mathbf{H}}{\partial v_1} = w_3 v_1 - d_L L_1. \\
0 &= \frac{\partial \mathbf{H}}{\partial v_2} = w_4 v_2 - d_L L_2.
\end{aligned}$$

à l'intérieur de l'ensemble de contrôle U .

Alors la résolution des variable de contrôles dans U donne :

$$u_1^* = \frac{(1 - e^{-\alpha R})}{w_1} \left(\frac{(\beta_{11}L_1 + \beta_{12}L_2)S_1}{R} \right) (\xi_3 - \xi_1).$$

$$u_2^* = \frac{(1 - e^{-\alpha R})}{w_2} \left(\frac{(\beta_{21}L_1 + \beta_{22}L_2)S_2}{R} \right) (\xi_4 - \xi_2).$$

$$v_1^* = \frac{d_L}{w_3} L_1.$$

$$v_2^* = \frac{d_L}{w_4} L_2.$$

En utilisant les bornes sur les contrôles, nous obtenons la caractérisation suivante :

$$u_1^* = \min \left\{ b, \max \left[a, \frac{(1 - e^{-\alpha R})}{w_1} \left(\frac{(\beta_{11}L_1 + \beta_{12}L_2)S_1}{R} \right) (\xi_3 - \xi_1) \right] \right\}.$$

$$u_2^* = \min \left\{ b, \max \left[a, \frac{(1 - e^{-\alpha R})}{w_2} \left(\frac{(\beta_{21}L_1 + \beta_{22}L_2)S_2}{R} \right) (\xi_4 - \xi_2) \right] \right\}.$$

$$v_1^* = \min \left\{ d, \max \left[c, \frac{d_L}{w_3} L_1 \right] \right\}.$$

$$v_2^* = \min \left\{ d, \max \left[c, \frac{d_L}{w_4} L_2 \right] \right\}.$$

Pour étayer les résultats analytiques, des représentations graphiques sont illustrées dans la section suivante en utilisant les valeurs hypothétiques des paramètres du modèle du tableau 2.1 . Étant donné que pour $u_j(t) = 0$ et $v_j(t) = 0$, avec $j = 1, 2$, il n'y a pas de mesures de contrôle sur les rongeurs et les puces, nous fixons la borne inférieure des contrôles à 0 et la borne supérieure à 1, c'est-à-dire $a = c = 0, b = d = 1$. Ainsi, $0 \leq u_1(t), u_2(t), v_1(t), v_2(t) \leq 1$ [9].

2.3 Simulations numériques avec et sans contrôle optimal

Les solutions numériques au système d'optimalité comprenant les équations d'état (2.1) et les équations adjointes (2.4) sont effectuées en utilisant les valeurs des paramètres du tableau (1) et les facteurs de pondération suivant avec les conditions initiales :

Paramètres	Descriptions	Valeurs	Source
r_1 et r_2	Taux de natalité maximal des rongeurs des types S_1 et S_2	0 à 20 (<i>jour</i> ⁻¹)	15 dans [1], 5 in [23]
K_R	Capacité de charge de la population de rats	1000 (rats)	arbitrairement choisi
α	Efficacité de recherche des vecteurs	0.7	[23]
β_{11}	Paramètre de transmission de F_1 sur S_1	0 à 1 (<i>jour</i> ⁻¹)	4.7 [23], 7.7 [26] et 23.4(<i>jour</i> ⁻¹) dans [11]
β_{12}	Paramètre de transmission de F_2 sur S_1	0 à 1 (<i>jour</i> ⁻¹)	4.7 [23], 7.7 [26] et 23.4(<i>jour</i> ⁻¹) dans [11]
β_{21}	Paramètre de transmission de L_1 sur S_2	0 à 1 (<i>jour</i> ⁻¹)	4.7 [23], 7.7 [26] et 23.4(<i>jour</i> ⁻¹) dans [11]
β_{22}	Paramètre de transmission de L_2 sur S_2	0 à 1 (<i>jour</i> ⁻¹)	4.7 [23], 7.7 [26] et 23.4(<i>jour</i> ⁻¹) dans [11]
r_j^A	Taux de croissance des rats sur les rongeurs	0 à 1 (<i>jour</i> ⁻¹)	[3]
d_j	Taux de mortalité naturel constant des rats	0 à 1 (<i>jour</i> ⁻¹)	(J-M Duplantier, unpublished data)
d_L	Taux de mortalité des puces libres infectées L_j	0 à 1 (<i>jour</i> ⁻¹)	[12]
γ_j	Taux de guérison constant des rats infectés	0 à 1	[31][1]
δ_j	Taux de mortalité supplémentaire par septicémie des rats infectés	0 à 1 (<i>jour</i> ⁻¹)	[40]
K_A	Capacité de charge de la population des puces vivant sur les rats	50-500 (puce)	[32]

TABLE 2.1 – Description des paramètres , valeurs et references

$S_1^{(0)}$	$S_2^{(0)}$	$I_1^{(0)}$	$I_2^{(0)}$	$A_1^{(0)}$	$A_2^{(0)}$	$L_1^{(0)}$	$L_2^{(0)}$
500	0	50	70	10	20	60	80

TABLE 2.2 – Conditions initiales des espèces

$$C_1 = 0.725, C_2 = 0.115, C_3 = 0.125, C_4 = 0.315, C_5 = 0.125$$

Les solutions numériques ont été obtenues à l'aide du schéma avant-arrière, en commençant par une estimation initiale des commandes optimales u_1 , u_2 , v_1 et v_2 ; les variables d'état sont résolues en avant dans le temps à partir de la dynamique (2.1) à l'aide de la méthode de discrétisation par schéma numérique. Ensuite, ces variables d'état et les commandes de contrôles u_1 , u_2 , v_1 et v_2 sont utilisées pour résoudre les équations adjointes (2.4) à rebours dans le temps en utilisant à nouveau la méthode de discrétisation par schéma numérique. Les commandes u_1 et u_2 , v_1 et v_2 sont mises à jour et utilisées pour résoudre le système d'état puis le système adjoint. Ce processus itératif se termine lorsque les valeurs actuelles de l'état, de l'adjoint et les valeurs de contrôle tombent en dessous d'un seuil prédéfini.

Pour chaque représentation graphique, le terme "avec contrôle" fait référence à l'application des commandes $u_j(t)$, qui englobent la restriction des déplacements des rongeurs infectés, le traitement antiparasitaire, la désinfection des zones infectées, ainsi que $v_j(t)$ pour la réduction des puces infectieuses.

Les profils de contrôle $u_j(t)$ et $v_j(t)$ $j = 1, 2$ sont illustrés graphiquement dans les figures 2.1 et 2.2. Les mesures de contrôle débutent à leurs valeurs limites respectives, presque simultanément, bien que $u_j(t)$ commence légèrement plus tard à partir de la limite inférieure. Cependant, les mesures visant à réduire la force d'infection restent à la limite supérieure pendant un certain temps avant de diminuer progressivement jusqu'à atteindre la limite inférieure vers la fin de la période de mise en œuvre, soit environ 104 jours ou 3 mois.

En revanche d'après 2.2, l'application d'insecticides sur les puces demeure à sa limite supérieure pendant environ 20 jours avant de diminuer progressivement jusqu'à environ 2 mois (la moitié de sa période de mise en œuvre), puis reste maintenue à la limite inférieure jusqu'à la fin de la période de mise en œuvre.

Les figures 2.3 et 2.4 illustrent la dynamique des rongeurs susceptibles (S_1 et S_2) traités respectivement sans et avec les contrôles $u_1(t)$ et $u_2(t)$. L'application simultanée de ces deux interventions de contrôle suggère clairement qu'elles pourraient contribuer à maintenir la population des rongeurs susceptibles, prévenant ainsi leur

diminution voire leur disparition. De plus, l'application de ces contrôles vise à réduire le nombre de rongeurs infectés (I_1 et I_2), atténuant ainsi la propagation de la peste, comme le démontrent les figures 2.5 et 2.6.

Les figures 2.9 et 2.10 présentent la dynamique des puces libres infectieuses (L_1 et L_2) sans et avec les contrôles $v_1(t)$ et $v_2(t)$ visant à augmenter leur taux de mortalité. L'application simultanée de ces deux interventions de contrôle indique clairement qu'elles pourraient contribuer à prévenir l'évolution des puces libres infectieuses, limitant ainsi la propagation de la peste. De plus, l'application de ces contrôles vise à régulariser la dynamique des puces vivantes sur les rongeurs (A_1 et A_2) pour les maintenir à leur capacité limite, comme le montrent les figures 2.7 et 2.8.

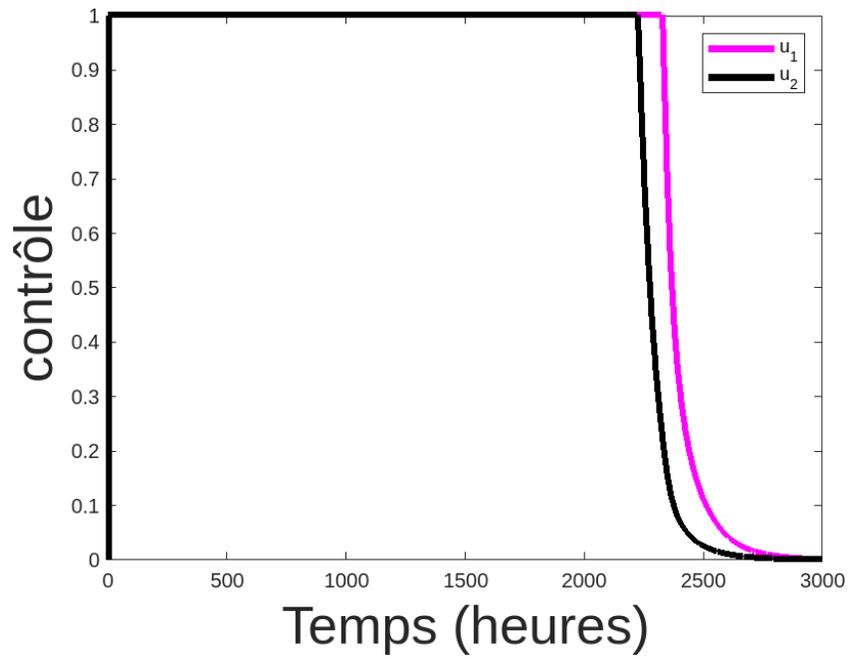


FIGURE 2.1 – Contrôles $u_1(t)$ et $u_2(t)$

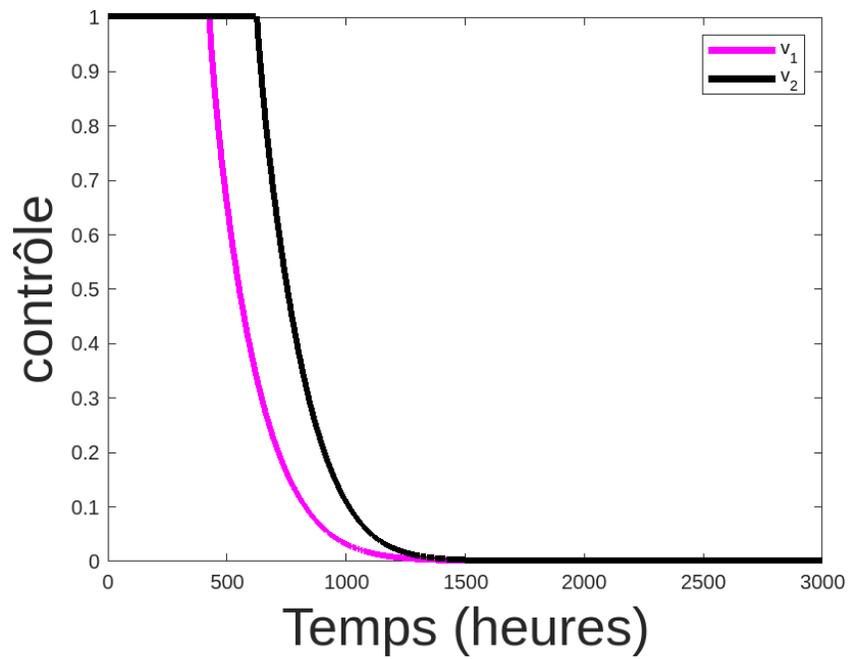


FIGURE 2.2 – Contrôles $v_1(t)$ et $v_2(t)$

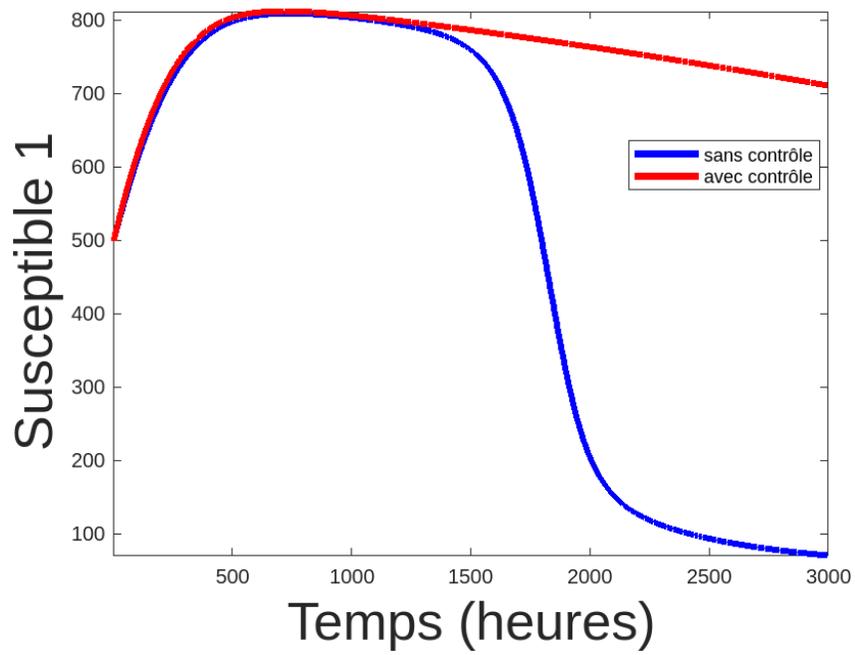


FIGURE 2.3 – Dynamique de S_1 avec et sans Contrôle

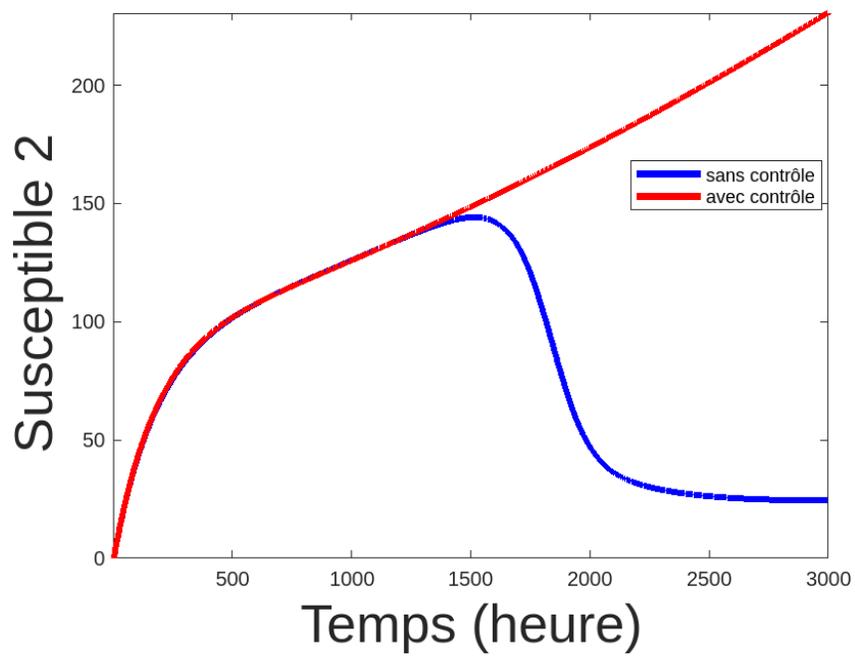


FIGURE 2.4 – Dynamique de S_2 avec et sans Contrôle

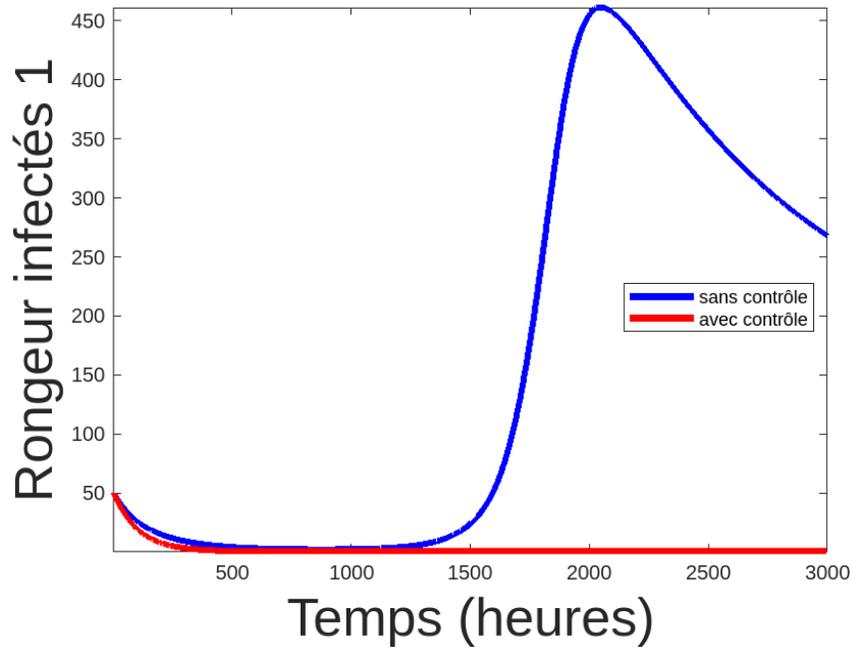


FIGURE 2.5 – Dynamique de I_1 avec et sans Contrôle

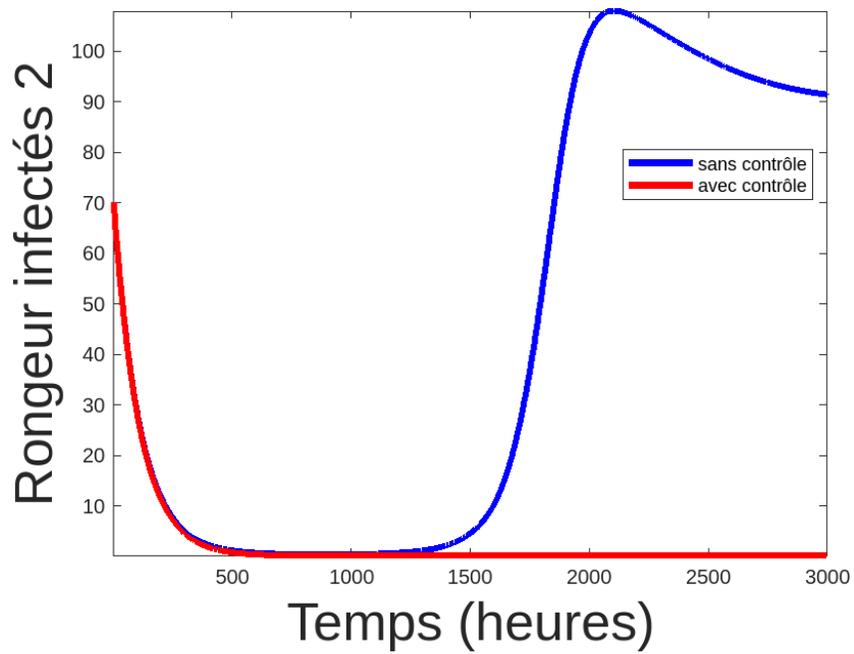


FIGURE 2.6 – Dynamique de I_2 avec et sans contrôle

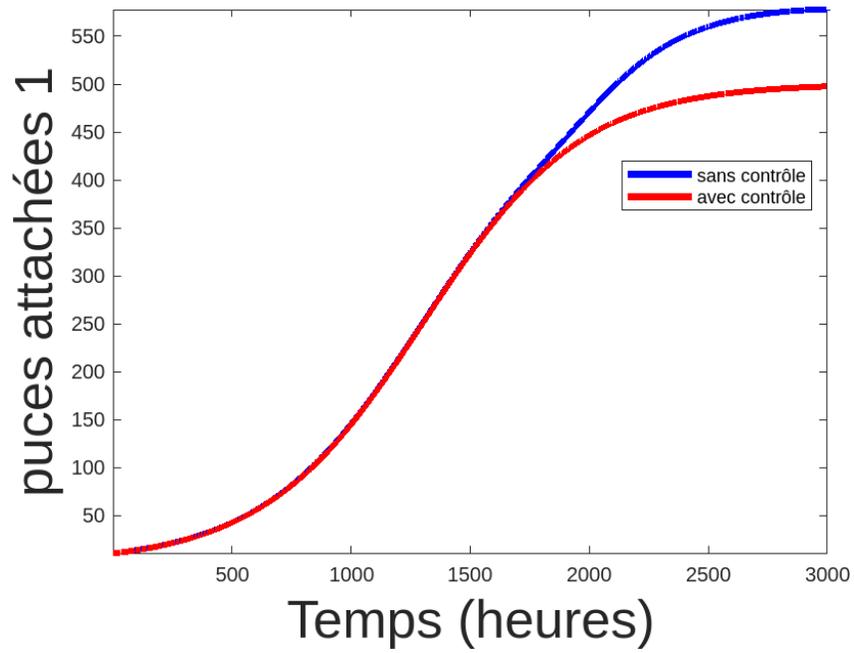


FIGURE 2.7 – Dynamique de A_1 avec et sans Contrôle

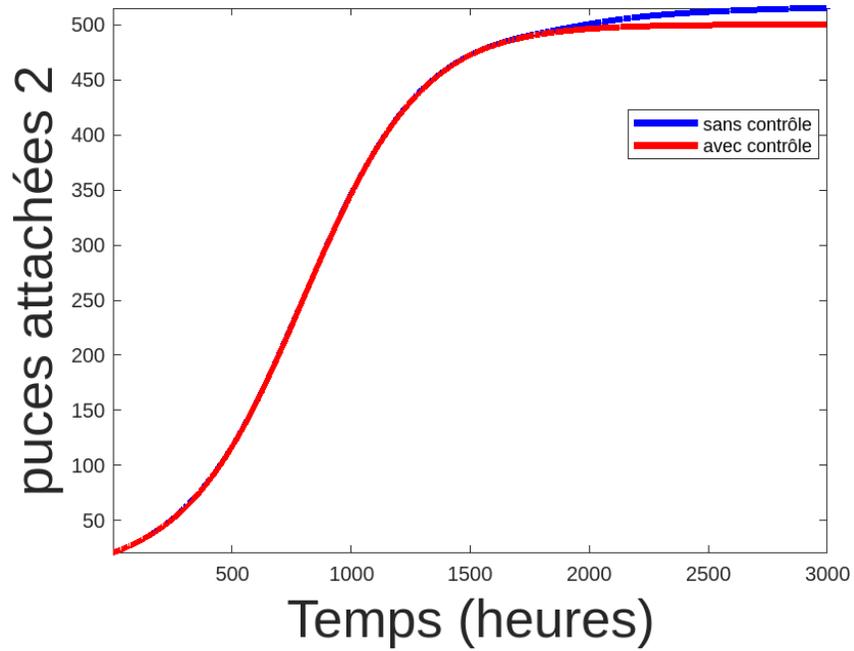


FIGURE 2.8 – Dynamique de A_2 avec et sans Contrôle

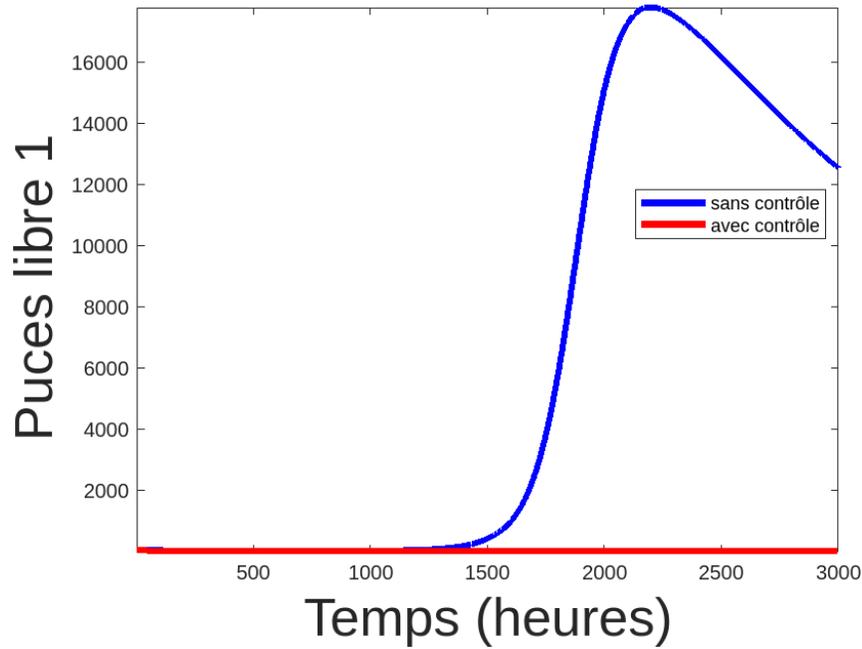


FIGURE 2.9 – Dynamique de L_1 avec et sans Contrôle

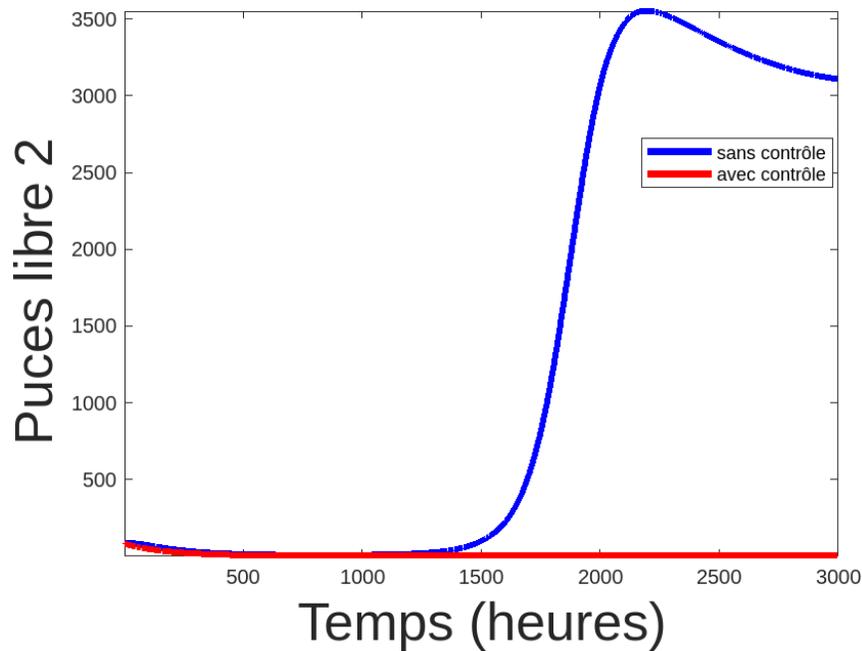


FIGURE 2.10 – Dynamique de L_2 avec et sans Contrôle

2.4 Conclusion

En conclusion, nos résultats indiquent que si la mise en œuvre de stratégies telles que la restriction de déplacement des rongeurs, la désinfection des zones, l'utilisation de produits insecticides, etc., débute simultanément après le début de l'épidémie, l'utilisation de produits insecticides atteindra son pic pendant une courte période. En revanche, les mesures prises sur les rongeurs, telles que la restriction et la désinfection des zones infectées, seront mises en œuvre sur une échelle temporelle plus étendue,

conformément aux attentes. Nous résumons les résultats de cette étude comme suit :

- (i) La mise en œuvre d'une campagne de pesticides peut avoir des avantages à court terme pour atténuer la propagation de la peste.
- (ii) L'isolement et le traitement antiparasitaire des rongeurs infectés devraient être mis en œuvre sur une période plus longue par rapport à l'utilisation d'insecticides.

Bien que l'utilisation de pesticides puisse avoir un impact significatif sur le comportement des individus, des études futures pourraient se concentrer davantage sur cette mesure pour stopper la propagation de la peste.

Simulation du modèle de migration des espèces entre trois zones et mise en place d'une application web

Dans ce chapitre, nous explorons la migration des rongeurs et des puces entre trois zones géographiques distinctes. L'objectif principal est d'analyser la dynamique des espèces et d'évaluer l'influence du taux de reproduction moyen \mathcal{R}_0 dans chaque zone, en tenant compte des effets de la migration. Pour faciliter l'interaction avec les utilisateurs, une application web a été développée.

3.1 Description du modèle

Pour passer à un modèle de migration, On introduit au niveau de notre modèle de départ des paramètres de migrations qui vont désormais illustrer la migration des rongeurs et des puces libres entre deux zones différentes. Ces paramètres sont décrits comme suit :

- $\phi_{12} = \text{diag}(\phi_{12}, \phi_{12})$: Paramètres de migration des rongeurs de la zone 1 vers la zone 2.
- $\phi_{21} = \text{diag}(\phi_{21}, \phi_{21})$: Paramètres de migration des rongeurs de la zone 2 vers la zone 1.
- $\phi_{31} = \text{diag}(\phi_{31}, \phi_{31})$: Paramètres de migration des rongeurs de la zone 3 vers la zone 1.
- $\phi_{13} = \text{diag}(\phi_{13}, \phi_{13})$: Paramètres de migration des rongeurs de la zone 1 vers la zone 3.
- $\phi_{23} = \text{diag}(\phi_{23}, \phi_{23})$: Paramètres de migration des rongeurs de la zone 2 vers la zone 3.
- $\phi_{32} = \text{diag}(\phi_{32}, \phi_{32})$: Paramètres de migration des rongeurs de la zone 3 vers la zone 2.
- $\theta_{12} = \text{diag}(\theta_{12}, \theta_{12})$: Paramètres de migration des puces libres de la zone 1 vers la zone 2.
- $\theta_{21} = \text{diag}(\theta_{12}, \theta_{12})$: Paramètres de migration des puces libres de la zone 2 vers la zone 1.

- $\boldsymbol{\theta}_{13} = \text{diag}(\theta_{13}, \theta_{13})$: Paramètres de migration des puces libres de la zone 1 vers la zone 3.
- $\boldsymbol{\theta}_{32} = \text{diag}(\theta_{32}, \theta_{32})$: Paramètres de migration des puces libres de la zone 3 vers la zone 2.
- $\boldsymbol{\theta}_{31} = \text{diag}(\theta_{31}, \theta_{31})$: Paramètres de migration des puces libres de la zone 3 vers la zone 1.
- $\boldsymbol{\theta}_{23} = \text{diag}(\theta_{23}, \theta_{23})$: Paramètres de migration des puces libres de la zone 2 vers la zone 3.

Le modèle de migration sous forme compacte

Zone 1

$$\left(\begin{array}{l} \text{(R)} \\ \text{(P)} \end{array} \right) \left\{ \begin{array}{l} \frac{d\mathbf{S}^{(1)}(t)}{dt} = \left(1 - \frac{N_R^{(1)}(t)}{K_R^{(1)}} \right) \mathbf{M}^{(1)} \mathbf{S}^{(1)}(t) - \frac{1 - e^{-\alpha^{(1)} N_R^{(1)}(t)}}{N_R^{(1)}(t)} \text{diag}(\beta^{(1)} \mathbf{L}^{(1)}(t)) \mathbf{S}^{(1)}(t) \\ \quad - \mathbf{d}^{(1)} \mathbf{S}^{(1)}(t) + \gamma^{(1)} \mathbf{I}^{(1)}(t) - \phi_{12} \mathbf{S}^{(1)} + \phi_{21} \mathbf{S}^{(2)} - \phi_{13} \mathbf{S}^{(1)} + \phi_{31} \mathbf{S}^{(3)} \\ \frac{d\mathbf{I}^{(1)}(t)}{dt} = \frac{1 - e^{-\alpha^{(1)} N_R^{(1)}(t)}}{N_R^{(1)}(t)} \text{diag}(\beta^{(1)} \mathbf{L}^{(1)}(t)) \mathbf{S}^{(1)}(t) - (\mathbf{d}^{(1)} + \delta^{(1)} + \gamma^{(1)}) \mathbf{I}^{(1)}(t) \\ \quad - \phi_{12} \mathbf{I}^{(1)} + \phi_{21} \mathbf{I}^{(2)} - \phi_{13} \mathbf{I}^{(1)} + \phi_{31} \mathbf{I}^{(3)} \\ N_R^{(1)}(t) = \sum_{k=1}^2 \langle \mathbf{S}^{(1)}(t) + \mathbf{I}^{(1)}(t), \mathbf{e}_k \rangle \\ \mathbf{S}^{(1)}(0) = \mathbf{S}_0^{(1)} \in \mathbb{R}_+^2, \quad \mathbf{I}^{(1)}(0) = \mathbf{I}_0^{(1)} \in \mathbb{R}_+^2. \\ \frac{d\mathbf{A}^{(1)}(t)}{dt} = \mathbf{r}^{A^{(1)}} \left(\mathbf{A}^{(1)}(t) - \frac{1}{K_A^{(1)}} \text{diag}(\mathbf{A}^{(1)}(t)) \mathbf{A}^{(1)}(t) \right) + \frac{1 - e^{-\alpha^{(1)} N_R^{(1)}(t)}}{N_R^{(1)}(t)} \mathbf{L}^{(1)}(t) \\ \frac{d\mathbf{L}^{(1)}(t)}{dt} = \text{diag}(\mathbf{I}^{(1)}(t)) (\mathbf{d}^{(1)} + \delta^{(1)}) \mathbf{A}^{(1)}(t) (1 - e^{-\alpha^{(1)} N_R^{(1)}(t)}) \mathbf{L}^{(1)}(t) - \mathbf{d}_L^{(1)} \mathbf{L}(t) \\ \quad - \boldsymbol{\theta}_{12} \mathbf{L}^{(1)} + \boldsymbol{\theta}_{21} \mathbf{L}^{(2)} - \boldsymbol{\theta}_{13} \mathbf{L}^{(1)} + \boldsymbol{\theta}_{31} \mathbf{L}^{(3)} \\ \mathbf{A}^{(1)}(0) = \mathbf{A}_0^{(1)} \in \mathbb{R}_+^2 \\ \mathbf{L}^{(1)}(0) = \mathbf{L}_0^{(1)} \in \mathbb{R}_+^2. \end{array} \right. \quad (3.1)$$

Zone 2

$$\left. \begin{array}{l}
 \text{(R)} \left\{ \begin{array}{l}
 \frac{d\mathbf{S}^{(2)}(t)}{dt} = \left(1 - \frac{N_R^{(2)}(t)}{K_R^{(2)}}\right) \mathbf{M}^{(2)}\mathbf{S}^{(2)}(t) - \frac{1 - e^{-\alpha^{(2)}N_R^{(2)}(t)}}{N_R^{(2)}(t)} \text{diag}(\boldsymbol{\beta}^{(2)}\mathbf{L}^{(2)}(t)) \mathbf{S}^{(2)}(t) \\
 - \mathbf{d}^{(2)}\mathbf{S}^{(2)}(t) + \gamma^{(2)}\mathbf{I}^{(2)}(t) + \phi_{12}\mathbf{S}^{(1)} - \phi_{21}\mathbf{S}^{(2)} + \phi_{32}\mathbf{S}^{(3)} - \phi_{23}\mathbf{S}^{(2)} \\
 \frac{d\mathbf{I}^{(2)}(t)}{dt} = \frac{1 - e^{-\alpha^{(2)}N_R^{(2)}(t)}}{N_R^{(2)}(t)} \text{diag}(\boldsymbol{\beta}^{(2)}\mathbf{L}^{(2)}(t)) \mathbf{S}^{(2)}(t) - (\mathbf{d}^{(2)} + \boldsymbol{\delta}^{(2)} + \gamma^{(2)})\mathbf{I}^{(2)}(t) \\
 + \phi_{12}\mathbf{I}^{(1)} - \phi_{21}\mathbf{I}^{(2)} + \phi_{32}\mathbf{I}^{(3)} - \phi_{23}\mathbf{I}^{(2)} \\
 N_R^{(1)}(t) = \sum_{k=1}^2 \langle \mathbf{S}^{(2)}(t) + \mathbf{I}^{(2)}(t), \mathbf{e}_k \rangle \\
 \mathbf{S}^{(2)}(0) = \mathbf{S}_0^{(2)} \in \mathbb{R}_+^2, \mathbf{I}^{(2)}(0) = \mathbf{I}_0^{(2)} \in \mathbb{R}_+^2.
 \end{array} \right. \\
 \\
 \text{(P)} \left\{ \begin{array}{l}
 \frac{d\mathbf{A}^{(2)}(t)}{dt} = \mathbf{r}^{A^{(2)}} \left(\mathbf{A}^{(2)}(t) - \frac{1}{K_A^{(2)}} \text{diag}(\mathbf{A}^{(2)}(t))\mathbf{A}^{(2)}(t) \right) + \frac{1 - e^{-\alpha^{(2)}N_R^{(2)}(t)}}{N_R^{(2)}(t)} \mathbf{L}^{(2)}(t) \\
 \frac{d\mathbf{L}^{(2)}(t)}{dt} = \text{diag}(\mathbf{I}^{(2)}(t))(\mathbf{d}^{(2)} + \boldsymbol{\delta}^{(2)})\mathbf{A}^{(2)}(t) - (1 - e^{-\alpha^{(2)}N_R^{(2)}(t)})\mathbf{L}^{(2)}(t) - \mathbf{d}_L^{(2)}\mathbf{L}^{(2)}(t) \\
 + \boldsymbol{\theta}_{12}\mathbf{L}^{(1)} - \boldsymbol{\theta}_{21}\mathbf{L}^{(2)} + \boldsymbol{\theta}_{32}\mathbf{L}^{(3)} - \boldsymbol{\theta}_{23}\mathbf{L}^{(2)} \\
 \mathbf{A}^{(2)}(0) = \mathbf{A}_0^{(2)} \in \mathbb{R}_+^2 \\
 \mathbf{L}^{(2)}(0) = \mathbf{L}_0^{(2)} \in \mathbb{R}_+^2.
 \end{array} \right.
 \end{array} \right. \quad (3.2)$$

Zone 3

$$\left. \begin{array}{l}
 \text{(R)} \left\{ \begin{array}{l}
 \frac{d\mathbf{S}^{(3)}(t)}{dt} = \left(1 - \frac{N_R^{(3)}(t)}{K_R^{(3)}}\right) \mathbf{M}^{(3)} \mathbf{S}^{(3)}(t) - \frac{1 - e^{-\alpha^{(3)} N_R^{(3)}(t)}}{N_R^{(3)}(t)} \text{diag}(\boldsymbol{\beta}^{(3)} \mathbf{L}^{(3)}(t)) \mathbf{S}^{(3)}(t) \\
 - \mathbf{d}^{(3)} \mathbf{S}^{(3)}(t) + \boldsymbol{\gamma}^{(3)} \mathbf{I}^{(3)}(t) + \phi_{13} \mathbf{S}^{(1)} - \phi_{31} \mathbf{S}^{(3)} + \phi_{23} \mathbf{S}^{(2)} - \phi_{32} \mathbf{S}^{(3)} \\
 \\
 \frac{d\mathbf{I}^{(3)}(t)}{dt} = \frac{1 - e^{-\alpha^{(3)} N_R^{(3)}(t)}}{N_R^{(3)}(t)} \text{diag}(\boldsymbol{\beta}^{(3)} \mathbf{L}^{(3)}(t)) \mathbf{S}^{(3)}(t) - (\mathbf{d}^{(3)} + \boldsymbol{\delta}^{(3)} + \boldsymbol{\gamma}^{(3)}) \mathbf{I}^{(3)}(t) \\
 + \phi_{13} \mathbf{I}^{(1)} - \phi_{31} \mathbf{I}^{(3)} - \phi_{32} \mathbf{I}^{(1)} + \phi_{23} \mathbf{I}^{(2)} \\
 \\
 N_R^{(3)}(t) = \sum_{k=1}^2 \langle \mathbf{S}^{(3)}(t) + \mathbf{I}^{(3)}(t), \mathbf{e}_k \rangle \\
 \\
 \mathbf{S}^{(3)}(0) = \mathbf{S}_0^{(3)} \in \mathbb{R}_+^2, \mathbf{I}^{(3)}(0) = \mathbf{I}_0^{(3)} \in \mathbb{R}_+^2.
 \end{array} \right. \\
 \\
 \text{(P)} \left\{ \begin{array}{l}
 \frac{d\mathbf{A}^{(2)}(t)}{dt} = \mathbf{r}^{A^{(2)}} \left(\mathbf{A}^{(2)}(t) - \frac{1}{K_A^{(3)}} \text{diag}(\mathbf{A}^{(3)}(t)) \mathbf{A}^{(3)}(t) \right) + \frac{1 - e^{-\alpha^{(3)} N_R^{(2)}(t)}}{N_R^{(3)}(t)} \mathbf{L}^{(3)}(t) \\
 \\
 \frac{d\mathbf{L}^{(3)}(t)}{dt} = \text{diag}(\mathbf{I}^{(3)}(t)) (\mathbf{d}^{(3)} + \boldsymbol{\delta}^{(3)}) \mathbf{A}^{(3)}(t) - (1 - e^{-\alpha^{(3)} N_R^{(3)}(t)}) \mathbf{L}^{(3)}(t) - \mathbf{d}_L^{(3)} \mathbf{L}(t) \\
 + \boldsymbol{\theta}_{13} \mathbf{L}^{(1)} - \boldsymbol{\theta}_{31} \mathbf{L}^{(3)} + \boldsymbol{\theta}_{23} \mathbf{L}^{(2)} - \boldsymbol{\theta}_{32} \mathbf{L}^{(3)} \\
 \\
 \mathbf{A}^{(3)}(0) = \mathbf{A}_0^{(3)} \in \mathbb{R}_+^2 \\
 \mathbf{L}^{(3)}(0) = \mathbf{L}_0^{(3)} \in \mathbb{R}_+^2.
 \end{array} \right.
 \end{array} \right. \tag{3.3}$$

Les paramètres du modèle et leurs significations

$k = 1$ pour la zone 1, $k = 2$ pour la zone 2, $k = 3$ pour la zone 3 :

Paramètres	Descriptions	Valeurs	Source
$r_1^{(k)}$ et $r_2^{(k)}$	Taux de natalité maximal des rongeurs de types S_1 et S_2	0 à 1 (jours ⁻¹)	15 dans [1], 5 dans [23]
$K_R^{(k)}$	Capacité de charge de la population de rats	1000 (rats)	arbitrairement choisi
$\alpha^{(k)}$	Efficacité de recherche des vecteurs	0 à 1	[23]
$\beta_{11}^{(k)}$	Paramètre de transmission de F_1 sur S_1	0 à 1 (jours ⁻¹)	4.7 [23], 7.7 [26], et 23.4 (années ⁻¹) dans [11]
$\beta_{12}^{(k)}$	Paramètre de transmission de F_2 sur S_1	0 à 1 (jours ⁻¹)	4.7 [23], 7.7 [26], et 23.4 (jours ⁻¹) dans [11]
$\beta_{21}^{(k)}$	Paramètre de transmission de L_1 sur S_2	0 à 1 (jours ⁻¹)	4.7 [23], 7.7 [26], et 23.4 (jours ⁻¹) dans [11]
$\beta_{22}^{(k)}$	Paramètre de transmission de L_2 sur S_2	0 à 1 (jours ⁻¹)	4.7 [23], 7.7 [26], et 23.4 (jours ⁻¹) dans [11]
$r_j^{A(k)}$	Taux de croissance des rats sur les rongeurs	0 à 1 (jours ⁻¹)	[3]
$d_j^{(k)}$	Taux de mortalité naturelle constant des rats	0 à 1 (jour ⁻¹)	(J-M Duplantier, données non publiées)
$d_L^{(k)}$	Taux de mortalité des puces libres infectées L_j	0 à 1 (jour ⁻¹)	[12]
$\gamma_j^{(k)}$	Taux de guérison constant des rats infectés	0 à 1 (jour ⁻¹)	[31][1]
$\delta_j^{(k)}$	Taux de mortalité supplémentaire par septicémie des rats infectés	0 à 1 (jour ⁻¹)	[40]
$K_A^{(k)}$	Capacité de charge de la population des puces vivant sur les rats	50 (puces)	[32]
ϕ_{12}	Paramètres de migration des rongeurs de la zone 1 vers la zone 2	0 à 1 (jour ⁻¹)	[32]
ϕ_{21}	Paramètres de migration des rongeurs de la zone 2 vers la zone 1	0 à 1 (jour ⁻¹)	[32]
ϕ_{3k}	Paramètres de migration des rongeurs de la zone 3 vers la zone k	0 à 1 (jour ⁻¹)	[32]
θ_{12}	Paramètres de migration des puces libres de la zone 1 vers la zone 2	0 à 1 (jour ⁻¹)	[32]
θ_{21}	Paramètres de migration des puces libres de la zone 2 vers la zone 1	0 à 1 (jour ⁻¹)	[32]
θ_{3k}	Paramètres de migration des puces libres de la zone 3 vers la zone k	0 à 1 (jour ⁻¹)	[32]

TABLE 3.1 – Description des paramètres , valeurs et références

3.2 Implémentation du modèle

Explication des bibliothèques utilisées dans le code :

— NumPy (Numerical Python) :

NumPy est une bibliothèque fondamentale en Python pour le calcul numérique. Elle fournit des structures de données, telles que des tableaux (array), qui sont optimisées pour les calculs numériques.

— SciPy (Scientific Python) :

SciPy est construit sur NumPy et offre des fonctionnalités supplémentaires pour les tâches scientifiques et techniques. Il propose des modules pour l'optimisation, l'algèbre linéaire, l'intégration numérique, l'algèbre symbolique, les statistiques et bien d'autres domaines. Le module odeint que vous avez utilisé dans votre code appartient à SciPy et est couramment utilisé pour résoudre des équations différentielles ordinaires (EDO) et des systèmes d'EDO.

— Matplotlib :

Matplotlib est une bibliothèque de visualisation en Python. Elle permet de créer des graphiques et des tracés de données de manière personnalisée et flexible. Matplotlib prend en charge la création de graphiques 2D et 3D, de diagrammes à barres, de diagrammes à secteurs, de nuages de points, etc. C'est un outil puissant pour la représentation visuelle de données et est souvent utilisé en science des données, en recherche scientifique et en ingénierie.

— Pandas :

Pandas est une bibliothèque spécialement conçue pour la manipulation et l'analyse de données. Elle propose des structures de données de haut niveau, notamment les DataFrame et les Series, qui simplifient la gestion et l'analyse de données tabulaires et de séries temporelles.

3.3 Invasion et extinction pour les trois zones

Pour chaque cas , on choisit les même conditions initiales :

Conditions initiales :

$S_1^{(1)}$	$S_2^{(1)}$	$I_1^{(1)}$	$I_2^{(1)}$	$A_1^{(1)}$	$A_2^{(1)}$	$L_1^{(1)}$	$L_2^{(1)}$
500	0	50	70	10	20	60	80

TABLE 3.2 – nombres initiaux des espèces dans zone 1

$S_1^{(2)}$	$S_2^{(2)}$	$I_1^{(2)}$	$I_2^{(2)}$	$A_1^{(2)}$	$A_2^{(2)}$	$L_1^{(2)}$	$L_2^{(2)}$
0	500	0	0	0	0	0	0

TABLE 3.3 – nombres initiaux des espèces dans zone 2

$S_1^{(3)}$	$S_2^{(3)}$	$I_1^{(3)}$	$I_2^{(3)}$	$A_1^{(3)}$	$A_2^{(3)}$	$L_1^{(3)}$	$L_2^{(3)}$
300	0	0	0	0	0	0	0

TABLE 3.4 – nombres initiaux des espèces dans zone 3

Dans le premier scénario, dans la zone 1, la maladie semble disparaître et reste stable pendant environ 60 jours. Cependant, après cette période, on observe une migration de puces libres infectieuses provenant d'autres zones vers la zone 1. Cette migration entraîne une résurgence de l'infection des rongeurs dans la zone 1. Dans les autres zones, où l'on pensait initialement qu'il n'y avait ni puces libres infectieuses ni rongeurs infectés, la migration des puces libres, combinée aux conditions environnementales, provoque une propagation rapide de la peste en raison de la présence soudaine de puces libres infectieuses.

En effet, une dynamique similaire est observée pour chaque scénario, indiquant que l'étude de la dynamique des rongeurs et des puces avec le paramètre de reproduction de base (R_0) est très complexe. Sous l'effet de la migration, la valeur de R_0 est souvent perturbée, ce qui conduit fréquemment à une situation d'équilibre endémique. Ces observations soulignent la nécessité de comprendre et de contrôler les mouvements de populations, tels que la migration des vecteurs, pour élaborer des stratégies efficaces de gestion et de prévention des maladies.

- Cas où $\mathcal{R}_0^{(1)} < 1$, $\mathcal{R}_0^{(2)} < 1$ et $\mathcal{R}_0^{(3)} < 1$

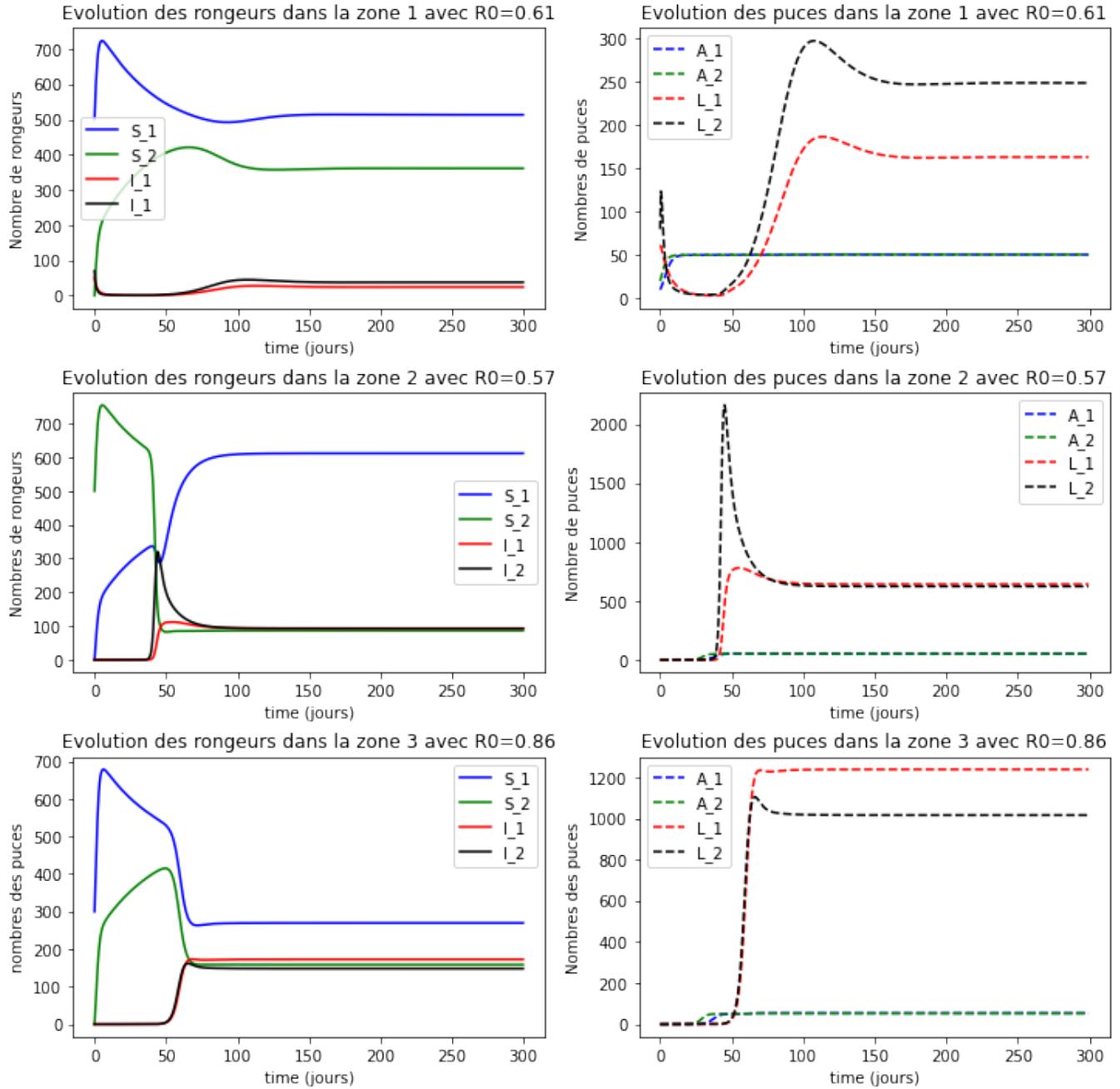


FIGURE 3.1 – Dynamique de migration des espèces : Cas où $\mathcal{R}_0^{(1)} < 1$, $\mathcal{R}_0^{(2)} < 1$ et $\mathcal{R}_0^{(3)} < 1$

- Cas où $\mathcal{R}_0^{(1)} < 1$, $\mathcal{R}_0^{(2)} > 1$ et $\mathcal{R}_0^{(3)} < 1$

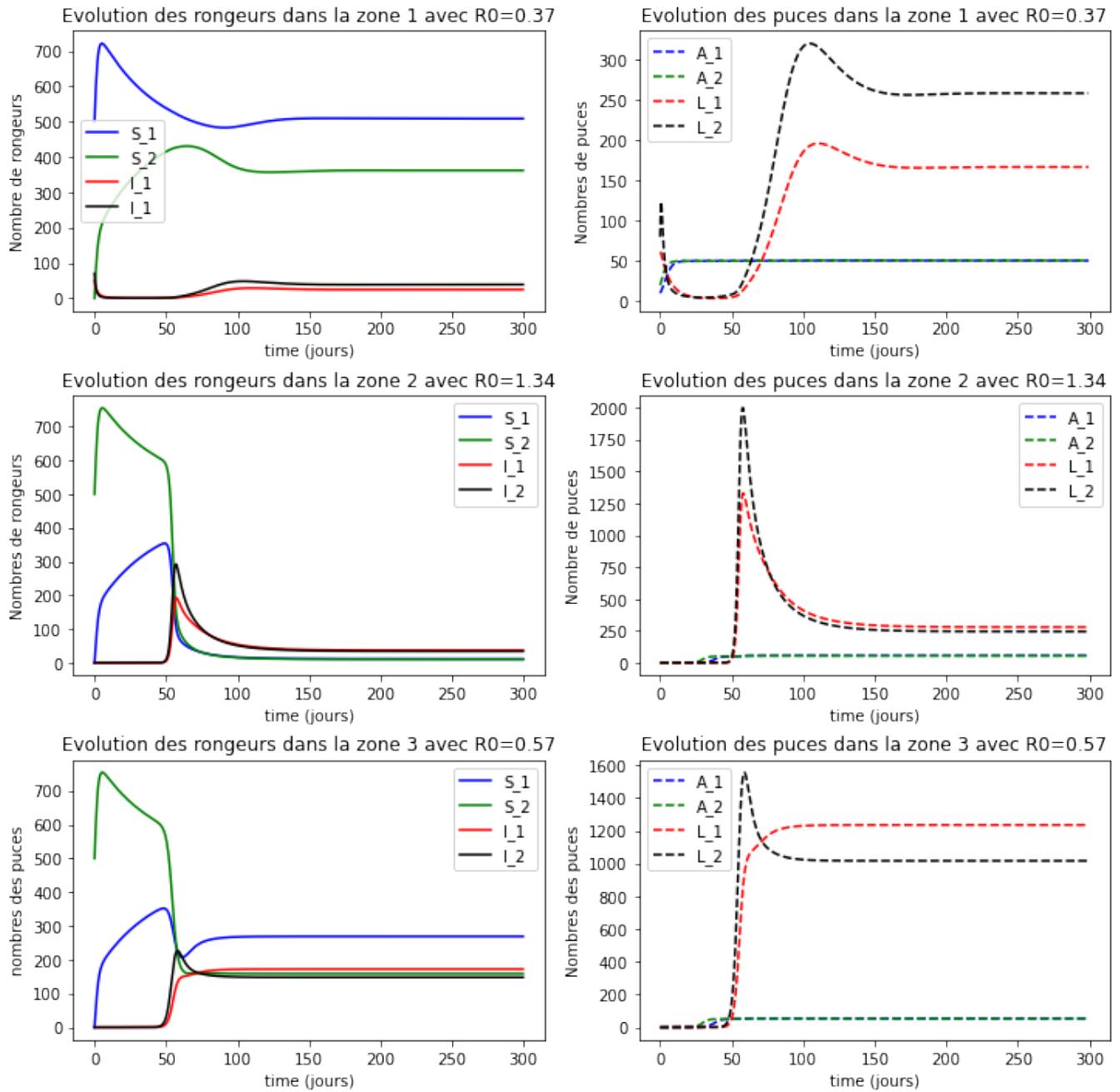


FIGURE 3.2 – Dynamique de migration des espèces : Cas où $\mathcal{R}_0^{(1)} < 1$, $\mathcal{R}_0^{(2)} > 1$ et $\mathcal{R}_0^{(3)} < 1$

- Cas où $\mathcal{R}_0^{(1)} < 1$, $\mathcal{R}_0^{(2)} < 1$ et $\mathcal{R}_0^{(3)} > 1$

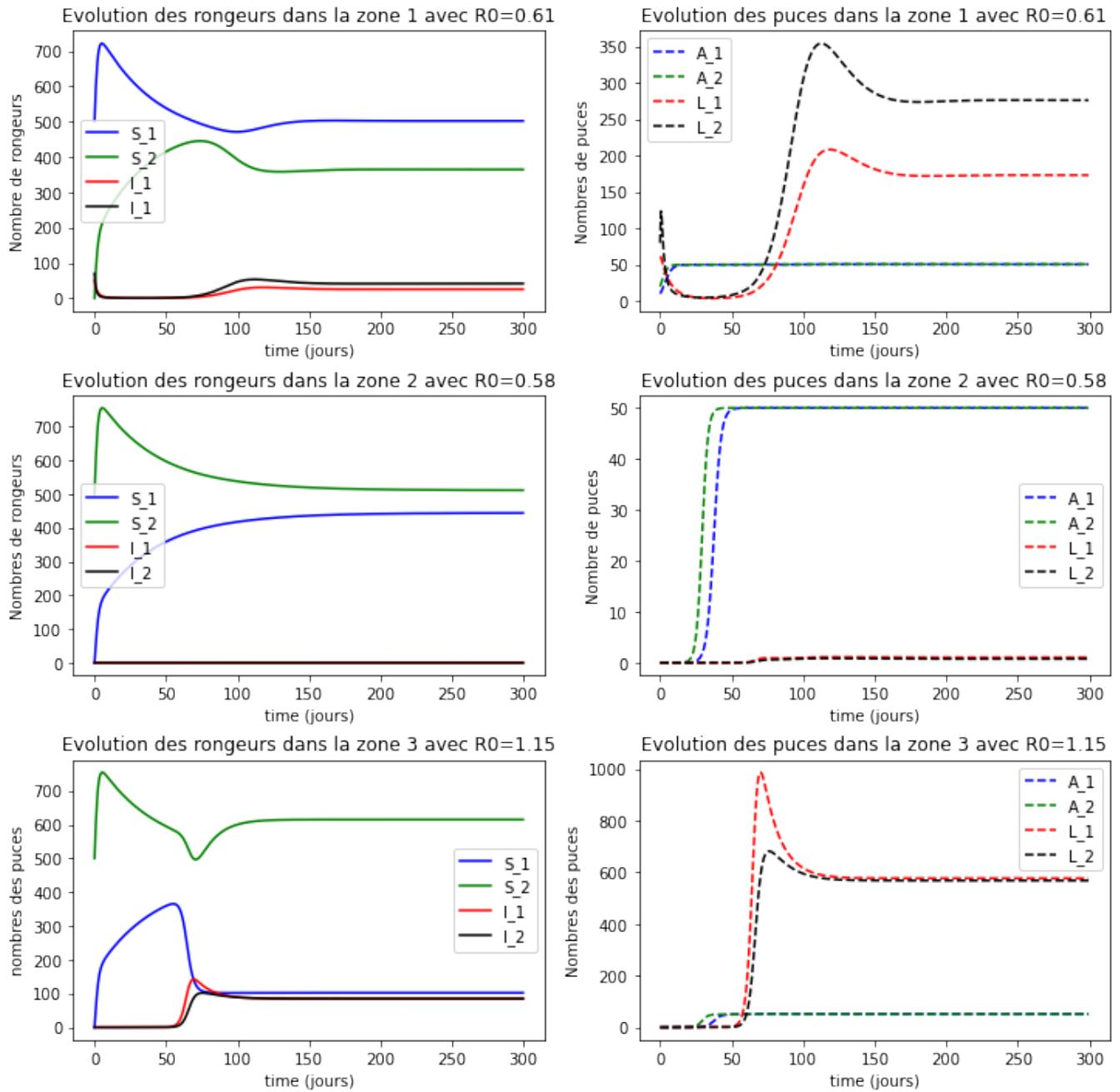


FIGURE 3.3 – Dynamique de migration des espèces : Cas où $\mathcal{R}_0^{(1)} < 1$, $\mathcal{R}_0^{(2)} < 1$ et $\mathcal{R}_0^{(3)} > 1$

- Cas où $\mathcal{R}_0^{(1)} < 1$, $\mathcal{R}_0^{(2)} > 1$ et $\mathcal{R}_0^{(3)} > 1$

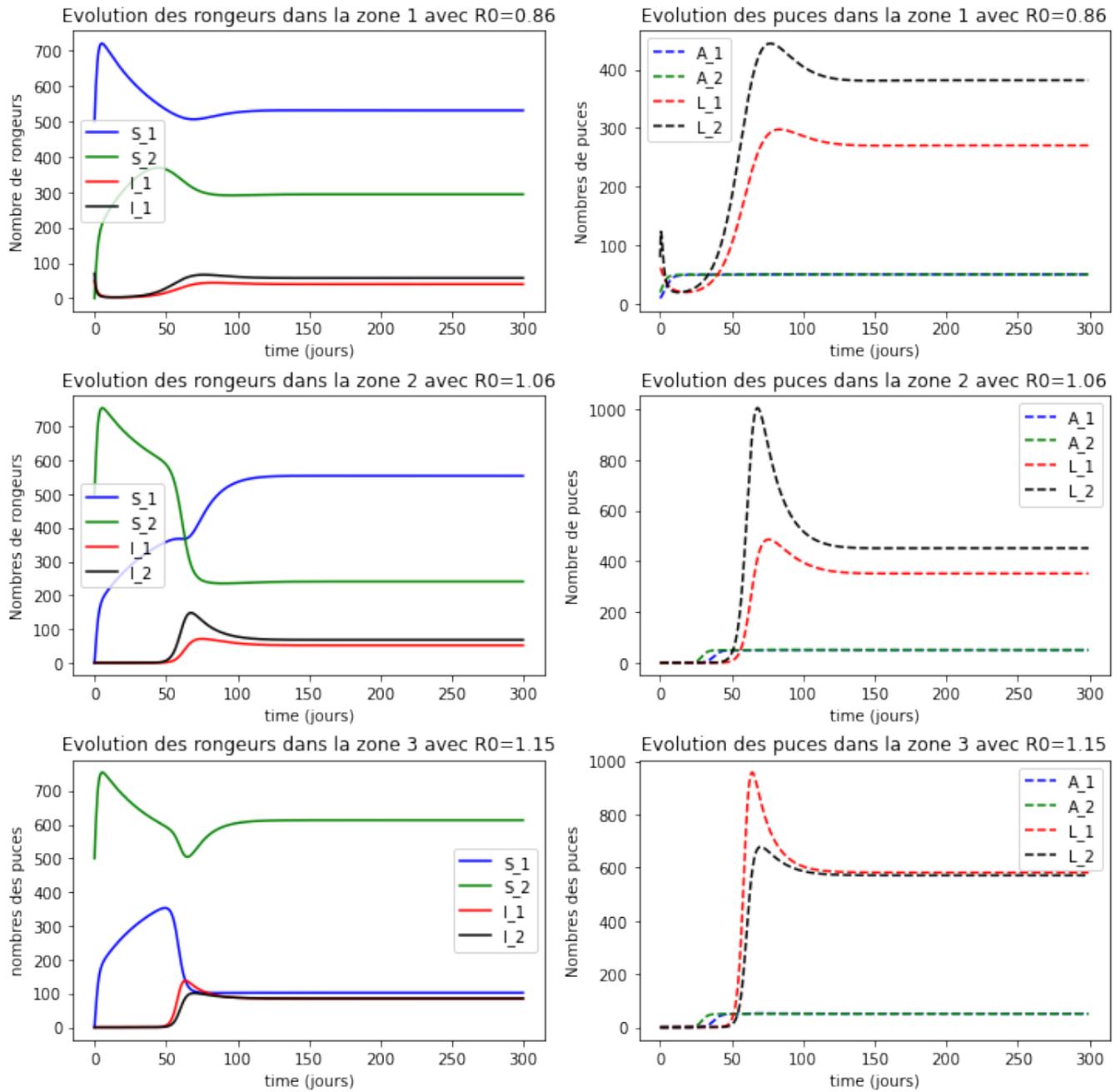


FIGURE 3.4 – Dynamique de migration des espèces : Cas où $\mathcal{R}_0^{(1)} < 1$, $\mathcal{R}_0^{(2)} > 1$ et $\mathcal{R}_0^{(3)} > 1$

- Cas où $\mathcal{R}_0^{(1)} > 1$, $\mathcal{R}_0^{(2)} > 1$ et $\mathcal{R}_0^{(3)} < 1$

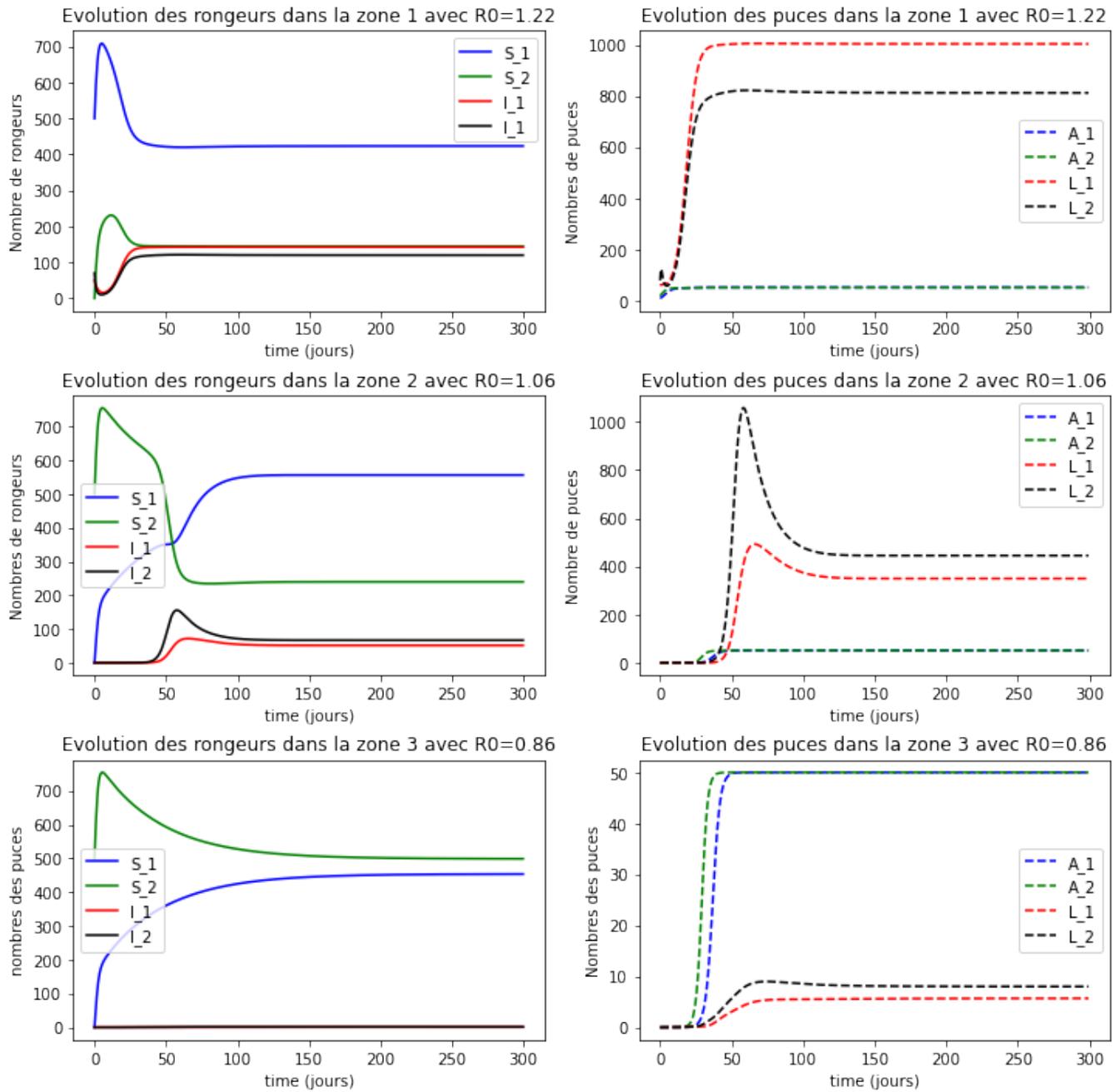


FIGURE 3.5 – Dynamique de migration des espèces : Cas où $\mathcal{R}_0^{(1)} > 1$, $\mathcal{R}_0^{(2)} > 1$ et $\mathcal{R}_0^{(3)} < 1$

- Cas où $\mathcal{R}_0^{(1)} > 1$, $\mathcal{R}_0^{(2)} < 1$ et $\mathcal{R}_0^{(3)} > 1$

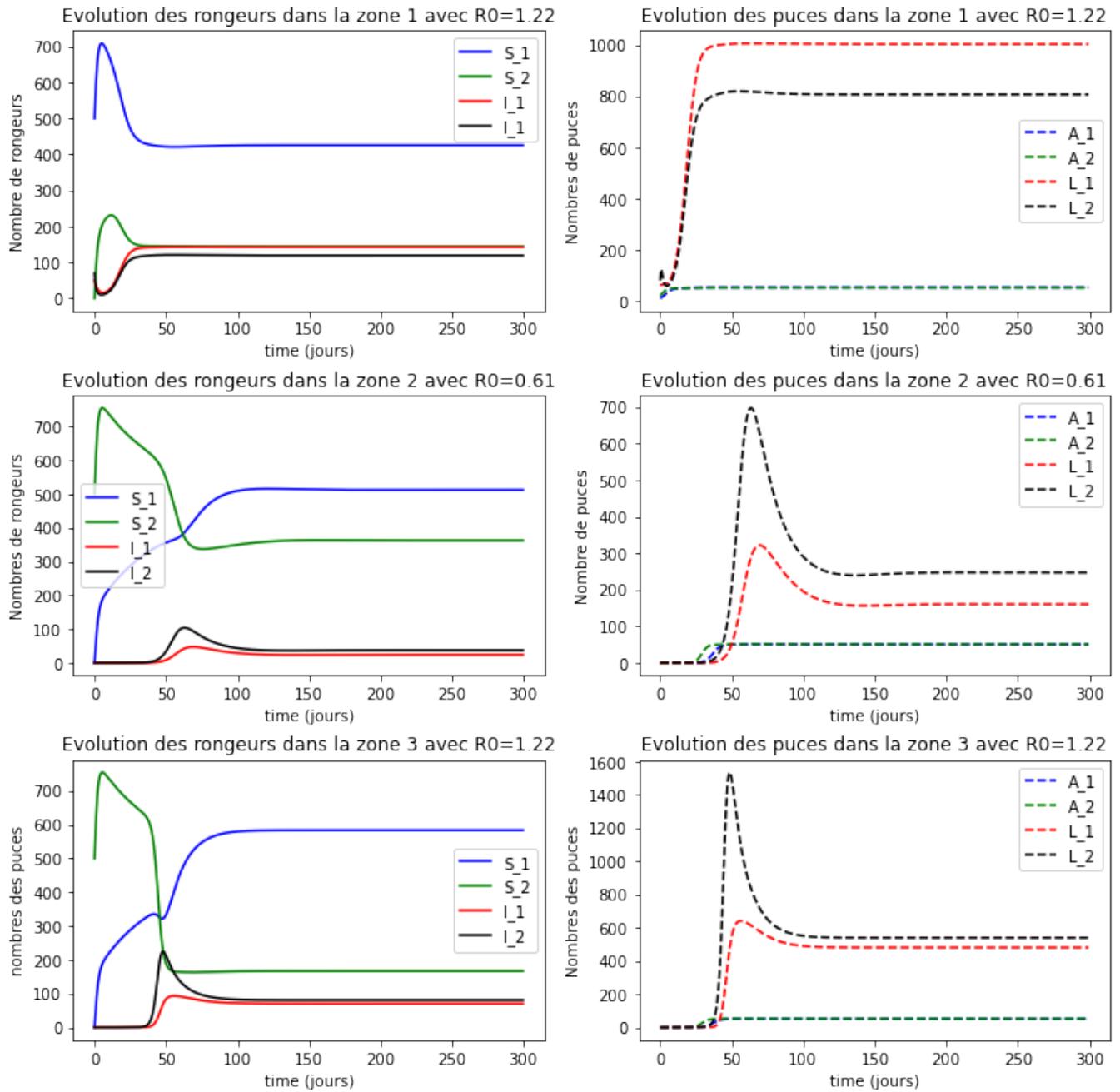


FIGURE 3.6 – Dynamique de migration des espèces : Cas où $\mathcal{R}_0^{(1)} > 1$, $\mathcal{R}_0^{(2)} < 1$ et $\mathcal{R}_0^{(3)} > 1$

3.4 Mise en place d'une application interactive avec streamlit

Streamlit est un framework Python populaire pour la création rapide d'applications web interactives. Streamlit est conçu pour simplifier le processus de développement en permettant aux développeurs de créer des applications web avec Python en quelques lignes de code [30].

L'objectif de cette simulation est de modéliser la transmission de la peste entre rongeurs et puces dans trois zones géographiques distinctes. Nous avons utilisé notre modèle mathématique pour représenter la dynamique des population et propagation des rongeurs infectés dans les différentes zones [26].

Pour la construction de notre application web, on va se concentrer sur 3 étapes

1. Traitement du modèle
2. Utilisation des API de streamlit
3. Déploiement de l'application web

3.4.1 Traitement du modèle

On considère toujours notre modèle de transmission de la peste entre rongeurs et puces élaboré au niveau de la section précédente (3.1),(3.2), (3.3). Pour traduire notre modèle mathématique en un processus informatique, on définit une fonction en python pour notre système équation différentielle ordinaire. Cette fonction prendra en argument tous les paramètres du modèle.

```
def equ_diff(y, t, epsilon, r1, r2, KR, alpha, beta1, beta2, ...
```

Pour résoudre les équations différentielles ordinaires (EDOs) décrivant la transmission de la peste entre rongeurs et puces, nous avons utilisé la fonction "odeint" de la bibliothèque Python SciPy. Cette fonction est spécialement conçue pour résoudre des EDOs en utilisant des méthodes numériques efficaces (Ici on utilise la methode par default : Runge kutta d'ordre 4 appelé rk4).

```
odeint(equ_diff, Initial, t, args = (epsilon, r1, r2, KR, alpha, ...
```

Après la simulation de notre modèle, nos données à chaque pas de simulation sont stockées dans un dataframe à l'aide de la bibliothèque Pandas. Ces données seront utilisées par la suite pour l'affichage des graphiques à l'aide la bibliothèque "plotly" et l'affichage des zones d'infection à l'aide de la bibliothèque "geopanda".

```
dataframe1 = pd.DataFrame('Temps' : t, 'S1' : u[ :, 0], 'S2' : u[ :, 1],.
```

```
dataframe2 = pd.DataFrame('Temps' : t, 'S1' : u[ :, 8], 'S2' : u[ :,9],.
```

	Temps	S1	S2	I1	I2	A1	A2	L1	L2
0	0	500	0	50	70	10	20	60	80
1	1	566.1156	86.6918	23.6508	26.8597	12.6902	25.0462	32.8059	60.7243
2	2	601.58	144.7786	11.816	11.4128	15.7701	30.0396	19.5905	33.2923
3	3	614.2218	185.5524	6.0544	5.3115	19.1924	34.6214	12.0801	17.7105
4	4	612.9546	215.6025	3.1762	2.6723	22.8518	38.5426	7.5184	9.6645
5	5	604.441	239.1638	1.7103	1.4375	26.6014	41.6999	4.6995	5.4708
6	6	592.6561	258.7559	0.9467	0.8184	30.2776	44.1184	2.9507	3.2125
7	7	579.7139	275.7879	0.5386	0.4883	33.7281	45.9009	1.8627	1.9505
8	8	566.6673	291.0311	0.3145	0.3026	36.8367	47.1775	1.1829	1.2194
9	9	554.0135	304.9141	0.1881	0.1932	39.5353	48.0731	0.756	0.7814

Taille (200, 9)

FIGURE 3.7 – nombres d'espèces à chaque pas de temps pour la zone 1

	Temps	S1	S2	I1	I2	A1	A2	L1	L2
0	0	0	500	0	0	0	0	0	0
1	1	103.8689	608.2093	1.7195	2.3075	0.0005	0.0009	0.3789	0.6589
2	2	194.3386	674.4022	1.5294	1.9323	0.0013	0.0025	0.2824	0.4999
3	3	258.6249	698.8091	1.0394	1.24	0.0023	0.0047	0.1811	0.2918
4	4	302.4119	698.0535	0.6383	0.7263	0.0036	0.008	0.1134	0.1613
5	5	333.8704	685.9564	0.3742	0.4114	0.0055	0.0133	0.0709	0.09
6	6	358.2549	669.9939	0.2151	0.2319	0.0083	0.0221	0.0445	0.0517
7	7	378.3013	653.546	0.1232	0.1321	0.0124	0.0364	0.028	0.0308
8	8	395.366	637.9884	0.0709	0.0768	0.0186	0.06	0.0178	0.0191
9	9	410.1456	623.8133	0.0414	0.0458	0.0277	0.0989	0.0114	0.0122

Taille (200, 9)

FIGURE 3.8 – nombres d'espèces à chaque pas de temps pour la zone 2

	Temps	S1	S2	I1	I2	A1	A2	L1	L2
0	0	300	0	0	0	0	0	0	0
1	1	426.5458	68.206	0.112	0.0393	0.0008	0.0014	0.3728	0.6489
2	2	540.6834	141.2066	0.148	0.0596	0.0019	0.0036	0.2751	0.4874
3	3	616.8829	197.1322	0.1204	0.0558	0.0033	0.0066	0.1752	0.2823
4	4	656.4419	231.9888	0.0822	0.042	0.0051	0.0113	0.1091	0.155
5	5	672.7981	252.3328	0.052	0.0284	0.0077	0.0187	0.0678	0.0858
6	6	677.2237	264.8322	0.0318	0.0182	0.0116	0.031	0.0423	0.0489
7	7	676.1217	273.5019	0.0192	0.0114	0.0173	0.0511	0.0265	0.0288
8	8	672.6092	280.3539	0.0116	0.0071	0.0258	0.0843	0.0167	0.0175
9	9	668.1059	286.3237	0.0071	0.0045	0.0386	0.1388	0.0106	0.011

Télécharger le tableau

FIGURE 3.9 – nombres d’espèces à chaque pas de temps pour la zone 3

3.4.2 Utilisation d’ API de streamlit

Pour utiliser les API de Streamlit et créer une interface utilisateur interactive pour notre application de modélisation de la transmission de la peste entre trois zones, on installe d’abord la bibliothèque de streamlit en utilisant pip install streamlit avant de commencer. Voici quelques étape à suivre

— **Importation**

On importe la bibliothèque en debut de code par :

```
import streamlit as st
```

— **Création de l’interface utilisateur :**

Utilisez les widgets Streamlit pour créer une interface utilisateur conviviale. Voici quelques exemples de widgets qu’ on a pu utiliser durant notre projet de conception d’application du modèle :

```
st.title("Application de Modelisation de la Peste") ... st.multiselect("Selectionnez une zone :", ["Zone 1", "Zone 2"]) ... st.slider("Selectionnez un parametre :", min_value, max_value, dV) ... st.text_input("Entrez un texte :") ... st.sidebar.text_input('Population', value=0, max_value=1, value=r_1)...st.sidebar.subheader("lesparametrepourlazone2")...
```

— **Gestion des interactions :** Utilisez des structures conditionnelles pour gérer les interactions avec l’utilisateur et naviguer sur les différentes pages de l’application. Par exemple, lorsque l’utilisateur appuie sur un bouton, vous pouvez exécuter une fonction de simulation et afficher les résultats ou bien lorsque l’utilisateur appuie sur un bouton, il peut quitter d’une page et aller vers une autre page. with st.sidebar : choose=option_menu(" AppModel[" Accueil", " modle", " rapport", .], ["house', ' clipboard-data', ' clipboard-data'], menu_icons = " app-indicator", default_index =

```

0, styles = "container" : "padding" : "5!important", "backgroundcolor", "icon" : "color" : "orange"
if st.button("Lancer la Simulation") : Executez votre fonction de simulation
resultat_simulation = simuler_pest(zone) Affichez les resultats dans l'interface utilisateur st.write
")st.write(resultat_simulation)

```

— **Affichage des resultats :**

Pour notre project on a pu utiliser des fonction de visualisation tels que : `st.write()`, `st.pyplot()`, pour afficher les résultats de la simulation, tels que des graphiques , des tableaux ou des cartes. On a aussi intégré un chatbot conversationnel qui va permettre à l'utilisateur d'interroger l'application sur le contenu de la recherche effectuée pour le projet. Cet agent conversationnel sera prêt à répondre aux questions spécifiques de l'étude réalisée. La pertinence des réponses dépendra de la manière dont la question a été posée.

Affichez un tableau de donnees (par exemple, un DataFrame) `st.write(dataframe)`

Affichez un graphique `st.plotly_chart(fig)`

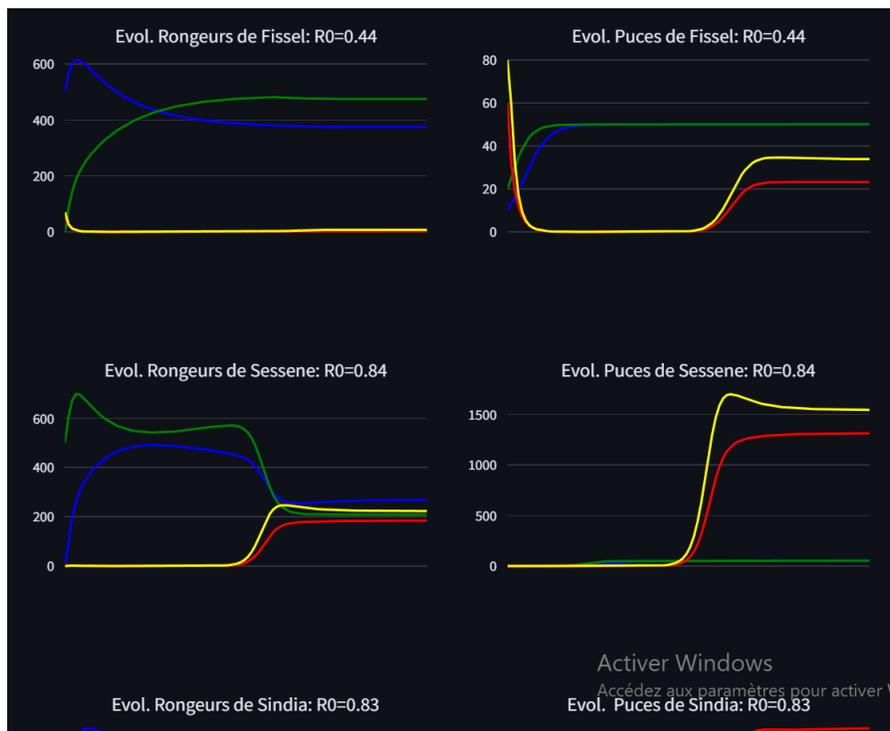


FIGURE 3.10 – Evolution des rongeurs et des puces dans les différentes zones

Nombres d'infectées des rongeurs par arrondissement au fil du temps

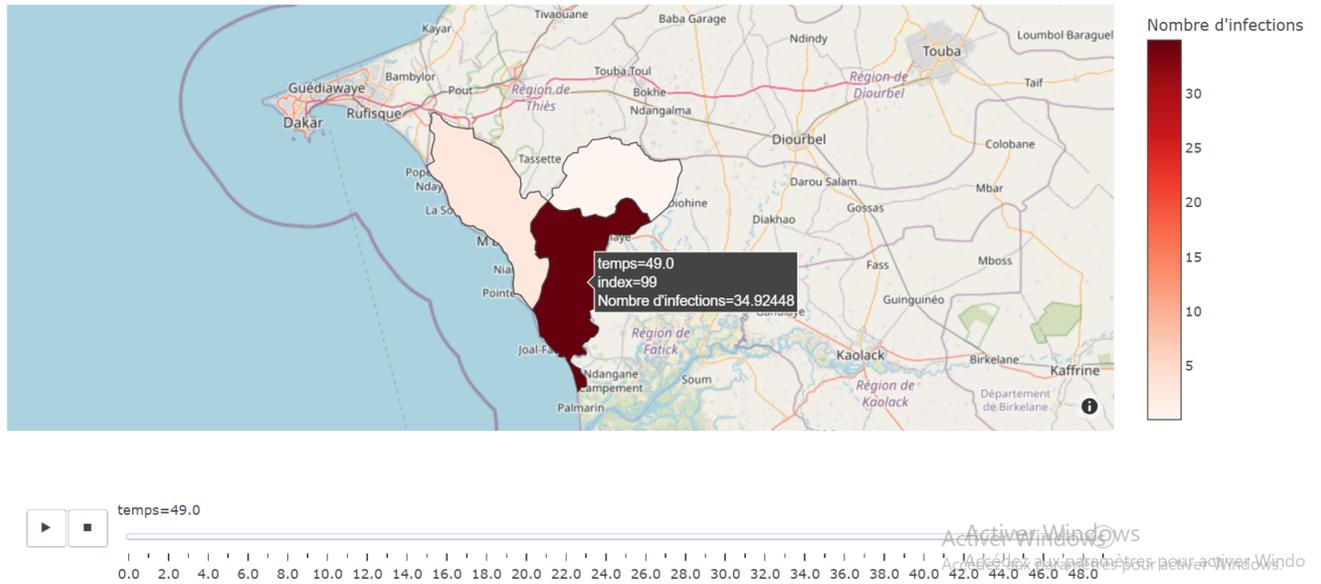


FIGURE 3.11 – Evolution des rongeurs infectés dans les différentes zones en fonction du temps

Nombres de puces libres infectueuses par arrondissement au fil du temps

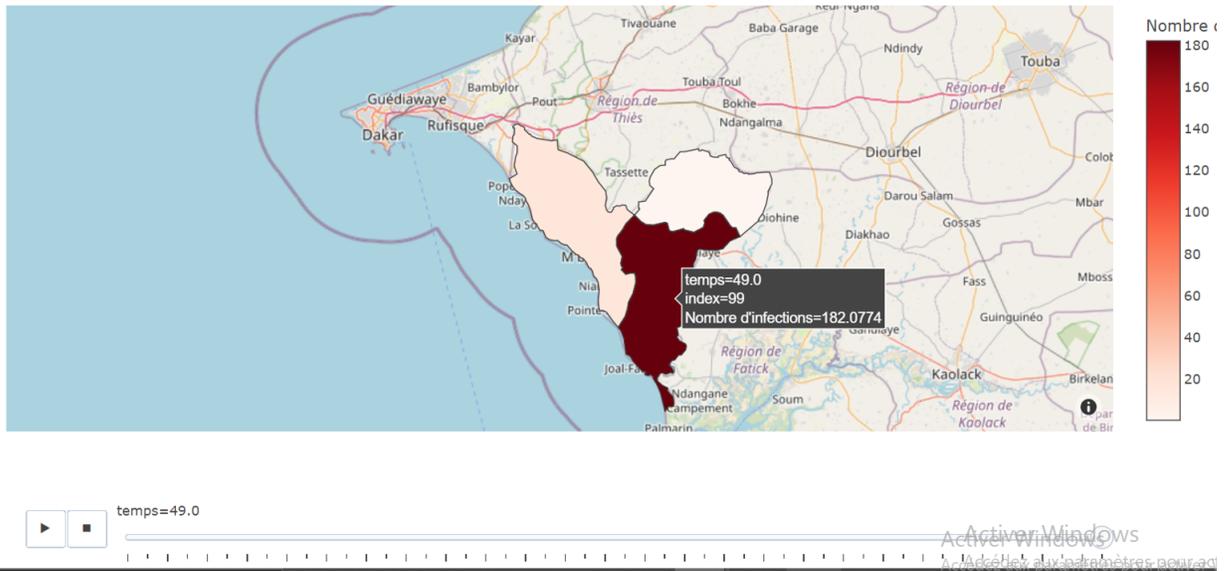


FIGURE 3.12 – Evolution des Puces libres infectueuses dans les différentes zones en fonction du temps

— **Exécution de l'application :**

Pour lancer notre application Streamlit localement, nous allons exécuter simplement notre script Python en utilisant la commande streamlit run dans le terminal.

streamlit run mon_app.py

3.4.3 Déploiement de l'application web

Le déploiement de notre application Streamlit est une étape essentielle pour la rendre accessible en ligne. Voici les étapes générales que nous avons procédé pour déployer notre application web Streamlit :

On prépare d'abord notre code streamlit . On commente le code pour la compréhension et on verifie le fonctionnement du code pour chaque partie. On crée un fichier nommé requirements.txt pour specifier les dépendances de notre application.

Pour ne pas trahir, le choix du plateforme de deployment est evidement streamlit sharing. Cette plateforme est gratuite et est proposé par streamlit.

Ensuite, pour mieux s'organiser , on a construit un environnement virtuel sur lequel on installe les dependances depuis le fichier "requirements.txt".

```
pip install -r requirements.txt
```

On s'intéresse enfin à la structure du déploiement . Le fichier python est le pacemaker de notre application on le nomme "app.py". Ce fichier contient le script streamlit de notre application. On a aussi le fichier qui contient les dépendances de notre application nommé "requirements.txt" et les fichiers qui contiennent des données du système d'information géographique qu'on a pu téléchargé sur le site : <https://diva-gis.org/gdata>.

Après toutes ces étapes , on passe au déploiement des fichiers dans github . On utiliser "git" pour pousse les fichiers vers notre référentiel GitHub nommé *df2_model* et le lier à Streamlit Sharing. On précise que notre compte github a été bien synchronisé avec notre compte streamlit sharing au niveau du plateforme. Pour accéder à notre compte github pour visualiser les fichiers, visiter https://github.com/Falloudiagnessm/df2_model. Voici les étapes à suivre en resumé pour le depeoiement sur github avec le terminal :

On clone le referentiel sur le quel on travaille git clone https://github.com/Falloudiagnessm/df2_model.
m"mycommit" pousserlesmodificationsaveclabranchemaingitpush – uoriginmain

Voici quelques images pour l'aperçu du déploiement :

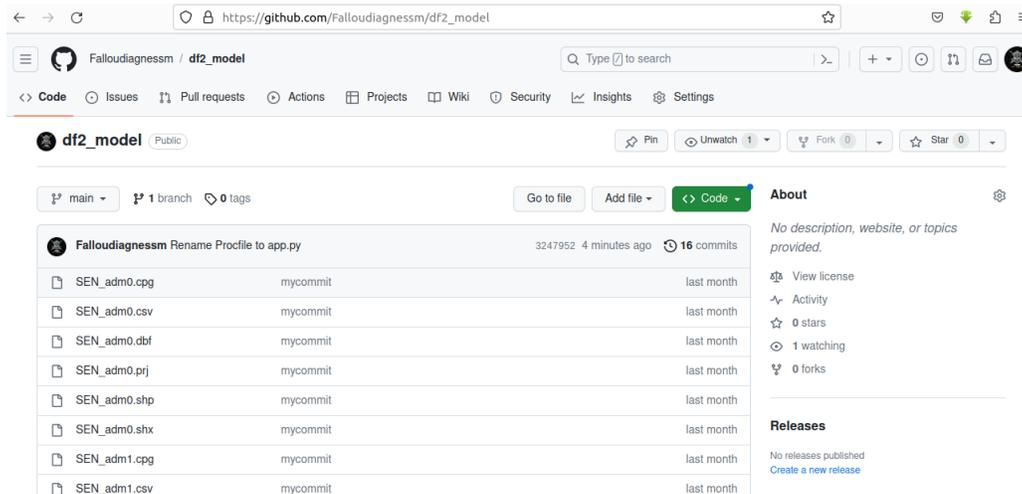


FIGURE 3.13 – déploiement des fichiers sur github

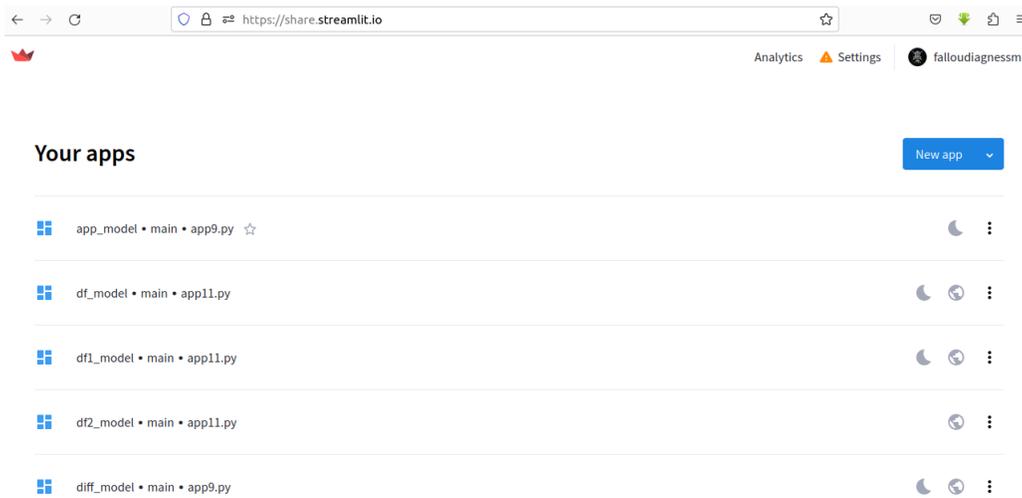


FIGURE 3.14 – notre application et ses tests sur streamlit

3.4.4 Conclusion

Dans le cadre de cette partie de notre mémoire, nous avons exploré la puissance de Streamlit, un framework Python, pour créer rapidement une application interactive dédiée à la modélisation de la transmission de la peste entre rongeurs et puces pour trois zones. Cette démarche a permis de simplifier le processus de développement, permettant ainsi aux développeurs de concevoir des applications web complexes en seulement quelques lignes de code.

Notre objectif principal était de modéliser la transmission de la peste dans trois zones géographiques distinctes, en utilisant un modèle mathématique approprié. Les trois principales étapes de ce projet sont résumées comme suit :

1. **Traitement du Modèle** : Nous avons commencé par définir notre modèle mathématique représentant la dynamique des populations et la propagation des rongeurs infectés dans les différentes zones. Ce modèle est basé sur des équations différentielles ordinaires (EDO) (3.1), (3.2), (3.3) et des données réelles ou estimées pour les paramètres qu'on aura l'occasion d'ajuster au niveau de l'application.
2. **Utilisation des API de Streamlit** : Ensuite, nous avons exploité les API de Streamlit pour créer une interface utilisateur interactive. Les utilisateurs peuvent désormais ajuster les paramètres du modèle, lancer des simulations et visualiser les résultats de manière conviviale.
3. **Déploiement de l'Application Web** : Finalement, nous avons déployé notre application sur la plateforme Streamlit Sharing, la rendant ainsi accessible en ligne. Vous pouvez désormais explorer l'application en suivant ce lien vers notre application : <https://df2model-4xdnyxprllaz4xvpneuxb.streamlit.app/>

Cette étude démontre comment la modélisation et la simulation de phénomènes complexes peuvent être rendues accessibles à un large public grâce à des outils comme Streamlit. Nous espérons que cette application facilitera la compréhension de la transmission de la peste et encouragera de nouvelles recherches dans ce domaine.

Nous vous invitons à visiter notre application, à interagir avec les simulations et

à explorer les résultats pour approfondir votre compréhension de ce sujet. voici une capture de notre application :



FIGURE 3.15 – Interface d'accueil de l'application web

Approche sur l'épidémiologie computationnelle : Simulation du modèle à base d'agents sur la plateforme GAMA

Dans le troisième chapitre, vous pourriez légitimement vous demander pourquoi nous avons restreint notre analyse à la migration de seulement trois zones. Les modèles de migration en épidémiologie mathématique sont extrêmement complexes et exigent de nombreux paramètres, ce qui rend leur manipulation difficile, voire impossible. Cette complexité impose une limite à l'efficacité de l'épidémiologie mathématique. Afin de dépasser ces limites, une approche novatrice est adoptée, celle de l'épidémiologie computationnelle. Il s'agit d'un domaine de recherche qui fusionne des techniques informatiques avec des modèles mathématiques pour examiner la propagation des maladies, comprendre les facteurs de risque, et évaluer l'impact des interventions en santé publique.

Cette partie présente de façon détaillé le développement d'un modèle à base d'agents dans GAMA de la transmission de peste entre rongeurs et puces. Pour bien comprendre le travail présenté, il faut d'abord comprendre certaines notions relatives à la modélisation et la simulation ; à la modélisation à base d'agents et de la plateforme GAMA utilisée pour le développement et la simulation du modèle

4.1 Introduction

Les phénomènes épidémiologiques impliquent souvent un grand nombre d'entités - hôte, vecteur, agent pathogène, environnement, etc. - qui peuvent interagir et donner lieu à des dynamiques complexes s'étendant sur plusieurs échelles spatio-temporelles. Ces dynamiques peuvent avoir des conséquences sanitaires graves, comme la propagation sur de vastes zones géographiques et la contamination d'un grand nombre d'individus. Les phénomènes épidémiologiques, en raison de leur évolution qui résulte des interactions entre les éléments, peuvent être décrits comme des systèmes complexes. Pour les étudier efficacement, il est nécessaire de passer par un processus de modélisation et de simulation afin de produire des outils de prédiction et de définir des politiques de prévention et de contrôle [4].

4.2 Modélisation et simulation à base d'agents

Selon la définition de Ferber et Müller [13], un système multi-agents se compose des éléments suivants :

- Un environnement E , généralement pourvu d'une métrique.
- Un ensemble d'objets O , chacun associé à une position dans E à un moment donné. Ces objets, à l'exception des agents, demeurent passifs, les agents ayant la capacité de les percevoir, de les créer, de les détruire et de les modifier.
- Un ensemble d'agents A , représentant les entités actives du système.
- Un ensemble de relations R qui lient les objets (et agents) entre eux.
- Un ensemble d'opérateurs Op permettant aux agents de A de percevoir, produire, consommer, transformer et manipuler des objets de O .
- Des opérateurs chargés de représenter l'application de ces opérations et la réaction du monde à cette tentative de modification, que l'on désigne sous le terme de lois de l'univers.

D'après cette définition, on constate que l'agent constitue l'entité active au sein du système multi-agents, agissant et percevant son environnement. La définition de Ferber [13] stipule qu'un agent est une entité, qu'elle soit physique ou virtuelle, qui présente les caractéristiques suivantes :

- Capacité d'agir dans un environnement.
- Possibilité de communication directe avec d'autres agents.
- Motivée par un ensemble de tendances, exprimées sous forme d'objectifs individuels, d'une fonction de satisfaction, voire de survie, qu'elle cherche à optimiser.
- Dotée de ressources propres.
- Capable de percevoir, bien que de manière limitée, son environnement.
- Possédant une représentation partielle, voire aucune, de cet environnement.
- Possédant des compétences et offrant des services.
- Éventuellement capable de se reproduire.
- Comportement orienté vers la satisfaction de ses objectifs, prenant en considération ses ressources, compétences, perceptions, représentations et communications reçues.

Selon les deux définitions précédentes, il est apparent que l'environnement joue un rôle crucial dans les systèmes multi-agents. Il agit en tant que support permettant aux agents d'agir, d'interagir entre eux et à travers lui. Dans les systèmes multi-agents, plusieurs types d'environnements sont souvent définis, tels que l'environnement social, spatial, culturel, de communication, etc.

Dans un système multi-agents, l'environnement social fait référence à une structure organisée en termes de rôles, de groupes, de sociétés, etc. [43]. Il définit des contraintes et des règles comportementales pour les agents [38].

Concernant l'environnement physique dans un système multi-agents, il s'agit d'un environnement spatial où les agents sont immergés. Ces agents ont la capacité de se déplacer, de percevoir et d'agir dans cet environnement [8].

Un modèle à base d'agents représente un système composé d'agents évoluant dans un environnement conçu comme un agent particulier. Ces agents possèdent des attributs, des comportements, ainsi que des capacités de perception et de communication. L'état d'un agent à un moment donné est défini par l'ensemble des valeurs de ses attributs, et l'état microscopique du système est la réunion de ces états individuels. Les capacités de perception des agents leur permettent de consulter un sous-ensemble de

cet état microscopique, généralement de manière localisée dans l'environnement. Les comportements sont des règles qui contrôlent l'évolution de cet état en intervenant sur les états des entités, leur existence, ainsi que sur les états et existences d'autres entités impliquées dans les actions, communications ou interactions décrites dans les comportements [41].

4.3 Modélisation et simulation à base d'agents dans GAMA

GAMA est une plate-forme de simulation qui vise à fournir aux experts de terrain, aux modélisateurs et aux informaticiens un environnement complet de modélisation et de développement de simulation pour créer des simulations multi-agents spatialement explicites. GAMA propose :

- Un langage de modélisation complet, appelé GAML, pour la modélisation d'agents et d'environnements,
- Une grande bibliothèque extensible de primitives (mouvement de l'agent, communication, fonctions mathématiques, fonctionnalités graphiques, ...),
- Une reproductibilité multiplateforme des expériences et des simulations,
- Un puissant sous-système de dessin déclaratif et de traçage,
- Une interface utilisateur flexible basée sur la plateforme Eclipse,
- Un ensemble complet d'outils batch, permettant une exploration systématique ou "intelligente" des espaces paramètres des modèles.

Dans GAMA, un modèle à base d'agents est défini selon la structure suivante :

```
model nameoftmodelglobal / * definitionof[globalattributes](GlobalSpeciesdeclaration), actions, behaviors
// definition of attributes, actions, behaviors experiment myexperiment /* + specifythetype :
" type : gui", " type : batch", " type : test", or " test : memorize" */// herethedefinitionofyourexperiment
```

Cette structure comprend :

1. L'en-tête du modèle

L'en-tête du modèle comprend le nom du modèle (qui est obligatoire). Il s'agit de la première ligne du modèle composé du mot clé « model » suivi du nom donné au modèle. Il est suivi par les éventuelles importations d'autres modèles (non obligatoire). En effet, dans un modèle, il est possible d'importer d'autres modèles (qu'ils soient du même projet ou non) :

```
import "relativepathtoamodelfile" import "relativepathtoanothermodelfile" import "relativepathtoanothermodelfile"
```

La dernière partie de l'en-tête est la définition de l'agent global (global) du modèle (non obligatoire). Il faut y déclarer tous les attributs / actions / comportements globaux. L'agent global n'a pas de nom et est unique dans un modèle. global // definition of global attributes, actions, behaviors

2. La définition des différentes classes d'agents (species)

Les species sont les différentes espèces d'agents qui peuplent le modèle. Elles sont déclarées avec le mot-clé species et doivent toutes être nommées. Un species définit ses attributs, ses actions, ses comportements et ses aspects.

```
species prey float size <- 1.0 ; rgb color <- blue ; float maxeenergy <- -preymaxeenergy ; floatmaxt
-preymaxtransfert ; floatenergyconsum <- -preyeenergyconsum ; vegetationcellmyCell <
-oneof(vegetationcell) ; floatenergy <- -(rnd(1000)/1000)*maxeenergyupdate :
energy-energyconsummax : maxeenergy ; initlocation <- -myCell.location ; reflexbasicmovemy
```

```

myCell.food > 0floatenergy_ttransfert < -min([max_ttransfert, myCell.food]); myCell.food <
energy <= 0dodie;aspectbaseddrawcircle(size)color : color;

```

3. La définition des expérimentations (experiment)

Les expérimentations sont généralement déclarées à la fin du fichier. Ils commencent par le mot-clé "experiment". Ils contiennent les paramètres de simulation et les définitions des sorties de simulations (comme les écrans, les moniteurs ou les inspecteurs). On peut déclarer autant d'expérimentations que l'on souhaite.

```

experiment prey_predator_type : guiparameter"Initialnumberofpreys : "var : nb_preys_initmin :

```

4.4 Développement du modèle de transmission de peste entre rongeurs et puces à base d'agents dans GAMA

L'objectif, c'est de créer un modèle de couplage entre le modèle mathématique indépendant développé et le modèle à base d'agents. En effet, le modèle mathématique donne la dynamique de transmission dans une zone locale quelconque de la peste entre rongeurs et puces, et le modèle à base d'agents s'occupe de la dynamique de migration dans les différentes zones.

Pour présenter le travail effectué et les détails d'implémentation, nous allons présenter d'abord l'arborescence du projet (c'est-à-dire les différents fichiers et dossiers composant le projet). Ensuite, nous présentons le modèle mathématique originel et son implémentation indépendante dans GAMA. Ensuite, nous présentons les détails d'implémentation du mécanisme de couplage mis en place pour permettre les communications entre le modèle mathématique et le modèle à base d'agents. Enfin, nous présentons les détails d'implémentation du modèle à base d'agents de la propagation de la peste entre les différents arrondissement de Thiès.

4.4.1 Arborescence du travail.

L'arborescence du projet (dénommé prague) est donnée dans la figure suivante :

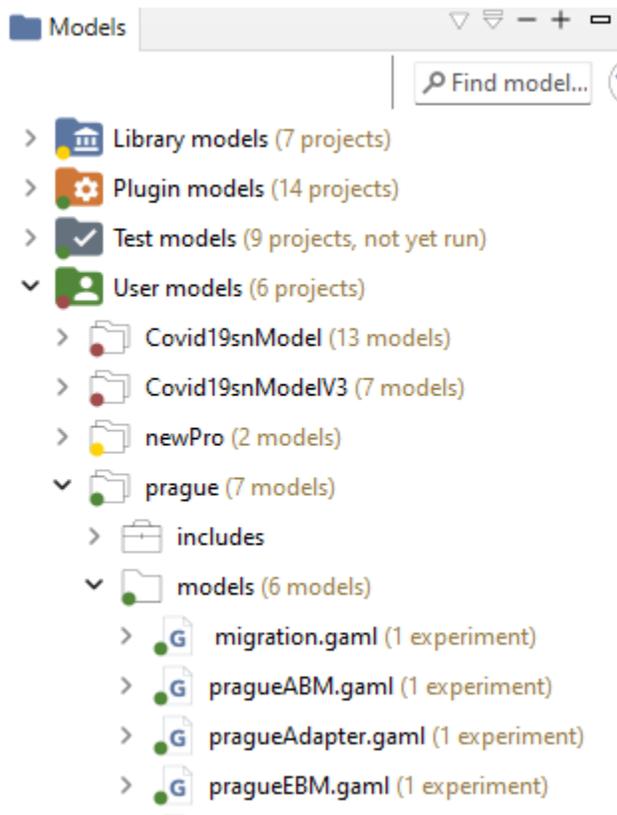


FIGURE 4.1 – Arborescence du projet

- Les informations géographiques sont des données relatives à des emplacements spécifiques sur la Terre, et ces données sont généralement gérées au sein d'un Système d'Information Géographique (SIG). Les données du SIG ont été intégrées dans un fichier au format shapefile déjà existant. Un fichier shapefile est un format de fichier couramment utilisé pour stocker des données géographiques vectorielles. Le processus implique la synchronisation d'un "dataframe" (une structure de données tabulaire, probablement gérée avec la bibliothèque Pandas en langage Python) contenant les informations géographiques avec le fichier shapefile. La synchronisation indique une mise à jour ou une correspondance entre les données du dataframe et celles du shapefile. Le langage de programmation Python a été utilisé pour effectuer cette opération. De plus, la bibliothèque Pandas, qui est une bibliothèque populaire en Python pour la manipulation et l'analyse de données, a été utilisée pour gérer le dataframe.

Les données, qui sont maintenant sauvegardées et stockées dans un dossier, sont constituées de plusieurs composants, à savoir "praguefile.shp", "praguefile.shx", "praguefile.cpg", et "praguefile.dbf". Chacun de ces fichiers a un rôle spécifique dans le stockage et la représentation des données géographiques. Une fois que les données ont été préparées et stockées, le processus suivant consiste à exporter ces fichiers vers la plateforme GAMA. Vu la complexité remarquée sur la visualisation des données de format shapefiles, on a décidé ; à l'aide de python avec la bibliothèque geopandas, d'afficher le contenu du fichier, ensuite faire la déportation en ligne à l'aide de streamlit et le serveur de hébergement streamlit share. Voici le lien pour la visualisation de ses données.

zones	S_1	S_2	I_1	I_2	A_1	A_2	L_1	L_2	DENS_MIN	DENS_MAX	ENTREE_R	ENTREE_P	SORTIE_R	SORTIE_P	SML_R	SML_P	TAUX_ES_R	TAUX_ES_P	geometry
Fissel	500	400	10	20	20	10	150	210	10	21	80	80	60	60	20	20	2.1	2.1	MULTIPOLYGON (((17.46736 14.65097, -17.46736 ...
Sessene	450	500	20	10	10	10	160	170	45	80	70	70	50	50	13	13	2.2	2.2	MULTIPOLYGON (((15.84110 15.00658, -15.84053 ...
Sindia	440	400	30	10	10	10	330	250	32	45	20	20	30	30	31	31	3.1	3.1	MULTIPOLYGON (((16.63903 13.68069, -16.63903 ...
Keur Moussa	350	450	0	0	0	0	0	0	3	8	50	50	45	45	-2	-2	1.3	1.3	POLYGON ((-14.99165 13.80161, -14.99178 13.801...
Thies Est	400	300	0	0	0	0	0	0	7	9	10	10	73	73	-8	-8	1.0	1.0	POLYGON ((-15.47223 13.59724, -15.47245 13.595...

FIGURE 4.2 – Aperçu sur les données SIG

- Les modèles (les différents fichiers du dossier « model ») qui composent le projet :

Dans le projet, il y a 4 modèles (fichiers).

Le fichier " **pragueEBM.gaml** " contient l'implémentation du modèle mathématique à base d'équations. Le fichier " **pragueAdapter.gaml** " contient l'implémentation du mécanisme de couplage permettant la communication entre le modèle mathématique et le modèle à base d'agents. Le fichier " **pragueABM.gaml** " contient l'implémentation du modèle à base d'agents. Le fichier " **migration.gaml** " contient le modèle mathématique de la migration limitée sur 14 arrondissements de la région de Thiès.

4.4.2 Implementation du modèle mathématique dans GAMA.

Soient S_1 , S_2 , I_1 , I_2 , A_1 , A_2 , L_1 , L_2 les classes épidémiologiques représentant respectivement les rongeurs à sensibilités différentes, des rongeurs infectés, le nombre moyen de puces vivant sur un rongeur, et des puces infectueuses libres. On reproduit ici les modèles mathématiques (1.3) et (1.4) et ses paramètres sont donnés ci-dessous.

$$\left. \begin{array}{l}
\text{(R)} \left\{ \begin{array}{l}
\frac{dS_1(t)}{dt} = ((1 - \varepsilon)r_1 S_1(t) + \varepsilon r_2 S_2(t)) \left(1 - \frac{R(t)}{K_R}\right) - S_1(t) (1 - e^{-\alpha R(t)}) \left(\beta_{11} \frac{L_1(t)}{R(t)} + \beta_{12} \frac{L_2(t)}{R(t)}\right) \\
- d_1 S_1(t) + \gamma_1 I_1(t), \\
\frac{dS_2(t)}{dt} = ((1 - \varepsilon)r_2 S_2(t) + \varepsilon r_1 S_1(t)) \left(1 - \frac{R(t)}{K_R}\right) - S_2(t) (1 - e^{-\alpha R(t)}) \left(\beta_{21} \frac{L_1(t)}{R(t)} + \beta_{22} \frac{L_2(t)}{R(t)}\right) \\
- d_2 S_2(t) + \gamma_2 I_2(t), \\
\frac{dI_j(t)}{dt} = S_j(t) (1 - e^{-\alpha R(t)}) \left(\beta_{j1} \frac{L_1(t)}{R(t)} + \beta_{j2} \frac{L_2(t)}{R(t)}\right) - (d_j + \delta_j) I_j(t) - \gamma_j I_j(t), \\
R(t) = \sum_j (S_j(t) + I_j(t)), \\
\text{avec } j = 1, 2, \quad S_j(0) = S_{j0} \geq 0 \quad \text{et} \quad I_j(0) = I_{j0} \geq 0.
\end{array} \right. \\
\text{(F)} \left\{ \begin{array}{l}
\frac{dA_j(t)}{dt} = r_j^A A_j(t) \left(1 - \frac{A_j(t)}{K_A}\right) + \frac{L_j(t) (1 - e^{-\alpha R(t)})}{R(t)}, \\
\frac{dL_j(t)}{dt} = (d_j + \delta_j) I_j(t) A_j(t) - L_j(t) (1 - e^{-\alpha R(t)}) - d_F L_j(t), \\
\text{avec } j = 1, 2, \quad A_j(0) = A_{j0} \geq 0 \quad \text{et} \quad L_j(0) = L_{j0} \geq 0.
\end{array} \right.
\end{array} \right. \tag{4.1}$$

- S_1 et S_2 : sont deux populations de rongeurs présentant une sensibilité différente.
- I_j $j = 1, 2$: sont des rongeurs infectés.
- L_j $j = 1, 2$: sont des vecteurs libres de recherche de rongeur.
- A_j $j = 1, 2$: est le nombre moyen de vecteurs sur un rongeur.
- $R = \sum_j (S_j + I_j)$, $j = 1, 2$
- r_1 et r_2 : représentant respectivement le taux de natalité maximal des rongeurs des types S_1 et S_2
- K_R : est la capacité de charge de la population de rats.
- α : le paramètre qui mesure l'efficacité de recherche des vecteurs.
- β_{11} : paramètre de transmission de L_1 sur S_1
- β_{12} : paramètre de transmission de L_2 sur S_1
- β_{21} : paramètre de transmission de L_1 sur S_2
- β_{22} : paramètre de transmission de L_2 sur S_2
- d_j : taux de mortalité naturel constant des rats
- d_F : taux de mortalité des puces libres infectueuses L_j
- γ_j : taux de guérison constant des rats infectés
- δ_j : Taux de mortalité supplémentaire par septicémie des rats infectés.
- K_A : est la capacité de charge de la population des puces vivant sur les rats.
- r_j^A : Taux de croissance maximal des puces sur les rats.

Une utilisation stéréotypée d'une Equation Différentielle Ordinaire (EDO) dans un modèle à base d'agents dans GAMA consiste à déclarer des agents pour lesquels l'évolution des attributs est décrite à l'aide d'un système EDO. Dans la définition d'une espèce (species), les équations sont écrites avec l'instruction « equation » pour former ce qui est bloc d' « equation ». Un bloc d' « equation » est composé d'un ensemble d'instructions « diff » décrivant chacune l'évolution d'un attribut de « species ». Une équation est numériquement intégrée à l'aide de l'instruction « solve ».

— **Implémentation du modèle mathématique**

Cette implémentation est faite dans le fichier "**pragueEBM.gaml**" à travers le species nommé "**agent_with_EBM_dynamic3**". La définition de ce species comporte les différentes classes épidémiologiques du modèle mathématique avec leurs valeurs initiales ; les différents paramètres du modèle mathématique avec leurs valeurs données . Le bloc d' « equation » est dénommé « evol ». L'agent « global » comporte une seule instruction consistant à initialiser un agent du species

" agent_with_EBM_dynamic3 ".

— **Expérimentations de notre modèle mathématique**

Nous avons ajouté une expérimentation de type « gui » nommée

" agent_with_EBM_dynamic_exp " pour que le modèle mathématique puisse être simulé indépendamment et individuellement. Cette expérimentation donne comme sorties les courbes d'évolution des différentes classes épidémiologiques.

4.4.3 Implémentation du modèle de couplage des deux modèles dans GAMA.

Le couplage que nous mettons en œuvre ici entre le modèle mathématique à base d'équations et celui à base d'agents est un couplage fort. En effet, les deux modèles communiquent en exploitant chacun les sorties de l'autre. La figure suivante représente ce couplage entre les deux modèles :

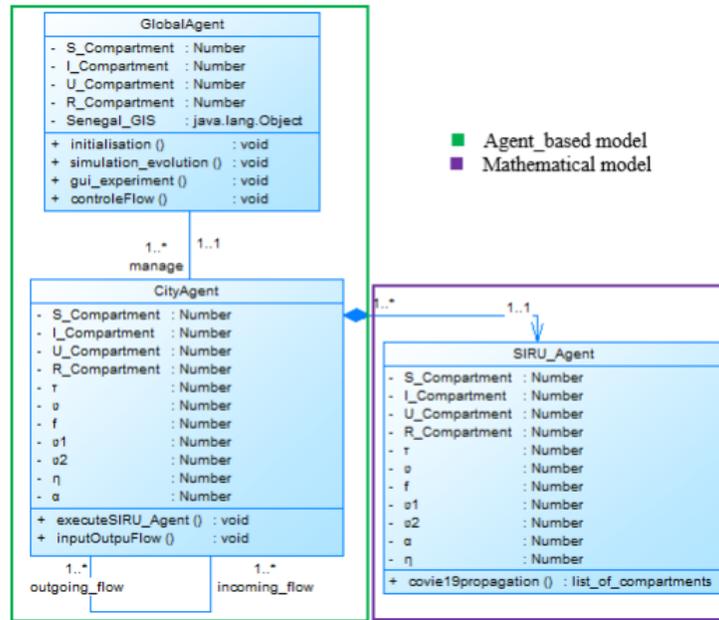


FIGURE 4.3 – mécanisme de couplage entre le modèle mathématique et le modèle à base d’agents

Par rapport au modèle à base d’agents, le modèle mathématique est vu comme un calculateur dont dispose chaque zone pour calculer l’évolution de son état épidémiologique (l’évolution de chacune des classes épidémiologiques identifiées plus haut). En effet, dans le modèle à base d’agents, chaque zone comporte ses propres valeurs pour les classes épidémiologiques, ainsi que pour certains paramètres (c’est le cas par exemple des taux de transmission qui sont propre à chaque zone). Le modèle mathématique reçoit en entrée les valeurs des classes épidémiologiques du jour précédent ainsi que celles des paramètres, calcule et retourne l’évolution des valeurs des classes épidémiologiques du jour courant. Selon le modèle migratoire, les entrants/sortants des puces libres infectueuses d’une zone sont ajoutés/soustraits de ses classes épidémiologiques selon leurs états épidémiologiques avant que le modèle mathématique soit sollicité.

Dans cette démarche, c’est le fichier "**pragueAdapter.gaml**" qui met en œuvre ce mécanisme de couplage. Le modèle est nommé "**pragueAdapter**" et ne comporte ni agent "**global**", ni "**species**". Il comporte une unique expérimentation appelée "**Adapter**" qui met en œuvre le mécanisme de couplage. Dans l’entête de ce modèle, nous importons le modèle mathématique "**pragueEBM.gaml**", puisque c’est de lui qu’il s’agit. L’expérimentation "**Adapter**" comporte des accesseurs ("**getters**" et "**setters**") pour chaque classe épidémiologique et paramètre à transmettre au modèle mathématique. Elle comporte également une "**action**" nommée "**set_num_prague**" pour transmettre automatiquement un ensemble de données au modèle mathématique via leurs «**setters**» respectifs. C’est cette "**action**" qui va permettre au modèle à base d’agents de transmettre ses données au modèle mathématique pour le calcul de l’évolution des classes épidémiologiques. Les résultats fournis par le modèle mathématique seront récupérés par le modèle à base d’agents à travers les différents "**getters**" de l’expérimentation "**Adapter**". Le modèle à base d’agents aura donc besoin d’importer seulement ce modèle «**pragueAdapter.gaml**» pour transmettre, simuler et récupérer des données du modèle mathématique.

4.4.4 Implémentation du modèle de migration à base d'agents dans GAMA.

Notre modèle à base d'agents est proposé dans une perspective de spatialisation et de spécialisation de notre modèle mathématique de la transmission du virus de la peste entre les rongeurs et puces au niveau des arrondissement de Thiès. D'un point de vue global, il représente la dynamique migratoire entre différentes zones. Le modèle est composé alors d'un environnement spatial (qui est celui de la carte de la région de Thiès générée à partir du SIG), d'un temps (temps virtuel utilisé pour les migrations entre les zones qui est d'un jour), d'une dynamique migratoire (modèle migratoire entre les différents arrondissements) et des mesures restrictives (stratégies d'interventions pour endiguer la maladie). Le fichier du projet qui comporte ce modèle est " **pragueABM.gaml**".

— Les arrondissements

Les arrondissement sont représentées par le "species" nommé «zone». Elles sont créés à partir du SIG donner en entrée dans l'instruction «**init**» de l'agent «**global**». Les attributs qui composent l'état d'une zone sont explicitement nommés et commentés. Les comportements d'une région sont entre autres :

- «**reflex dayly_input_migrant when : enable_migration** » permettant à une zone de laisser entrer les migrants (si les migrations sont permises)
- «**reflex dayly_output_migrant when : enable_migration** » permettant à une zone de laisser sortir les migrants (si les migrations sont permises)
- «**reflex simulate_EBM_models** » permettant à une zone de calculer l'évolution de ces classes épidémiologiques en simulant le modèle mathématique avec ses propres valeurs des classes épidémiologiques et paramètres courants).

NB : notez que les migrations sont permises / interdites par l'agent «**global**» selon le plan d'ouverture/fermeture donné).

— Le modèle migratoire entre les zones

Le modèle migratoire tire ses données du SIG d'entrée dans lequel chaque zone dispose de ses taux d'entrées/sorties journaliers. Il est régi par le plan d'ouverture/fermeture représenté par l'attribut «**map<int, string> open_close_plan <- [] ;**» de l'agent «**global**». Ce plan est construit à partir de l'attribut «**string open_close_plan_as_string ;**» de l'agent «**global**» qui est un paramètre d'entrée avec lequel l'utilisateur fournit son plan d'ouverture/fermeture sous forme de chaînes de caractères ayant la forme suivante : "AX-BY-CZ-...". A, B, C sont des caractères (prenant la valeur 'O' ou 'F') représentant les opérations (d'Ouverture ou de Fermeture) à appliquer et X, Y, Z sont des entiers représentant des cycles de la simulation (moments auxquels Ouvrir ou Fermer). Le modèle migratoire est mis en œuvre à travers ces deux comportements de l'agent «**global**» :

- «**reflex open_close_migration_plan when : open_close_plan.keys contains (pas)** » permettant ou interdisant les migrations en donnant à l'attribut « **enable_migration** » de l'agent «**global**» la valeur «**true**» (migrations permises) ou «**false**» (migrations interdites) ;
- «**reflex migration_policy** », utilisé dans le cadre des migrations partielles (où certaines régions sont fermées et d'autres ouvertes), permet de

pondérer les taux d'entrée/sorties des régions ouvertes.

— **Les expérimentations du modèle**

Nous avons défini un ensemble de paramètres d'entrées pour permettre à l'utilisateur de donner (avant le démarrage des simulations) et de modifier (au courant des simulations) des valeurs pour :

- Les paramètres non fixes du modèle mathématique ;
- Le plan d'ouverture/fermeture des migrations

Pour chaque classe épidémiologique du modèle, nous avons aussi fourni des sorties sous forme de courbes d'évolutions des valeurs en fonction des différents arrondissements de Thiès.

Initialement comme on peut le constater au niveau des données SIG. On a la présence de rongeurs susceptibles dans chacun des arrondissements de Thiès (Fissel, Sessene, Sindia, Keur Moussa, Thiès Est, Thiès Ouest, Thiès Nord, Thiès Sud, Meouane, Mequane, Merina Dakhar, Niakhene, Pambal, Kataba). Par contre, il y a que des rongeurs infectés et des puces dans les arrondissements de Fissel, Sessene et Sindia.

Les figures 4.4 et 4.5 illustrent la dynamique des individus susceptibles (S_1 et S_2). On observe une diminution progressive du nombre de rongeurs susceptibles, débutant environ 20 jours après, dans les trois arrondissements de Fissel, Sessene et Sindia. Avec la migration des puces libres infectieuses, une diminution plus tardive de la population de rongeurs susceptibles se produit dans les autres arrondissements, environ 45 jours après, pour ensuite atteindre une stabilité (le nombre de rongeurs susceptibles reste constant environ 100 jours).

En revanche, une évolution du nombre de rongeurs infectés est observée, débutant initialement dans les arrondissements de Fissel, Sessene et Sindia à partir du 20^e jour. Au bout de 40 jours, sous l'effet de la migration des rongeurs infectés et des puces libres infectieuses, une progression des rongeurs infectés se manifeste de manière progressive dans les autres arrondissements. Cette dynamique des rongeurs infectés atteint une stabilité environ 100 jours après, comme le mettent en évidence les figures 4.6 et 4.7.

Les figures 4.10 et 4.11 présentent la dynamique des puces libres infectieuses (L_1 et L_2) dans les différents arrondissements. À partir du 20^e jour, l'évolution des puces commence à être observée dans les arrondissements de Fissel, Sessene, et un peu plus tard à Sindia, où la présence initiale de puces libres infectieuses était anticipée. Cette évolution se poursuit de manière progressive dans les autres arrondissements. Environ 84 jours plus tard, la présence de puces libres infectieuses est notée dans tous les arrondissements, et une stabilité dans la dynamique des puces libres est atteinte dans chaque arrondissement aux environs de 100 jours. Les figures 4.8 et 4.9 illustrent une évolution progressive des puces vivantes sur les rongeurs (A_1 et A_2) dans les différents arrondissements, leur dynamique convergeant vers leur capacité limite sur les rongeurs.

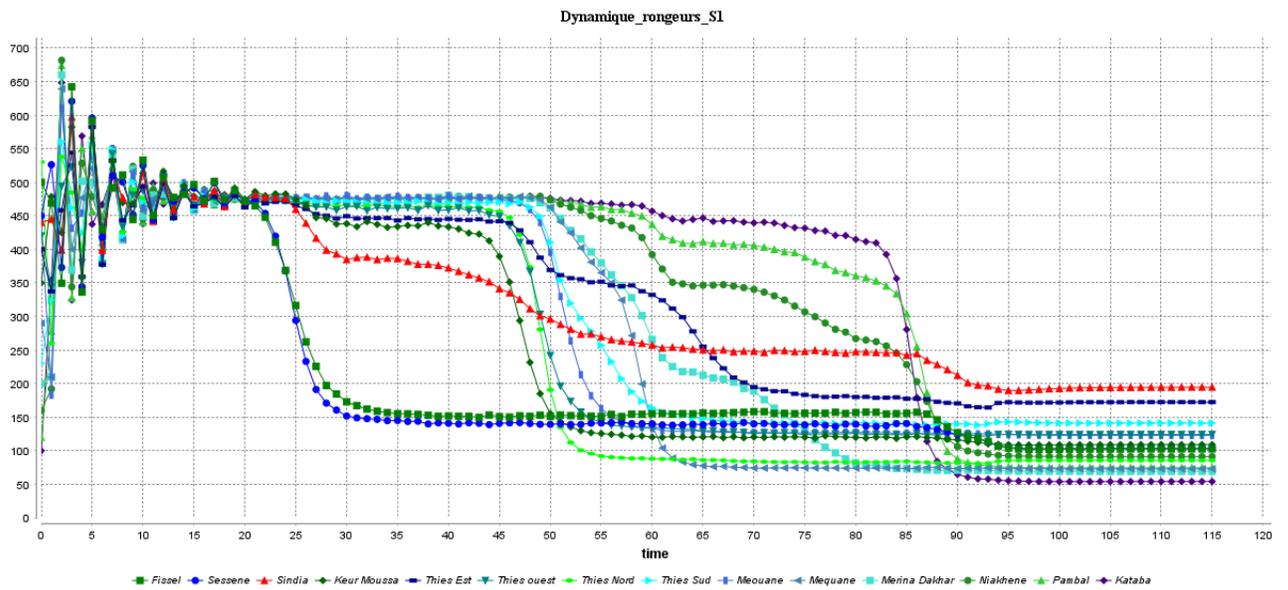


FIGURE 4.4 – dynamique de propagation et de migration des S1 dans les différents arrondissements

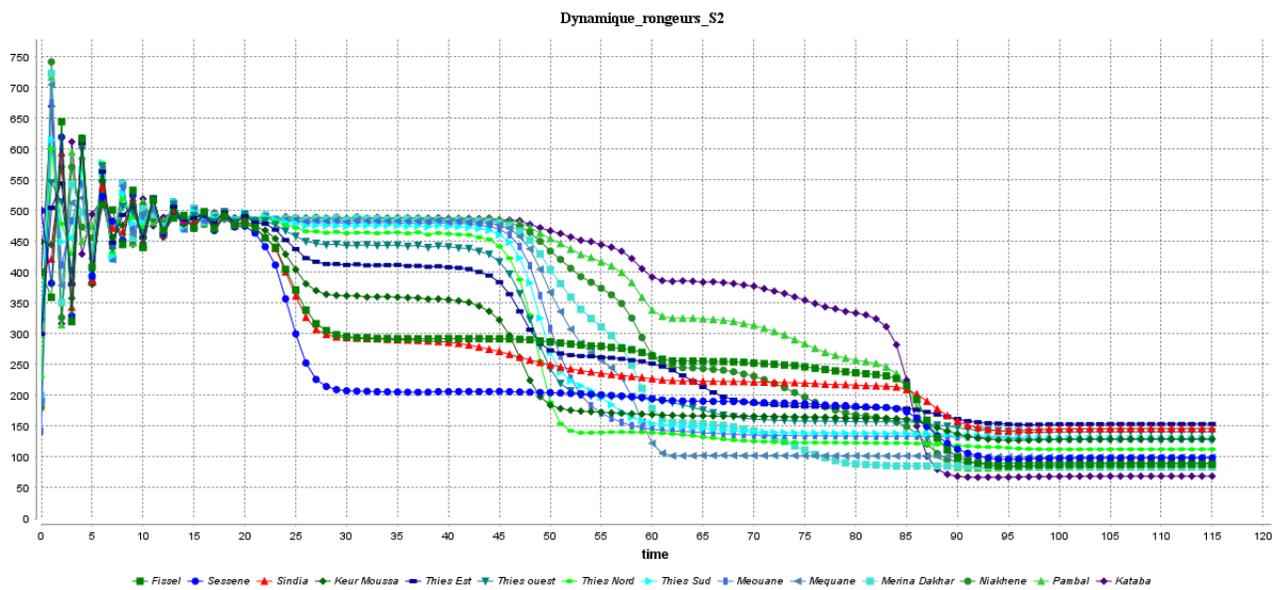


FIGURE 4.5 – dynamique de propagation et de migration des S2 dans les différents arrondissements

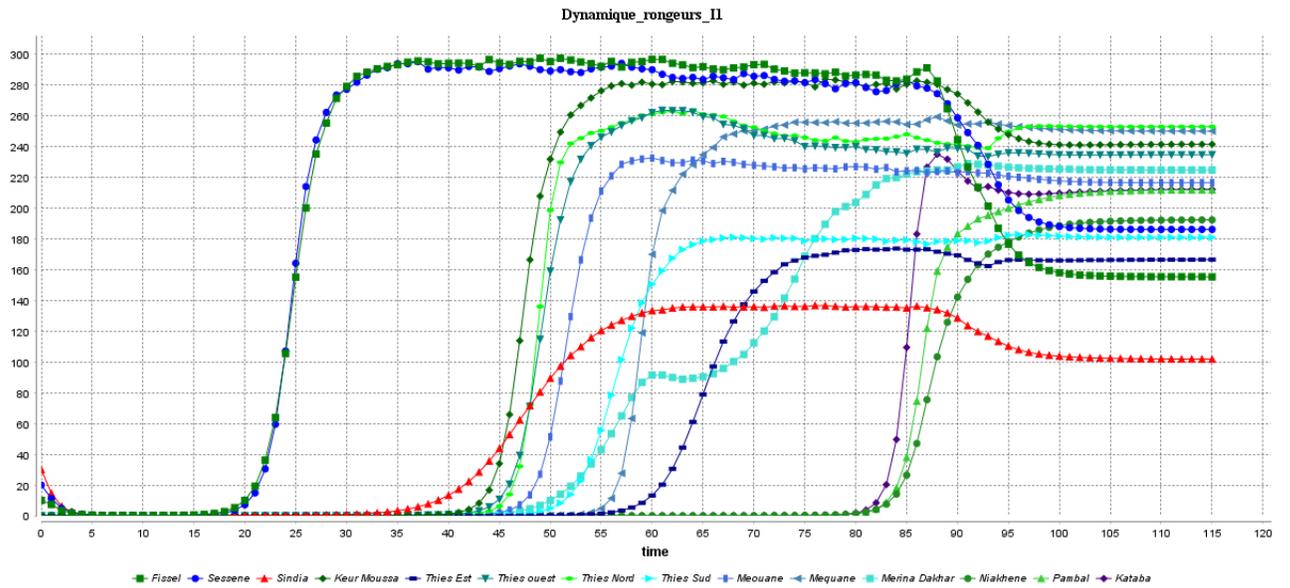


FIGURE 4.6 – Dynamique de propagation et de migration des I1 dans les différents arrondissements

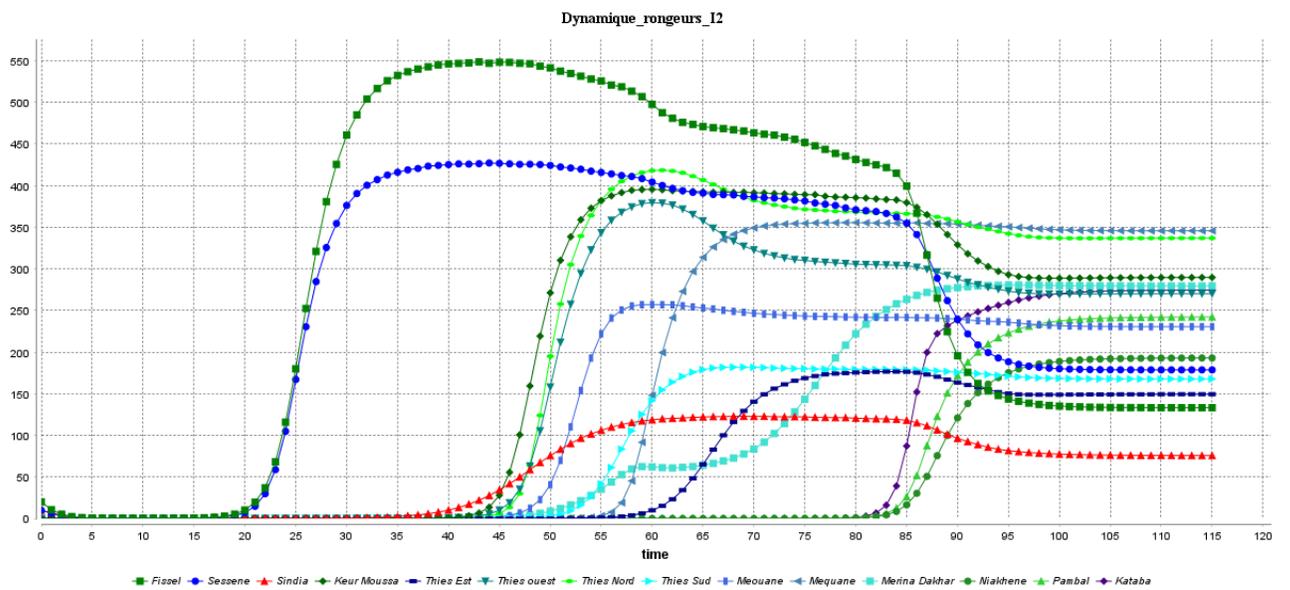


FIGURE 4.7 – Dynamique de propagation et de migration des I2 dans les différents arrondissements

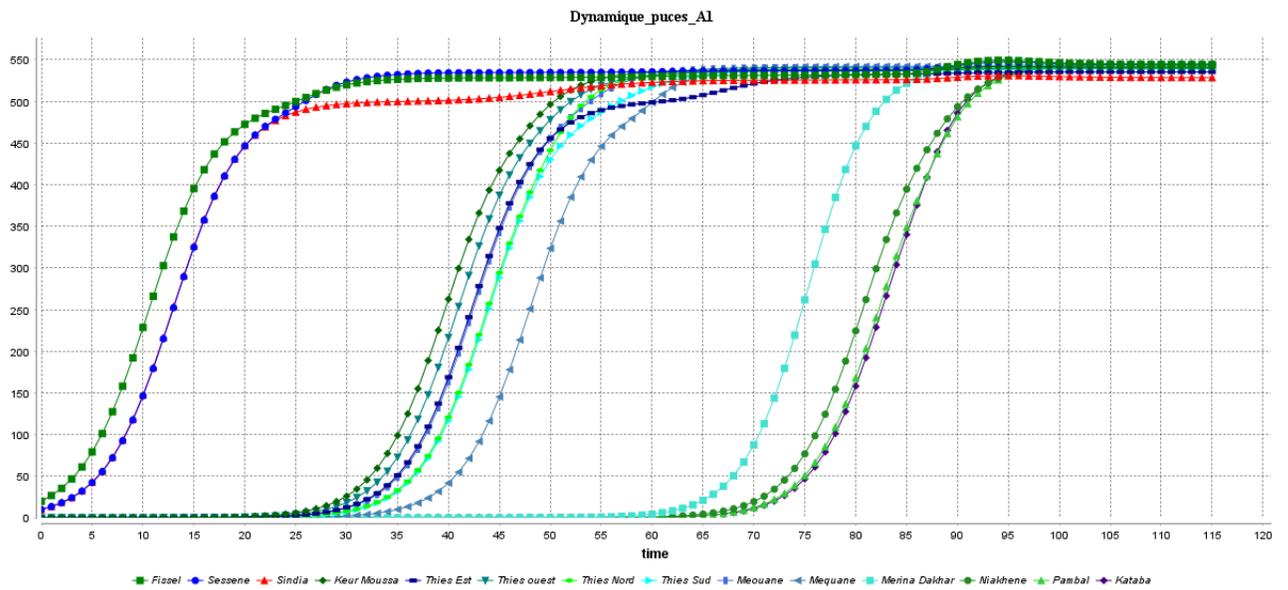


FIGURE 4.8 – Dynamique de propagation et de migration des A1 dans les différents arrondissements

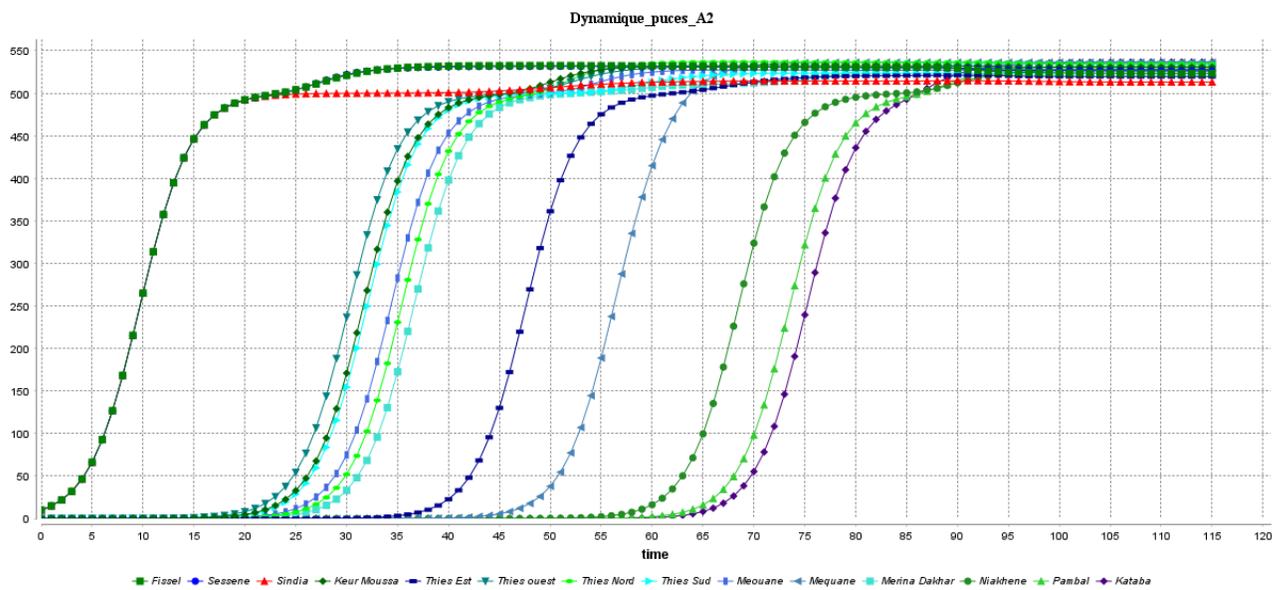


FIGURE 4.9 – Dynamique de propagation et de migration des A2 dans les différents arrondissements

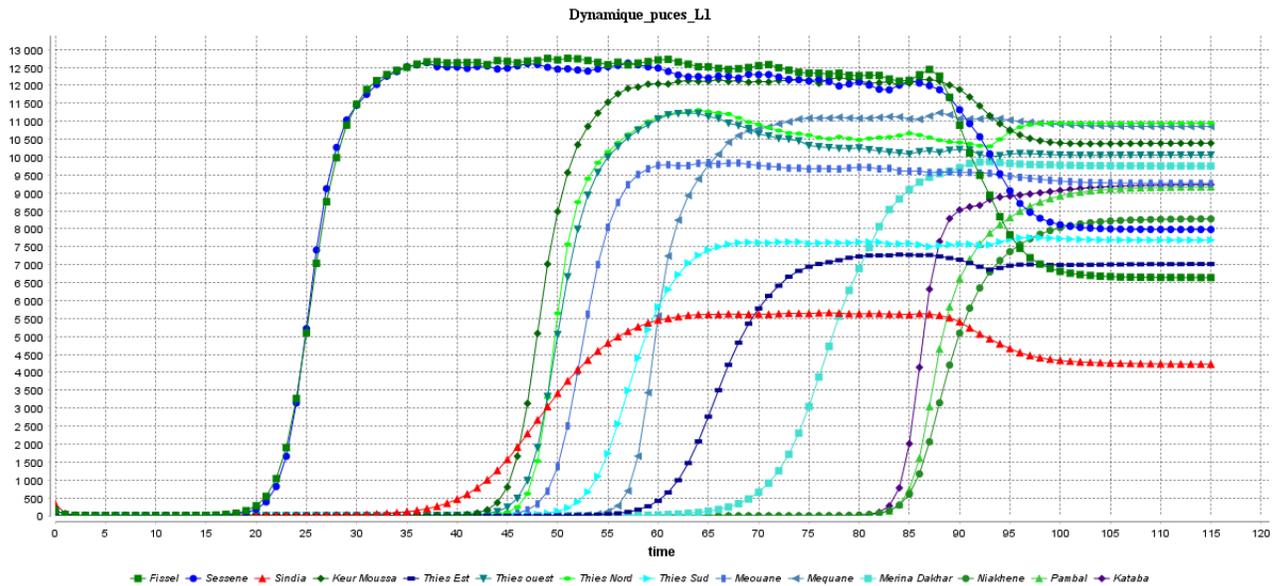


FIGURE 4.10 – Dynamique de propagation et de migration des L1 dans les différents arrondissements

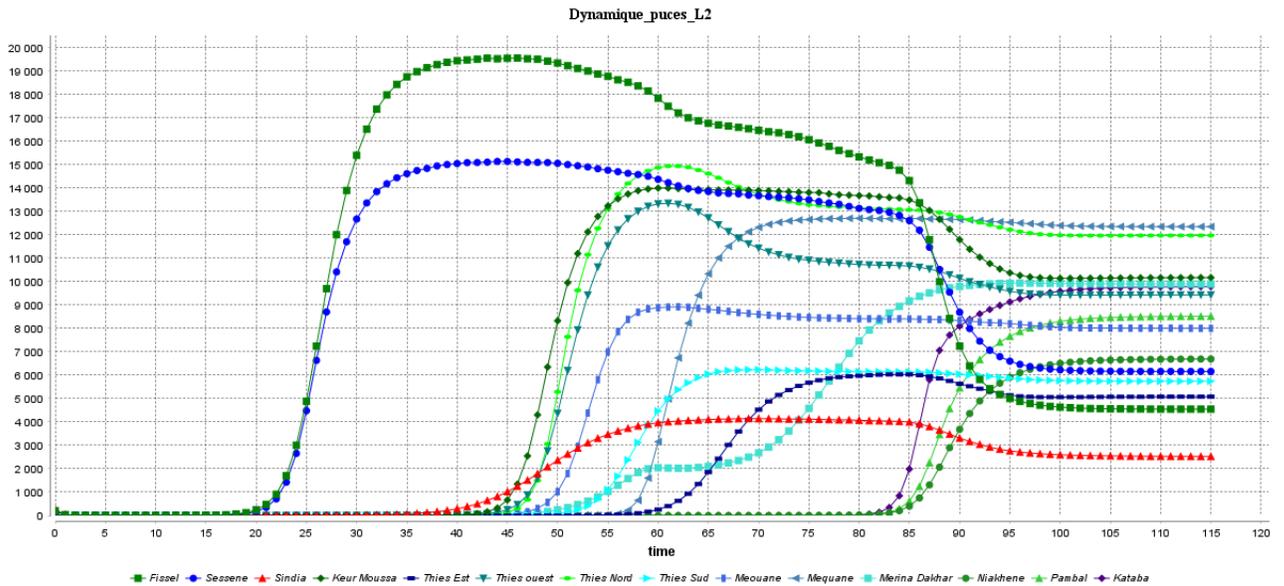


FIGURE 4.11 – Dynamique de propagation et de migration des L2 dans les différents arrondissements

4.5 Conclusion

En conclusion, l'étude des phénomènes épidémiologiques, en raison de leur complexité résultant des interactions entre divers éléments tels que les hôtes, les vecteurs, l'environnement, etc nécessite une approche méthodique basée sur la modélisation et la simulation. Ces outils jouent un rôle crucial dans la prédiction des dynamiques épidémiologiques et dans la formulation de politiques de prévention. Dans ce contexte, l'exploration des méthodes de contrôle apparaît comme une perspective prometteuse. En développant des stratégies de contrôle adaptées, basées sur le modèle, il est possible d'apporter des solutions efficaces pour atténuer la propagation de la peste et

minimiser l'impact sur la santé publique. Cette approche proactive offre une lueur d'espoir dans la lutte contre les épidémies, en offrant des moyens concrets d'améliorer la gestion et la prévention des maladies infectieuses.

Bibliographie

- [1] La bibliothèque scientifique | Site Web IRD. URL <https://www.ird.fr/la-bibliotheque-scientifique>.
- [2] Benjamin Bolker and Bryan Thomas Grenfell. Space, persistence and dynamics of measles epidemics. Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B : Biological Sciences, 348(1325) :309–320, 1995.
- [3] Sarah Bonnet, Karine Huber, Guy Joncour, Magalie René-Martellet, Frédéric Stachurski, and Lionel Zenner. 2. Biologie des tiques. In Nathalie Boulanger and Karen D. McCoy, editors, Tiques et maladies à tiques : Biologie, écologie évolutive, épidémiologie, Didactiques, pages 53–84. IRD Éditions, Marseille, March 2017. ISBN 978-2-7099-2101-5. doi : 10.4000/books.irdeditions.9020. URL <http://books.openedition.org/irdeditions/9020>. Code : Tiques et maladies à tiques : Biologie, écologie évolutive, épidémiologie.
- [4] Papa Alioune Cisse, Jean Marie Dembele, Moussa Lo, and Christophe Cambier. Multi-agent systems for epidemiology : Example of an agent-based simulation platform for schistosomiasis. In Agents and Multi-Agent Systems for Health Care : 10th International Workshop, A2HC 2017, São Paulo, Brazil, May 8, 2017, and International Workshop, A-HEALTH 2017, Porto, Portugal, June 21, 2017, Revised and Extended Selected Papers 10, pages 131–153. Springer, 2017.
- [5] Sharon K Collinge, Whitney C Johnson, Chris Ray, Randy Matchett, John Grensten, Jack F Cully Jr, Kenneth L Gage, Michael Y Kosoy, Jenella E Loye, and Andrew P Martin. Landscape structure and plague occurrence in black-tailed prairie dogs on grasslands of the western usa. Landscape ecology, 20 : 941–955, 2005.
- [6] Jack F Cully Jr, Tammi L Johnson, Sharon K Collinge, and Chris Ray. Disease limits populations : plague and black-tailed prairie dogs. Vector-Borne and Zoonotic Diseases, 10(1) :7–15, 2010.
- [7] Stephen Davis, P Trapman, Herwig Leirs, Michael Begon, and JAP Heesterbeek. The abundance threshold for plague as a critical percolation phenomenon. Nature, 454(7204) :634–637, 2008.
- [8] Jonathan Demange. Un modèle d’environnement pour la simulation multiniveau-Application à la simulation de foules. PhD thesis, Université de Technologie de Belfort-Montbéliard, 2012.

- [9] Mamadou Lamine Diagne, Folashade B Augusto, Herieth Rwezaura, Suzanne Lenhart, and Jean Michel Tchuenche. Optimal control of an epidemic model with treatment in the presence of media coverage. Herieth and Lenhart, Suzanne and Tchuenche, Jean Michel, Optimal Control of an Epidemic Model with Treatment in the Presence of Media Coverage.
- [10] Jean-Marc Duplantier, Jean-Bernard Duchemin, Suzanne Chanteau, and Elisabeth Carniel. From the recent lessons of the malagasy foci towards a global understanding of the factors involved in plague reemergence. Veterinary research, 36(3) :437–453, 2005.
- [11] Rebecca J. Eisen, Jeff N. Borchert, Jennifer L. Holmes, Gerald Amatre, Kristen Van Wyk, Russell E. Ensore, Nackson Babi, Linda A. Atiku, Aryn P. Wilder, Sara M. Vetter, Scott W. Bearden, John A. Montenieri, and Kenneth L. Gage. Early-phase Transmission of *Yersinia pestis* by Cat Fleas (*Ctenocephalides felis*) and Their Potential Role as Vectors in a Plague-endemic Region of Uganda. 2008. doi : 10.4269/ajtmh.2008.78.949. URL <https://nru.uncst.go.ug/handle/123456789/694>. Accepted : 2021-12-16T07 :29 :47Z Publisher : The American journal of tropical medicine and hygiene.
- [12] Rebecca J. Eisen, Lars Eisen, and Kenneth L. Gage. Studies of Vector Competency and Efficiency of North American Fleas for *Yersinia pestis* : State of the Field and Future Research Needs . Journal of Medical Entomology, 46 (4) :737–744, 07 2009. ISSN 0022-2585. doi : 10.1603/033.046.0403. URL <https://doi.org/10.1603/033.046.0403>.
- [13] Jacques Ferber. Les systèmes multi-agents : un aperçu général. Techniques et sciences informatiques, 16(8), 1997.
- [14] Wendell H Fleming and Raymond W Rishel. Deterministic and stochastic optimal control, volume 1. Springer Science & Business Media, 2012.
- [15] Janet E Foley, Jennifer Zipser, Bruno Chomel, Evan Girvetz, and Patrick Foley. Modeling plague persistence in host-vector communities in california. Journal of Wildlife Diseases, 43(3) :408–424, 2007.
- [16] Patrick Foley and Janet Foley. Modeling susceptible infective recovered dynamics and plague persistence in california rodent–flea communities. Vector-Borne and Zoonotic Diseases, 10(1) :59–67, 2010.
- [17] Kenneth L Gage and Michael Y Kosoy. Natural history of plague : perspectives from more than a century of research. Annu. Rev. Entomol., 50 :505–528, 2005.
- [18] Fanny Gascuel, Marc Choisy, Jean-Marc Duplantier, Florence Débarre, and Carine Brouat. Host resistance, population structure and the long-term persistence of bubonic plague : contributions of a modelling approach in the malagasy focus. PLoS computational biology, 9(5) :e1003039, 2013.
- [19] TJ Hagenaars, CA Donnelly, and NM Ferguson. Spatial heterogeneity and the persistence of infectious diseases. Journal of theoretical biology, 229(3) :349–359, 2004.

- [20] Lise Heier, Geir O Storvik, Stephen A Davis, Hildegunn Viljugrein, Vladimir S Ageyev, Evgeniya Klassovskaya, and Nils Chr Stenseth. Emergence, spread, persistence and fade-out of sylvatic plague in kazakhstan. Proceedings of the Royal Society B : Biological Sciences, 278(1720) :2915–2923, 2011.
- [21] George Hess. Disease in metapopulation models : implications for conservation. Ecology, 77(5) :1617–1632, 1996.
- [22] Hem Raj Joshi. Optimal control of an hiv immunology model. Optimal control applications and methods, 23(4) :199–213, 2002.
- [23] M. J Keeling and C. A Gilligan. Bubonic plague : a metapopulation model of a zoonosis. Proceedings of the Royal Society of London. Series B : Biological Sciences, 267(1458) :2219–2230, November 2000. ISSN 0962-8452, 1471-2954. doi : 10.1098/rspb.2000.1272. URL <https://royalsocietypublishing.org/doi/10.1098/rspb.2000.1272>.
- [24] Matt J Keeling and Chris A Gilligan. Metapopulation dynamics of bubonic plague. Nature, 407(6806) :903–906, 2000.
- [25] Michael R Kelly Jr, Joseph H Tien, Marisa C Eisenberg, and Suzanne Lenhart. The impact of spatial arrangements on epidemic disease dynamics and intervention strategies. Journal of biological dynamics, 10(1) :222–249, 2016.
- [26] Ellen A Lorange, Brent L Race, Florent Sebbane, and B Joseph Hinnebusch. Poor Vector Competence of Fleas and the Evolution of Hypervirulence in *Yersinia pestis*. The Journal of Infectious Diseases, 191(11) :1907–1912, 06 2005. ISSN 0022-1899. doi : 10.1086/429931. URL <https://doi.org/10.1086/429931>.
- [27] Dahlard L Lukes. Differential equations : classical to controlled. 1982.
- [28] Junling Ma and Zhien Ma. Epidemic threshold conditions for seasonally forced seir models. Mathematical Biosciences and Engineering, 3(1) :161, 2006.
- [29] Lev Semenovich Pontryagin. Mathematical theory of optimal processes. Routledge, 2018.
- [30] Sujay Raghavendra. Introduction to Streamlit, pages 1–15. Apress, Berkeley, CA, 2023. ISBN 978-1-4842-8983-9. doi : 10.1007/978-1-4842-8983-9_1. URL https://doi.org/10.1007/978-1-4842-8983-9_1.
- [31] Lila Rahalison, Michel Ranjalaha, Jean-Marc Duplantier, Jean-Bernard Duchemin, Jocelyn Ravelosaona, Lala Ratsifasoamanana, and Suzanne Chanteau. Susceptibility to Plague of the Rodents in Antananarivo, Madagascar. In Mikael Skurnik, José Antonio Bengoechea, and Kaisa Granfors, editors, The Genus *Yersinia* : Entering the Functional Genomic Era, de livres Advances in Experimental Medicine and Biology, pages 439–442. Springer US, Boston, MA, 2003. ISBN 978-0-306-48416-2. doi : 10.1007/0-306-48416-1_87. URL https://doi.org/10.1007/0-306-48416-1_87.
- [32] Soanandrasana Rahelinirina, Jean-Marc Duplantier, Mamy Ratsimba, Jocelyn Ratovonjato, Olga Ramilijaona, Yves Papillon, and Lila Rahalison. Assessment

- of Rhodamine B for labelling the plague reservoir *Rattus rattus* in Madagascar. African Journal of Ecology, 48(3) :662–666, 2010. ISSN 1365-2028. doi : 10.1111/j.1365-2028.2009.01162.x. URL <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1111/j.1365-2028.2009.01162.x>. _eprint : <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/pdf/10.1111/j.1365-2028.2009.01162.x>.
- [33] Md Tanvir Rahman, Risala T Khan, Muhammad RA Khandaker, Mathini Selathurai, and Md Sifat A Salan. An automated contact tracing approach for controlling covid-19 spread based on geolocation data from mobile cellular networks. Ieee Access, 8 :213554–213565, 2020.
- [34] Jean Etienne ROMBALDI. Matrices positives et irréductibles. 2007.
- [35] Daniel J Salkeld, Marcel Salathé, Paul Stapp, and James Holland Jones. Plague outbreaks in prairie dog populations explained by percolation thresholds of alternate host abundance. Proceedings of the National Academy of Sciences, 107(32) :14247–14250, 2010.
- [36] Tord Snäll, RB O’hara, Chris Ray, and SK Collinge. Climate-driven spatial dynamics of plague among prairie dog colonies. The American Naturalist, 171(2) :238–248, 2008.
- [37] Paul Stapp, Daniel J Salkeld, Rebecca J Eisen, Ryan Pappert, John Young, Leon G Carter, Kenneth L Gage, Daniel W Tripp, and Michael F Antolin. Exposure of small rodents to plague during epizootics in black-tailed prairie dogs. Journal of Wildlife Diseases, 44(3) :724–730, 2008.
- [38] Tiberiu Stratulat, Jacques Ferber, and John Tranier. Masq : towards an integral approach to interaction. In AAMAS (2), pages 813–820, 2009.
- [39] Stephane Y Tchoumi, CW Chukwu, ML Diagne, H Rwezaura, ML Juga, and JM Tchuenche. Optimal control of a two-group malaria transmission model with vaccination. Network Modeling Analysis in Health Informatics and Bioinformatics, 12(1) :7, 2022.
- [40] C. Tollenaere, J.-M. Duplantier, L. Rahalison, M. Ranjalahy, and C. Brouat. AFLP genome scan in the black rat (*Rattus rattus*) from Madagascar : detecting genetic markers undergoing plague-mediated selection. Molecular Ecology, 20(5) :1026–1038, 2011. ISSN 1365-294X. doi : 10.1111/j.1365-294X.2010.04633.x. URL <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1111/j.1365-294X.2010.04633.x>. _eprint : <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/pdf/10.1111/j.1365-294X.2010.04633.x>.
- [41] Jean-Pierre Treuil, Alexis Drogoul, and Jean-Daniel Zucker. Modélisation et simulation à base d’agents : exemples commentés, outils informatiques et questions théoriques. Dunod, 2008.
- [42] Eduardo Pozo Valdiviezo and Astrid Decoene. Mémoire de fin d’études de master 2 mathématiques pour les sciences du vivant.
- [43] Danny Weyns, Andrea Omicini, and James Odell. Environment as a first class abstraction in multiagent systems. Autonomous agents and multi-agent systems, 14 :5–30, 2007.

- [44] Mark EJ Woolhouse and Sonya Gowtage-Sequeria. Host range and emerging and reemerging pathogens. Emerging infectious diseases, 11(12) :1842, 2005.
- [45] Björn P Zietz and Hartmut Dunkelberg. The history of the plague and the research on the causative agent yersinia pestis. International journal of hygiene and environmental health, 207(2) :165–178, 2004.