

UNIVERSITÉ ASSANE SECK DE ZIGUINCHOR (UASZ)



U.F.R DES SCIENCES ET TECHNOLOGIES

DÉPARTEMENT DE MATHÉMATIQUES

Laboratoire Mathématiques et Applications (LMA)

Mémoire de Master

Domaine : Sciences et Technologies

Mention : Mathématiques et Applications

Spécialité : Mathématiques Appliquées

Option : Bio-Mathématique

Thème :

Estimation du nombre d'incidence de la peste bubonique dans un modèle épidémique

avec une période de latence

Présenter par : Malick Sagna

Sous la direction du : Pr Diène NGOM

Soutenu publiquement le 14/10/2023 devant le jury composé de :

Prénom(s) et Nom	Grade	Qualité	Établissement
Clément MANGA	Professeur Assimilé	Président	UASZ
Mohamadou Samsidy GOUDIABY	Professeur Assimilé	Examineur	UASZ
Timack NGOM	Maître de Conférences Titulaire	Examineur	UASZ
Diène NGOM	Professeur Titulaire	Directeur	UASZ

Dédicace

Je dédie ce modeste travail à mes très chers parents, mes frères et soeurs et à tout ceux qui me sont chers, sans oublier mes très chers enseignants.

Remerciements

Je tiens tout d'abord à remercier Dieu le tout puissant, qui m'a donné la force d'accomplir ce modeste travail.

Mes premiers remerciements vont à l'endroit de mon encadreur de mémoire Pr Diène NGOM pour avoir accepté de me proposer un sujet de mémoire. Il a mis à ma disposition des articles et des livres en accord avec mes intérêts. Il a toujours été disponible. J'ai largement profité de sa vaste culture mathématique. Je remercie vivement les membres du jury pour le temps qu'ils ont consacré à l'évaluation de ce mémoire.

Mes remerciements vont à l'endroit de tous les professeurs du département de mathématique de l'Université Assane SECK de Ziguinchor, pour la qualité de des enseignements qu'ils nous ont dispensé. Je remercie tous les membres de ma famille en particulier mon défunt père Ousmane SAGNA et ma mère Espérance MANGA.

Je remercie mes grandes soeurs, mes grands frères et mes petits frères de m'avoir motivé, soutenu, conseillé et orienté.

Je remercie aussi tous mes camarades de promotion qui m'ont soutenus et aidés durant les moments difficiles.

Je tiens à remercier toutes les personnes qui m'ont aidées lors de la rédaction de ce mémoire.

Je tiens à témoigner toute ma reconnaissance aux personnes suivantes, pour leur aide dans la réalisation de ce mémoire : Dr Abdoulaye DIOUF, Jean DIATTA qui m'a beaucoup aidé sur les codes informatiques, Bamba seck, Monsieur DIEDHIOU mon ancien professeur de Mathématique au CEM de Niassia pour leurs soutiens constant et leur encouragement. Je tiens à remercier également tous les membres du laboratoire de Mathématiques et Applications de l'université Assane Seck de Ziguinchor.

Résumé

Dans ce travail, nous nous intéresserons essentiellement à un modèle épidémiologique pour estimer le nombre de nouveaux cas d'infection (incidence) de la peste bubonique dans un village. Pour ce faire, une méthode algébrique sera utilisée pour déterminer l'expression théorique de l'incidence de la maladie. Cette dernière est peu efficace dans la pratique. Une deuxième méthode sera proposée pour estimer l'incidence par l'utilisation d'un observateur.

Table des matières

Dédicace	2
Remerciements	3
Résumé	4
Introduction	7
1 Rappels d'outils mathématiques.	9
1.1 Quelques résultats sur les Equations différentielles ordinaires	9
1.1.1 Existence de solutions	10
1.2 Stabilité et théorie de Lyapunov	11
1.2.1 Stabilité	11
1.2.2 Fonction de Lyapunov	12
1.3 Notion d'Observateur	15
1.3.1 Observateur adaptatif linéaire	15
1.3.2 Observateur adaptatif non linéaire	16
2 Modèle mathématique de la peste bubonique chez les humains	19
2.1 Manifestation clinique, propagation et traitement de peste bubonique	19
2.2 Description du modèle SIR de la peste bubonique	20
2.2.1 Description des compartiments et paramètres du modèle	21
2.2.2 Hypothèses du modèle	21
2.2.3 Modélisation Mathématique du diagramme du modèle épidémique SIR	22
2.3 Estimation du nombre d'incidence (βSI) par la méthode algébrique	22
3 Synthèse d'observateur pour l'estimation de la fonction d'incidence du modèle SEIR	25
3.1 Description du modèle SEIR	25
3.1.1 Description des variables et paramètres du modèle	25

3.1.2	Hypothèses du modèle	26
3.1.3	Modélisation Mathématique du diagramme du modèle épidémique SEIR . . .	26
3.2	Estimation du nombre d'incidence (βSI) au moyen de l'observateur non linéaire . .	27
3.3	Simulation numérique	27
	Conclusion	30
	Bibliographie	31

Introduction

De nos jours, l'utilisation des outils mathématiques pour comprendre certains phénomènes de la vie réelle est devenue indispensable. En effet, la maîtrise de beaucoup de phénomènes physiques, économiques, biologiques, etc passe nécessairement par l'élaboration de modèles mathématiques.

La modélisation mathématique en épidémiologie est une technique scientifique qui décrit et explique un phénomène réel de la biologie par des équations mathématiques. Elle permet de reproduire aussi fidèlement que possible les informations connues, passées ou présentes pour mieux connaître les facteurs gouvernants le développement de l'épidémie. Elle est un outil capital dans l'analyse de la propagation et le contrôle de certaines épidémies. Elle acquiert de ce fait une capacité prédictive, et devient donc un instrument de la prise de décision. Elle a pour objectif :

- d'évaluer l'incidence réelle de l'épidémie dans la population, ce qui permet de mieux estimer le niveau d'immunisation de la population, si l'on connaît le taux d'immunité sur des échantillons de la population ;
- d'apprécier les besoins en matière d'hospitalisation à court et moyen terme, pour mieux préparer l'afflux des patients à l'hôpital ;
- de prévoir à court terme des besoins en ressources hospitalières pour adapter les mesures telles que le confinement, la fermeture des marchés publics, etc.

L'épidémiologie est l'étude des rapports entre les maladies et les facteurs susceptibles d'exercer une influence sur leur fréquence, leur distribution et leur propagation. C'est une science ancienne, qui s'est singulièrement développée avec les grandes épidémies telles que la grippe espagnole et tout récemment la covid19 ainsi que la maladie à virus Ébola [13]. C'est pourquoi plusieurs modèles mathématiques ont été proposés dans le passé pour l'étude de certaines épidémies (VIH, Choléra, covid19...). La paternité de ces modèles revient au médecin Sir Ronald Ross (Prix Nobel en physiologie 1902)[14] qui a présenté le premier modèle sur le paludisme. W.O. Kermack et A.G. McKendrick [7] ont appliqué les idées de Ronald Ross pour étudier la dynamique de la transmission des maladies infectieuses humaines. Plus précisément, Kermack et McKendrick ont appliqué les idées de Ross pour les maladies dont la dynamique de transmission dépend de la fréquence et de l'intensité des interactions entre individus susceptibles (sains) et individus infectés et infectieux. Depuis lors, la

modélisation mathématique est devenue un outil incontournable dans l'analyse de la dynamique des maladies infectieuses.

En santé animale, généralement la pathologie résulte d'une interaction entre le parasite responsable de la maladie, l'hôte animal et des facteurs environnementaux. C'est le cas de la peste bubonique. Elle est une zoonose (maladie des animaux transmissible aux humains) causée par la bactérie *Yersinia pestis*. Elle est transmise aux humains par la piqûre de puces infectées ; il s'agit du mode de transmission le plus commun. La bactérie peut en outre s'introduire dans le corps par une coupure lors du contact direct avec un animal infecté ou de sa manipulation. Elle peut également être transmise par l'inhalation de gouttelettes infectieuses propulsées dans l'air par la toux d'une personne atteinte d'une pneumonie causée par la bactérie de la peste. Généralement, les symptômes apparaissent un à six jours après l'infection. La peste bubonique résulte de l'introduction la bactérie dans le corps. Parmi ses symptômes, il y a : l'enflure et la sensibilité des ganglions lymphatiques, la fièvre, les frissons, les douleurs musculaires, le mal de tête, la nausée, le vomissement, la diarrhée, les douleurs abdominales et la fatigue extrême. Par ailleurs, l'introduction de la bactérie par les voies respiratoires cause la peste pneumonique qui est caractérisée par des symptômes comme une forte fièvre et un essoufflement. La peste peut entraîner des complications graves. On s'intéresse spécifiquement dans ce travail de la peste bubonique chez les humains.

Le modèle de Kermack et McKendrick a été utilisé pour modéliser la dynamique de la transmission de la maladie. Ce modèle comporte trois compartiments qui sont : le compartiment des personnes susceptibles, des personnes infectées et celui des personnes rétablies. Certains paramètres du modèle sont extrêmement difficiles à déterminer par les méthodes algébriques. Parmi ces paramètres, on peut citer : le taux de transmission. Ce dernier est fondamental pour déterminer le nombre d'incidence. Le but de ce mémoire sera justement de mettre en place un observateur pour estimer ce nombre.

Le document est organisé comme suit : Le premier chapitre sera consacré aux rappels des outils mathématiques. Dans ce chapitre, on établira quelques résultats sur les équations différentielles ordinaires et on parlera aussi de la notion des observateurs. L'objectif de ces rappels est de se familiariser avec les notions de base des équations différentielles ordinaires, de la théorie de Lyapunov et des observateurs non linéaires qui seront utilisés dans ce mémoire. Dans le second chapitre, nous ferons la description du modèle mathématique SIR et nous déterminerons la valeur théorique du taux d'infection par les méthodes algébriques. L'essence de ce chapitre est de montrer les limites des méthodes algébriques pour déterminer le nombre d'incidence. Dans le troisième chapitre nous nous intéresserons au modèle amélioré (modèle SEIR) pour construire un observateur non linéaire. La construction de l'observateur aura pour objectif d'estimer le nombre d'incidence de la maladie.

Chapitre 1

Rappels d'outils mathématiques.

Dans ce chapitre, nous ferons un rappel des principaux théorèmes et définitions utilisés dans ce document. Dans la mesure où la plupart des systèmes dynamiques en général et les modèles épidémiologiques en particulier sont modélisés par les Équations Différentielles Ordinaires, nous commencerons par quelques notions sur ces dernières.

1.1 Quelques résultats sur les Equations différentielles ordinaires

Considérons un intervalle I d'intérieur non vide de \mathbb{R} , Ω un ouvert de \mathbb{R}^n , $n \geq 1$ et x une fonction d'une variable réelle à valeur dans \mathbb{R}^n dérivable, on note \dot{x} sa dérivée.

Définition 1 : (Equation différentielle)

soit $f : I \times \Omega \rightarrow \mathbb{R}^n$ une fonction. On appelle équation différentielle du première ordre associée à f l'équation suivante :

$$\dot{x}(t) = f(t, x(t)) \tag{1.1}$$

L'inconnue de cette équation est une fonction d'une seule variable et l'équation traduit une relation entre l'inconnue (noté ici x), sa variable (notée ici t) et sa dérivée première (\dot{x}). Si la fonction f ne dépend pas explicitement de la variable t , c'est-à-dire si f est définie sur Ω à valeurs dans \mathbb{R}^n on parle d'équation différentielle autonome. Dans le cas contraire on dit que c'est une équation non autonome.

Définition 2 (Solution locale)

Une solution de l'équation différentielle (1.1) est la donnée d'un couple (J, x) où J est un intervalle d'intérieur non vide de \mathbb{R} contenu dans I et x est une fonction de J à valeur dans \mathbb{R}^n dérivable sur J

et vérifiant les conditions suivantes :

- i) $(t, x(t)) \in I \times \Omega$, pour tout $t \in J$;
 - ii) $\dot{x}(t) = f(t, x(t))$, pour tout $t \in J$
- On parle aussi de solution locale.

Définition 3 : (Prolongement de la solution)

Soient (J_1, x_1) et (J_2, x_2) deux solutions de (1.1). On dit que (J_2, x_2) prolonge (J_1, x_1) si $J_1 \subset J_2$ et pour tout $t \in J_1$, $x_1(t) = x_2(t)$.

Définition 4 : (Solution maximale)

On dit qu'une solution (J, x) est maximale si elle n'admet aucun prolongement (J', I') avec J inclus strictement dans J' .

Définition 5 : (Solution globale)

Une solution globale de (1.1) est une solution définie sur I tout entier, i.e. (I, x) est une solution globale de $\dot{x} = f(t, x)$ où $f : I \times \Omega \rightarrow \mathbb{R}^n$.

Remarque 1 :

Il existe un lien entre les deux définitions précédentes. En effet, si (I, x) est une solution globale de (1.1), alors c'est une solution maximale. La réciproque étant fautive en général.

Définition 6 : (Problème de Cauchy)

Etant donné un point $(t_0, x_0) \in I \times \Omega$, le problème de Cauchy consiste à trouver une solution (J, x) de (1.1). On appelle problème de Cauchy le système :

$$\begin{cases} x'(t) = f(t, x(t)) \\ x(t_0) = x_0, \end{cases} \quad (1.2)$$

formé d'une équation différentielle et de la donnée d'une condition initiale.

1.1.1 Existence de solutions

Théorème 1 : (Cauchy-Peano-Arzéla) [16]

Soit $(t_0, x_0) \in I \times \Omega$ et supposons $f : I \times \Omega \rightarrow \mathbb{R}^n$ continue en (t_0, x_0) . Alors il existe une solution du problème de Cauchy associée à l'équation différentielle (1.1) relative à la condition initiale (t_0, x_0) .

Définition 7 : Une fonction f est dite lipschitzienne sur $G \subseteq I \times \Omega$ par rapport à la variable y s'il existe une constante C telle que $\|f(t, y) - f(t, z)\| \leq C \|y - z\| \forall y, z \in G$

Théorème 2 :[16]

Soient Ω un ouvert de \mathbb{R}^n et $f : I \times \Omega \rightarrow \mathbb{R}^n$ localement lipschitzienne. On considère l'équation différentielle (1.1). Pour tout point $(t_0, x_0) \in \mathbb{R} \times \Omega$, il existe une unique solution locale $x : I \rightarrow \Omega$ vérifiant $x(t_0) = x_0$ et $\dot{x}(t) = f(t, x(t))$ tout $t \in I$, où I est un intervalle ouvert contenant t_0 .

Proposition 1 : variaton de la constante

Soit $I \subseteq \mathbb{R}$ un intervalle de \mathbb{R} . Le problème de cauchy
$$\begin{cases} y'(t) = a(t)y(t) + b(t) \\ y(t_0) = y_0, \end{cases}$$

où $a, b : I \rightarrow \mathbb{R}$ continus, admet une unique solution sur I donnée par :

$$y(t) = y_0 e^{A(t)} + \int_{t_0}^t b(s) e^{A(t)-A(s)} ds \text{ où } A(t) = \int_{t_0}^t a(s) ds$$

1.2 Stabilité et théorie de Lyapunov

1.2.1 Stabilité

On représente dans cette partie les notions de stabilité pour les systèmes dynamiques autonomes. Considérons alors le système suivant :

$$\begin{cases} \dot{x} = f(x) \\ x(0) = x_0 \end{cases} \quad (1.3)$$

avec $f \in C^1 : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$ et $x_0 \in \mathbb{R}^n$.

Définition 8 (Point d'équilibre).

Le système (1.3) est dit en équilibre autour de x_e , si en absence d'influence externe, son état ne varie pas au cours du temps, x_e est alors un point d'équilibre du système (1.3) si $f(x_e) = 0 \forall t > 0$.

Définition 9 (Stabilité du point d'équilibre).

L'état d'équilibre $x_e \in \mathbb{R}^n$ est dit stable si : $\forall \varepsilon > 0, \exists \delta > 0$ tel que si : $\|x(0) - x_e\| < \delta$ alors $\|x(t) - x_e\| < \varepsilon$. Dans le cas contraire x_e est dit instable. Cette définition signifie que la trajectoire d'état peut être gardée arbitrairement près de x_e , si l'on prend une condition initiale suffisamment proche de x_e .

Définition 10 (Attractivité). L'état d'équilibre x_e est attractif s'il existe $\delta > 0$ tel que si $\|x(0) - x_e\| < \delta$ alors pour tout $v > 0, \exists T > 0$ qui satisfait : $\|x(t) - x_e\| < v$ pour tout $t \geq T$.

Remarque 2 L'attractivité n'implique pas la stabilité ni l'inverse, la condition d'attractivité exprime que si l'état initial est dans un certain voisinage de l'état d'équilibre, alors l'état du système reviendra nécessairement à l'origine au bout d'un temps suffisant.

Définition 11 (*Stabilité asymptotique*). Un point d'équilibre x_e est asymptotiquement stable s'il est stable et s'il existe $\delta > 0$ tel que :

$$\|x(0) - x_e\| < \delta \implies \lim_{t \rightarrow +\infty} x(t) = x_e.$$

Un point d'équilibre est asymptotiquement stable s'il est stable et attractif, la stabilité asymptotique signifie que non seulement l'équilibre est stable, mais que de plus on est capable de déterminer un voisinage du point d'équilibre tel que n'importe quelle trajectoire issue de x_0 appartenant à un voisinage de x_e tend vers x_e quand $t \rightarrow \infty$.

Définition 12 (*Stabilité exponentielle*). Un équilibre x_e est exponentiellement stable s'il existe $\alpha > 0$ et $\lambda > 0$ tels que :

$$\forall t > 0, \exists B_r(x_e, r), \forall x_0 \in B_r, \|x(t) - x_e\| < \alpha \implies \|x(0) - x_e\| < \exp(-\lambda t).$$

Cela signifie que le vecteur d'état, pour une condition initiale $x_0 \in B_r$ converge vers x_e , plus rapidement qu'une fonction exponentielle, λ est appelé le taux de convergence, d'autre part la stabilité exponentielle implique la stabilité asymptotique qui implique la stabilité.

Remarque 3 Dans chacune des définitions précédentes, la stabilité est définie d'une manière locale puisque reliée à la notion de voisinage. En utilisant les définitions précédentes, il n'est pas possible a priori de prédire le comportement du système pour une condition initiale prise loin du point d'équilibre.

Définition 13 (*Stabilité globale*). Si la propriété de stabilité asymptotique (exponentielle) est vérifiée quelque soit $x(0)$ dans \mathbb{R}^n alors le point d'équilibre est globalement asymptotiquement (exponentiellement) stable.

1.2.2 Fonction de Lyapunov

Définition 14 Une fonction de Lyapunov est une fonction continue $V : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$ telle que :

$$V(x) > 0, \forall x \neq 0 \text{ et } V(x) = 0 \text{ si } x = 0,$$

ayant en plus la propriété :

$$\dot{V}(x) < 0, \forall x \neq 0 \text{ et } \dot{V}(x) = 0 \text{ si } x = 0$$

Définition 15 (*Fonctions définies positives*).

1. Une fonction scalaire $V : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$ est localement définie positive dans Ω , où Ω est un voisinage de l'origine si :

(a) $V(0) = 0,$

(b) $\forall x \neq 0 \in \Omega, V(x) > 0.$

2. -Une fonction scalaire $V : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$ est définie positive si elle vérifie :

(a) $V(0) = 0,$

(b) $\forall x \neq 0 \in \mathbb{R}^n, V(x) > 0.$

Définition 16 (Fonctions semies définies positives).

1. Une fonction scalaire $V : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$ est localement semie-définie positive dans Ω , où Ω est un voisinage de l'origine si :

(a) $V(0) = 0,$

(b) $\forall x \neq 0 \in \Omega, V(x) \geq 0.$

2. Une fonction scalaire $V : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$ est semie-définie positive si elle vérifie :

(a) $V(0) = 0,$

(b) $\forall x \neq 0 \in \mathbb{R}^n, V(x) \geq 0.$

Remarque 4 1. Si une fonction V est définie négative alors $-V$ est définie positive.

2. Cas particulier important : la forme quadratique $V(x) = x^T P x, x \in \mathbb{R}^n$, avec $P = P^T$, V est définie positive, (respectivement négative) si P est une matrice définie positive, (respectivement négative).

3. Une condition nécessaire et suffisante pour que la matrice P soit définie positive est que ses valeurs propres soient toutes positives.

Définition 17 (Dérivée de la fonction de Lyapunov). Soit $V : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$ une fonction continûment différentiable et soit l'équation non linéaire différentielle $\dot{X} = f(x), x \in \mathbb{R}^n$. On définit alors : $\dot{V} : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$ par :

$$\dot{V}(x) = \left[\frac{\partial V}{\partial x} \right]' f(x) \text{ où } \left[\frac{\partial V}{\partial x} (x) \right] \text{ est le gradient de } V(x).$$

$\dot{V}(x)$ est appelé la dérivée de $V(x)$ le long des trajectoires de $\dot{x} = f(x)$ (par abus d'écriture, représente $\frac{d}{dt} V(x)(t)$)

Remarque 5 Dans le cas général, il n'existe pas de méthode pour trouver toutes les fonctions candidates de Lyapunov. Dès lors, la théorie de Lyapunov conduit à des conditions suffisantes de stabilité dont le pessimisme dépend de la forme particulière imposée à la fonction $V(x)$ et de la structure du système. Cependant, il existe des familles de fonctions de Lyapunov souvent utilisées et dont l'adoption dépend de la nature du système à étudier (systèmes linéaires, systèmes continus par morceaux, systèmes à retard, systèmes linéaires incertains, . . .).

Le choix le plus classique consiste à choisir une fonction de Lyapunov sous forme quadratique

$$V(x) = x^T P x, P > 0 \text{ symétrique.}$$

Théorème de stabilité locale

Le premier théorème en relation avec la fonction de Lyapunov est le résultat de stabilité local autour du point d'équilibre. Nous énonçons ce théorème :

Théorème 3 (Lyapunov, 1892)[17]. Soit $x_e = 0$ un point d'équilibre du système (1.3) et D un ouvert de \mathbb{R}^n , contenant x_0

Soit $V : D \rightarrow \mathbb{R}$ une fonction continûment différentiable telle que :

i) $V(0) = 0$ et $V(x) > 0$ dans $D - \{0\}$

ii) $\dot{V}(x) \leq 0$ dans D , alors $x_0 = 0$ est stable.

Si de plus on a : iii) $\dot{V} < 0$ dans $D - \{0\}$ alors $x_0 = 0$ est asymptotiquement stable.

Théorème de stabilité globale

Nous avons vu que la stabilité locale signifie la stabilité pour toute condition initiale x_0 dans un voisinage D du point d'équilibre, et la stabilité globale celle pour tout $x_0 \in \mathbb{R}^n$. La question est de savoir s'il suffit de remplacer D par \mathbb{R}^n , et vérifier les hypothèses du théorème de Lyapunov afin de conclure sur la stabilité globale du système. La réponse est non, par conséquent, il faut une condition supplémentaire. Pour que l'on puisse garantir que le théorème de Lyapunov conclut sur la stabilité globale d'un système, il faut d'une part que toutes les hypothèses de ce théorème soient satisfaites, et d'autre part il faut également que la condition de bornitude radiale existe, c'est-à-dire

$$V(x) \rightarrow \infty \text{ lorsque } \|x\| \rightarrow \infty$$

Dans ce cas, on dit que V est radialement non bornée. Le théorème suivant, récapitule ces conditions :

Théorème 4 (stabilité globale)[17] soit $x_0 = 0$ un point d'équilibre pour le système (1.3). Soit $V : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$ une fonction de classe C^1 vérifiant :

$$V(x) > 0 \quad \forall x \neq 0, V(0) = 0.$$

$$\dot{V}(x) < 0 \quad \forall x \neq 0,$$

$$\|x\| \rightarrow \infty \implies V(x) \rightarrow \infty.$$

alors $x_0 = 0$ est globalement asymptotiquement stable.

1.3 Notion d'Observateur

Définition 18 : *Un observateur ou reconstituteur d'états est un système dynamique auxiliaire permettant de donner une estimation de la valeur de l'état non mesuré d'un système à partir des entrées de commande et des sorties mesurées. En automatique, l'observateur joue un rôle primordial dans la synthèse des lois de commande, la surveillance des processus afin de détecter une défaillance ou encore la supervision des procédés dans le but d'entreprendre une action appropriée. En effet, le problème de la synthèse d'observateurs a été établi afin d'obtenir des valeurs d'états qui ne sont pas disponibles. La conception d'un observateur suppose l'existence d'un modèle mathématique permettant de décrire le comportement du processus, i.e. de décrire les relations entre les variables du système. Avec un tel modèle, les trajectoires des variables non mesurées du système peuvent être estimées via cet observateur.*

Définition 19 : *Observateur adaptatif*

Un observateur adaptatif est un algorithme récursif pour l'estimation conjointe de l'état et des paramètres d'un système dynamique.

1.3.1 Observateur adaptatif linéaire

Considérons le système dynamique suivant :

$$\dot{x} = f(x, u, \theta), \quad (1.4)$$

avec x l'état du processus, u le contrôle d'entrée et θ un vecteur de paramètres constants à estimer [15]. A présent, on suppose que l'état et les vecteurs de contrôle sont disponibles pour l'utilisation de l'estimation du vecteur de paramètres

Si le processus dynamique (1.4) est linéaire, on a :

$$\dot{x} = Ax + F\theta + Bu, \quad (1.5)$$

avec x l'état disponible pour les mesures, un observateur réduit à la réception peut être utilisé pour estimer θ . En utilisant la théorie standard [5], il est trouvé que l'observateur linéaire réduit est donné par :

$$\hat{\theta} = Kx + z, \quad (1.6)$$

où

$$\dot{z} = -K(Ax + F\hat{\theta} + Bu), \quad (1.7)$$

avec K une matrice choisie pour assurer la convergence de l'erreur e d'estimation à zéro.

Définition 20 : *(Erreur)*

Par définition de l'erreur on a :

$$e := \theta - \hat{\theta} \quad (1.8)$$

1.3.2 Observateur adaptatif non linéaire

Il généralise l'observateur linéaire. Il se définit par :

$$\hat{\theta} = \phi(x) + z, \quad (1.9)$$

où

$$\dot{z} = -\Phi(x)f(x, u, \hat{\theta}), \quad (1.10)$$

avec $\phi(x)$ une fonction non linéaire appropriée et $\Phi(x)$ sa matrice jacobien :

$$\Phi(x) = \left[\frac{\partial \phi_i(x)}{\partial x_j} \right]. \quad (1.11)$$

La fonction $\Phi(x)$ joue le rôle de la matrice gain K comme dans le cas de l'observateur linéaire réduit. Pour l'observateur non linéaire, l'utilisation de la fonction non linéaire $\phi(x)$ est important et $L(t) = \Phi(x)F(x, u)$, une matrice définie positive avec $F(x, u) = \left[\frac{\partial f(x, u, \theta)}{\partial \theta_j} \right]$.

Le choix de Φ assure la convergence de l'erreur d'estimation vers zéro avec une vitesse souhaitée. En effet, comme θ est supposée constant, l'erreur d'estimation définie en (1.8), évolue selon :

$$\dot{e} = -\dot{\hat{\theta}} \quad (1.12)$$

$$= -\Phi(x)\dot{x} + \dot{z} \quad (1.13)$$

$$= -\Phi(x)[f(x, u, \theta) - f(x, u, \theta - e)]. \quad (1.14)$$

L'équation (1.14) va dans la mesure où l'on peut procéder en général à l'analyse exacte d'estimation. Cependant, il arrive souvent que la dynamique du processus (1.4) soit affine dans le vecteur paramètres θ , c'est-à-dire :

$$f(x, u, \theta) = F(x, u)\theta + g(x, u), \quad (1.15)$$

où $F(x, u)$ est la matrice jacobienne de $f(x, u, \theta)$ par rapport au vecteur paramètre θ , $F(x, u) = \left[\frac{\partial f(x, u, \theta)}{\partial \theta_j} \right]$.

Lorsque (1.15) s'applique, il peut être utilisé pour réduire (1.14) à une équation linéaire homogène.

$$\dot{e} = -\Phi(x)F(x, u)e = -L(t)e, \quad (1.16)$$

où

$$L(t) = \Phi(x(t))F(x(t), u(t)). \quad (1.17)$$

L'équation différentielle pour la propagation de l'erreur d'estimation e des paramètres est linéaire, mais puisque la matrice $L(t)$ varie dans le temps à travers $x(t)$ et $u(t)$, la stabilité asymptotique de (1.16) n'est pas équivalente aux valeurs propres de (1.17) étant dans le demi-plan ouvert gauche. D'une part, le caractère variable de L dans le temps permet à (1.16) d'être asymptotiquement stable même lorsque $L(t)$ est singulier, d'autre part $x(t)$ doit être « constamment existant » au sens habituel du contrôle adaptatif (Astrom et Wittenmark, 1990)[3]. Si $\Phi(\cdot)$ peut être choisit telque $L(t)$ soit une matrice symétrique semi-définie positive, c'est à dire

$$L(t) = C'(t)C(t), \quad (1.18)$$

alors une condition suffisante qui converge l'erreur vers zéro est :

$$J(T, t) := \int_t^T (L(X(\tau))d\tau) \text{ est non singulier pour tout } T > T_0 \quad (1.19)$$

et

$$\lim_{T \rightarrow \infty} J(T, t) = \infty. \quad (1.20)$$

La théorie de Lyapunov peut être utilisée pour vérifier cela. Pour une fonction de Lyapunov V utilisée comme candidat avec

$$V = e'e, \quad (1.21)$$

alors

$$\frac{dV}{dt} = 2e'e = -2e'Le = -2e'C'Ce < 0. \quad (1.22)$$

De plus $\frac{dV}{dt} = 0$ uniquement lorsque $q(t) = c(t)e(t) = 0$ pour tout t . Ce qui n'est pas possible si (1.19) est vérifié (Morgan et Narendra 1977)[10]. Une manière possible (mais sûrement pas la seule) est de sélectionner $\phi(\cdot)$ lorsque $F(\cdot)$ ne pas dépend de U et de satisfaire

$$\Phi(x) = F'(x)V, \quad (1.23)$$

où V est une matrice définie positive (notez que (1.23) est un ensemble d'équations aux dérivées partielles du premier ordre pour les éléments de $\phi(\cdot)$). Lorsque $\Phi(\cdot)$ satisfait (1.23)

$$L(x(t)) = F'(x(t))VF(x) \quad (1.24)$$

qui est la forme de (1.18). Dans certain cas, il est peut être souhaitable ou nécessaire d'inclure l'entrée u dans la fonction non linéaire $\phi(\cdot)$. Cela nécessite la modification de (1.10). Dans ce cas, on a :

$$\Phi(x, u) = \left[\frac{\partial \phi_i(x, u)}{\partial x_j} \right] \quad (1.25)$$

$$\Psi(x, u) = \left[\frac{\partial \phi_i(x, u)}{\partial u_j} \right]. \quad (1.26)$$

Ensuite, au lieu de (1.9) et (1.10), l'algorithme d'estimation suivante est utilisé :

$$\hat{\theta} = -\phi(x, u) + z, \quad (1.27)$$

$$\dot{z} = -\Phi(x, u)f(x, u, \hat{\theta}) - \Psi(x, u)\dot{u}. \quad (1.28)$$

Une analyse similaire à celle effectuée pour le cas où $\phi(\cdot)$ ne contient pas u montre que (1.16) reste valable pour (1.27) et (1.28). La modification de l'algorithme de (1.9) et (1.10) semble nécessiter la dérivée de l'entrée de commande, bien que l'entrée de commande soit disponible pour être utilisée dans la mise en oeuvre de (1.27) et (1.28), sa dérivée peut ne pas être facilement disponible. En principe, elle peut être calculée à partir de la dynamique connue du processus. Supposons par exemple qu'une loi de commande linéaire soit utilisée

$$u = -Gx \quad (1.29)$$

où G est une matrice gain constante, dans ce cas la dérivée du contrôle est donnée par :

$$\dot{u} = G\dot{x} = -Gf(x, u, \theta) \quad (1.30)$$

qui contient un paramètre inconnue θ . Si (1.30) est mise en oeuvre en utilisant le paramètre estimé $\hat{\theta}$, l'annulation requise des \dot{u} pour arriver à (1.16) et non de changer la dynamique. La présence du terme de forçage, qui est proportionnel à \dot{u} peut empêcher l'erreur d'estimation de converger vers zéro mais ne la fera pas diverger. Dans les applications où l'entrée de commande s'approche d'une constante, le terme de forçage ira à zéro. Cela garantira l'erreur de passer également à zéro.

Chapitre 2

Modèle mathématique de la peste bubonique chez les humains

Dans ce chapitre, nous allons présenter le modèle SIR de la peste bubonique en spécifiant les différents paramètres qui y sont utilisés ainsi que les hypothèses faites sur ces paramètres. Ensuite, nous calculerons la valeur théorique du taux de transmission puis nous donnerons des remarques importantes concernant le nombre d'incidence de la maladie.

2.1 Manifestation clinique, propagation et traitement de peste bubonique

La peste est une maladie qui sévit toujours en Afrique, en Asie et en Amérique, elle fait partie des maladies émergentes dans le monde.

Elle est une infection bactérienne aïgue causée par : la bacille yersinia pestis. Il s'agit d'une zoonose, touchant principalement les rongeurs sauvages ou prédomestiques (rats). La maladie est transmise de rongeur à rongeur par une piqûre d'une puce vectrice (figure 1a). L'infection humaine ne présente qu'un épiphénomène de ces enzooties. Lorsqu'un être humain est piqué par une puce d'un rongeur infecté, il développe un syndrome infectieux sévère accompagné d'une adénopathie volumineuse et exquisément douloureuse dans le territoire de drainage du point de piqûre de la puce. Cette adénopathie est appelée bubon. Une peste bubonique non traitée est fatale, généralement en moins d'une semaine, le nombre de cas d'infection peut aller jusqu'à 40% à 70%.

Une complication possible de la peste bubonique est le développement d'une pneumopathie pesteuse, ou peste pulmonaire. Cette maladie d'évolution foudroyante, constamment mortelle en absence de traitement précoce, est directement contagieuse d'homme à homme par le biais des gouttelettes respiratoires émises lors de la toux (figure 1a).

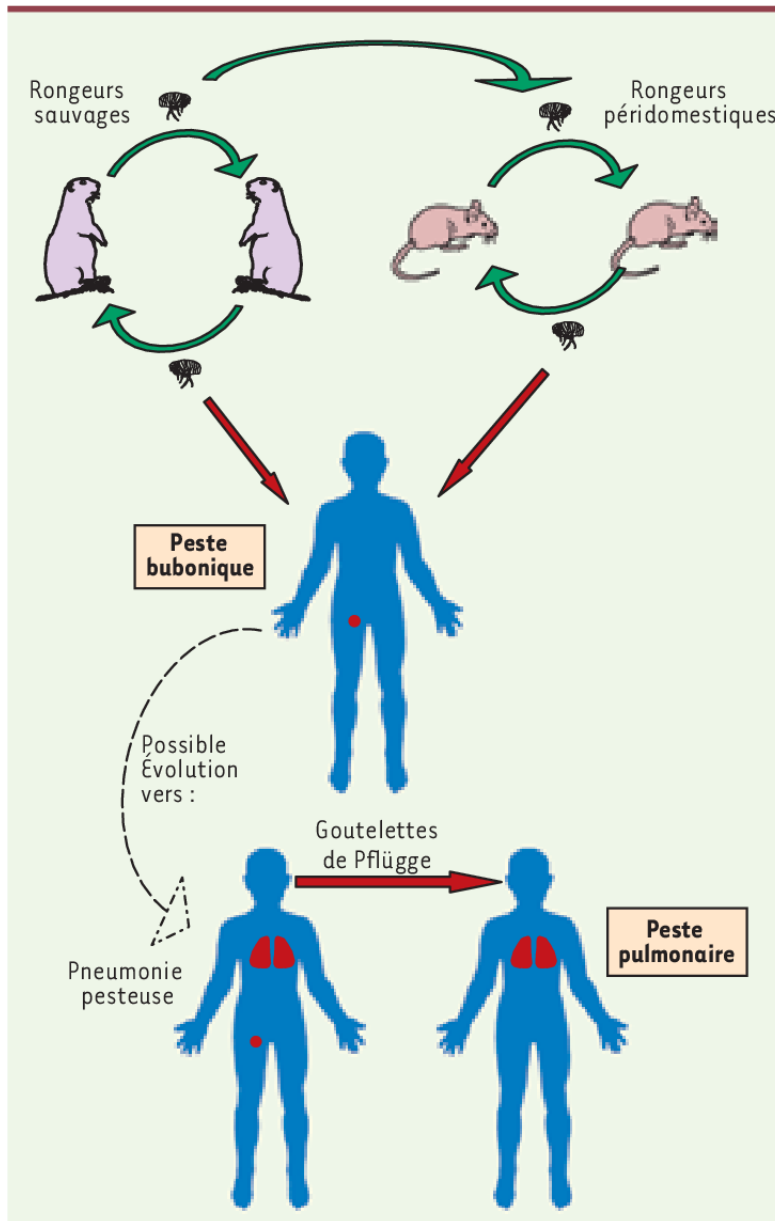


figure1a : La peste, zoonose touchant principalement des rongeurs, sauvages ou domestiques (rats), transmise de rongeur à rongeur par une piqûre d'une puce vectrice.

2.2 Description du modèle SIR de la peste bubonique

Définition 21 :

Un compartiment désigne deux types d'abstractions :

**Une région de l'espace délimitée par des barrières et une grandeur physique qui a une propriété d'homogénéité dans cette région.*

* Une substance ou grandeur physique sans localisation précise

Le compartiment peut être alors quelque chose de fictif par exemple, il peut s'agir d'un médicament présent dans le sang ou dans un organe, il peut aussi s'agir de l'ensemble des individus porteur d'un pathogène dans une population donnée.

Définition 22 : (Nombre d'incidence)

c'est le nombre de nouveaux cas de malades observés sur une période donnée.

2.2.1 Description des compartiments et paramètres du modèle

Le modèle SIR est divisé en trois catégories d'individus $S(t)$, $I(t)$ et $R(t)$ qui désignent respectivement :

- * la classe des susceptibles ou sains pendant une durée de temps t
- * la classe des infectées pendant une durée de temps t
- * la classe des rétablis ou de morts liée à la maladie pendant une durée de temps t

Pour ce modèle, nous avons deux types de paramètres :

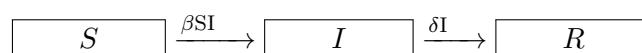
- * β : est le taux d'infection des personnes susceptibles
- * δ : est le taux de guérison et de mort des personnes infectées

2.2.2 Hypothèses du modèle

Un modèle mathématique est basé sur des hypothèses. Dans ce modèle nous avons les hypothèses de base suivantes :

- * une personne guérie acquiert l'immunité c'est-à-dire qu'il ne peut plus à nouveau contracter la maladie.
- * on ne tient pas compte de la mortalité naturelle
- * le nombre de personnes infectées pour une durée de temps t est de βSI qui représente le taux d'incidence ou fonction d'incidence
- * le nombre de personnes retirées (guéries ou mort) proportionnel au taux de contamination est de δI .
- * la période de temps que l'on considère est suffisamment courte que l'on peut négliger la démographie (on parle aussi de modèle sans dynamique vitale)

Avec toutes les conditions ci-dessus, le schéma de type SIR de la maladie est donné par :



Titre : Diagramme du modèle épidémique SIR.

2.2.3 Modélisation Mathématique du diagramme du modèle épidémique SIR

Maintenant que les bases sont posées, nous pouvons passer au modèle mathématique. Il définit la manière dont évolue chaque catégorie S, I et R. Étudier une évolution c'est étudier une variation. Or une variation en mathématique se définit par la dérivée. Ici elle se fait en fonction du temps t.

Pour rappel $f'(x) = \frac{df}{dx}$

NB : le signe négatif dans le modèle mathématique traduit une diminution d'individus dans le compartiment correspondant à l'équation.

Ainsi, le modèle mathématique correspondant au diagramme est le suivant :

$$\begin{cases} \dot{S}(t) = -\beta SI \\ \dot{I}(t) = \beta SI - \delta I \\ \dot{R}(t) = \delta I. \end{cases} \quad (2.1)$$

2.3 Estimation du nombre d'incidence (βSI) par la méthode algébrique

Dans le modèle (2.1), afin de prédire le nombre de nouveaux cas d'infection de la maladie, il faut estimer la valeur de βSI autrement dit le nombre d'incidence. En réalité, dans les premières maladies infectieuses émergentes, le coefficient du taux d'infection β n'est pas connu, donc pour que le modèle dynamique des maladies infectieuses estime l'incidence de la maladie, on utilise une méthode algébrique pour résoudre les équations différentielles et l'analyse mathématique pour obtenir la valeur de β , puis déterminer la valeur de βSI du système (2.1).

* Détermination de la valeur théorique de β puis de βSI

En effet, on peut réduire le système SIR au système SI puisque les deux premières équations du système ne dépendent pas de la variable R.

On a le modèle suivant :

$$\begin{cases} \dot{S} = -\beta SI \\ \dot{I} = \beta SI - \delta I. \end{cases} \quad (2.2)$$

*Déterminons l'expression théorique de la variable I

$$\frac{\dot{I}}{\dot{S}} = \frac{\beta SI - \delta I}{-\beta SI} \quad (2.3)$$

$$\frac{\dot{I}}{\dot{S}} = -1 + \frac{\delta}{\beta S} \quad (2.4)$$

$$\dot{I} = -\dot{S} + \frac{\delta \dot{S}}{\beta S} \quad (2.5)$$

$$\frac{dI}{dt} = -\frac{dS}{dt} + \frac{\delta}{\beta} \frac{dS}{S dt} \quad (2.6)$$

$$dI = -dS + \frac{\delta}{\beta} \frac{dS}{S} \quad (2.7)$$

$$\int_{t_0}^t dI = -\int_{t_0}^t dS + \frac{\delta}{\beta} \int_{t_0}^t \frac{dS}{S} \quad (2.8)$$

$$I(t) - I(t_0) = -(S(t) - S(t_0)) + \frac{\delta}{\beta} (\ln S(t) - \ln S(t_0)) \quad (2.9)$$

$$= -(S(t) - S(t_0)) + \frac{\delta}{\beta} \ln \frac{S(t)}{S(t_0)}. \quad (2.10)$$

Donc, on a

$$\boxed{I(t) - I_0 = -(S(t) - S_0) + \frac{\delta}{\beta} \ln \frac{S(t)}{S_0}} \quad (2.11)$$

Quand $t \rightarrow \infty$, on a : $I(t) \rightarrow 0$ et $S(t) \rightarrow S_\infty$

$$-I_0 = -(S_\infty - S_0) + \frac{\delta}{\beta} \ln \frac{S_\infty}{S_0} \quad (2.12)$$

$$-I_0 + S_\infty - S_0 = \frac{\delta}{\beta} \ln \frac{S_\infty}{S_0} \quad (2.13)$$

$$\beta = \frac{\delta (\ln S_\infty - \ln S_0)}{S_\infty - I_0 - S_0} = \frac{(\ln S_0 - \ln S_\infty)}{I_0 + S_0 - S_\infty} \quad (2.14)$$

d'où

$$\boxed{\beta = \frac{(\ln S_0 - \ln S_\infty)}{I_0 + S_0 - S_\infty}} \quad (2.15)$$

L'expression théorique de l'incidence est :

$$\theta = \frac{(\ln S_0 - \ln S_\infty)}{I_0 + S_0 - S_\infty} SI. \quad (2.16)$$

L'estimation ci-dessus de l'incidence est inadéquate dans l'utilisation réelle. Dans cette première méthode d'estimation de l'incidence de la maladie, on a besoin de savoir quand l'épidémie prendra fin et éventuellement savoir le nombre de personnes sensibles (susceptibles) à cette date, donc β est estimé à la fin de l'épidémie, plutôt qu'au cours de la transmission de la maladie, or Pour donner des mesures de prévention, on a besoin d'avoir des résultats en temps réel. Dans la pratique, le taux d'infection β dépend non seulement du type de maladies, mais aussi des circonstances individuelles dans lesquelles les personnes et l'environnement social humain sont infectés.

Chapitre 3

Synthèse d'observateur pour l'estimation de la fonction d'incidence du modèle SEIR

Dans ce chapitre, nous allons utiliser la théorie du contrôle pour mettre en place un observateur non linéaire rappelé dans le chapitre I.

Notre objectif est d'estimer le nombre d'incidence au moyen de l'observateur. Notre modèle de départ sera amélioré en considérant une autre variable d'états $E(t)$ et le terme de contrôle u qui traduit le taux de vaccination.

3.1 Description du modèle SEIR

3.1.1 Description des variables et paramètres du modèle

Le modèle SEIR est divisé en quatre catégories d'individus $S(t)$, $E(t)$, $I(t)$, $R(t)$ qui désignent respectivement :

- * la classe des susceptibles ou sains pendant une durée de temps t
- * la classe des contaminés ne présentant pas les symptômes de la maladie (période d'incubation du virus) pendant une durée t
- * la classe des infectés présentant les symptômes de la maladie pendant une durée de temps t
- * la classe des rétablis ou guéris pendant une durée de temps t

Pour le modèle ci-dessous nous avons les paramètres suivants :

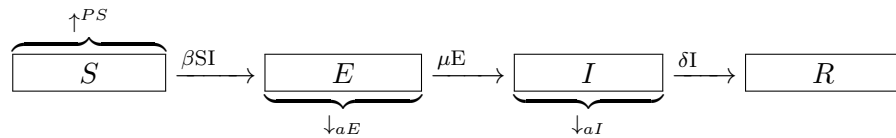
- * p est le taux de vaccination
- * β est le taux de contamination de la maladie

- * a est le taux de mortalité des personnes contaminées
- * μ est le taux des personnes infectées qui manifestent les signes de la maladie
- * δ est le taux de guérison ou d'immunisation

3.1.2 Hypothèses du modèle

- * Les personnes vaccinées et les personnes guéries de la maladie acquièrent l'immunité
- * La maladie possède une période d'incubation
- * Les personnes nouvellement infectées rentrent immédiatement dans une période d'incubation
- * Les personnes en incubations peuvent mourir de la maladie avec un taux de mortalité a , de même que les personnes en état d'infection
- * Les personnes en état d'incubation peuvent passer à un état beaucoup plus critique appelé état d'infection avec un taux μ
- * Les personnes infectées peuvent être guéries avec un taux δ .

Avec les hypothèses ci-dessus, le schéma de type SEIR de la maladies infectieuse est le suivant :



Titre : Diagramme du modèle épidémique avec temps de latence.

3.1.3 Modélisation Mathématique du diagramme du modèle épidémique SEIR

En tenant en compte des hypothèses précédentes et la forme du diagramme ci-dessus, nous avons le système mathématique suivant :

$$\begin{cases} \dot{S} = -\beta SI - pS \\ \dot{E} = \beta SI - \mu E - aE \\ \dot{I} = \mu E - \delta I - aI \\ \dot{R} = \delta I. \end{cases} \quad (3.1)$$

3.2 Estimation du nombre d'incidence (βSI) au moyen de l'observateur non linéaire

Etant donné que notre incidence de la maladie à estimer est principalement βSI , nous pouvons considérer seulement les deux premières équations du système (3.1) et en posant $\theta = \beta SI$, le paramètre d'incidence de la maladies à estimer. De plus, dans la pratique l'immunisation des susceptibles peut être contrôlée, de sorte que le modèle peut être vu comme un système de contrôle des facteurs du pouvoir de l'immunisation pouvant s'écrire sous la forme $\dot{x}(t) = f(x, u, \theta)$ avec x l'état du processus, u le contrôle de sortie et θ un vecteur de paramètres constants à estimer. Soit $u = pS$, on a donc le système simplifié suivant :

$$\begin{cases} \dot{S} = -\theta - u \\ \dot{E} = \theta - \mu E - aE. \end{cases} \quad (3.2)$$

En accord avec la méthode d'estimation des paramètres du système pour l'observateur non linéaire (1.9), (1.10), le système (3.2) est utiliser pour établir un observateur non linéaire suivant :

$$\hat{\theta} = \phi(E) + Z, \quad (3.3)$$

avec,

$$\dot{Z} = \Phi(E)((\mu + a)E - \hat{\theta}), \quad (3.4)$$

où E est la variable d'état de l'observateur, $\hat{\theta}$ est l'estimateur du nombre d'incidence et $\phi(E)$ est une fonction non linéaire avec $\Phi(E)$ sa matrice Jacobienne.

Comme le système (3.2) n'a qu'un seul paramètre θ à estimer, donc pour l'observateur (3.2), on prend la fonction $\phi(E) = KE$, donc la matrice jacobienne correspondante est $\Phi(E) = K$ et $L(t) = K$. Evidemment, lorsque $K > 0$, L est définie positive, ainsi les conditions d'estimation des paramètres de l'observateur non linéaire sont satisfaites.

3.3 Simulation numérique

La simulation de l'observateur non linéaire de l'incidence de la maladie infectieuse est exprimée dans les figures suivantes, avec K qui vaut respectivement 0.5, 2 et 12 comparer avec la courbe de la valeur de l'incidence βSI du modèle SIR. Pour estimer la valeur numérique de l'observateur on considère les paramètres suivants : $\beta = 0.02$, $\mu = 0.2$, $a=0.05$.

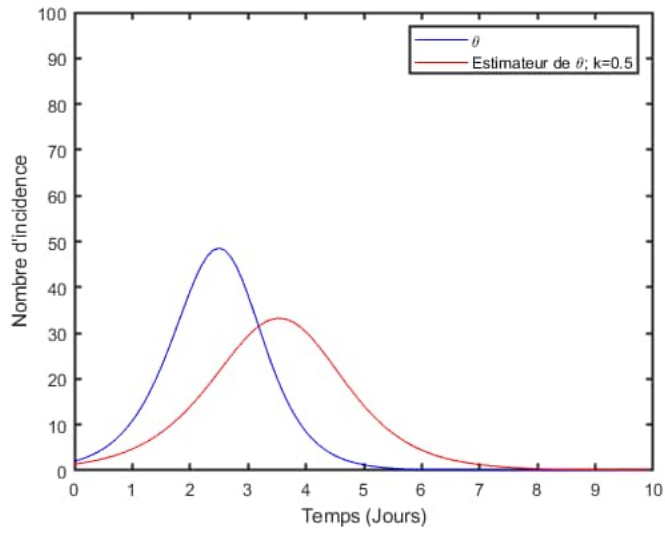


FIGURE 3.3.1 – Courbe représentative du nombre d’incidence du diagramme de simulation du modèle épidémique avec $k=0.5$.

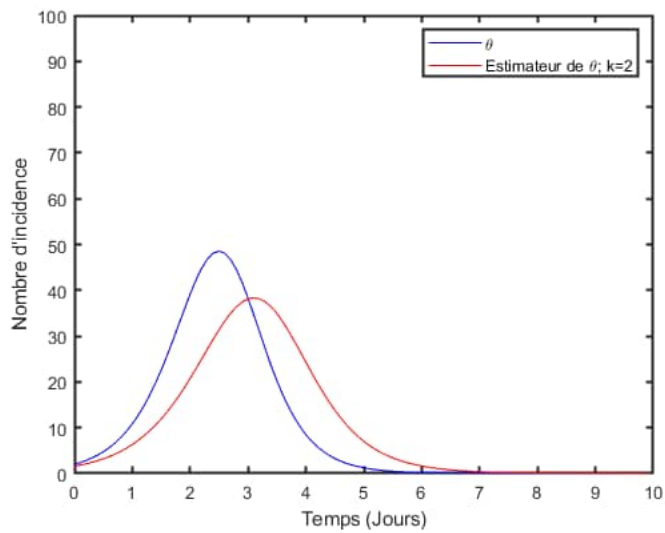


FIGURE 3.3.2 – Courbe représentative du nombre d’incidence du diagramme de simulation du modèle épidémique avec $k=2$.

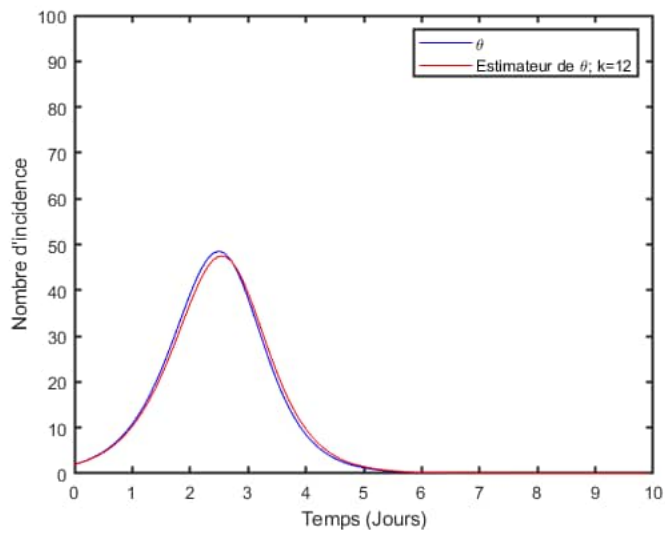


FIGURE 3.3.3 – Courbe représentative du nombre d'incidence du diagramme de simulation du modèle épidémique avec $k=12$.

On constate que la courbe de l'observateur converge vers la courbe représentative du nombre d'incidence pour $K=12$.

Conclusion

Dans ce travail, nous nous sommes intéressés à étudier des techniques pour déterminer la force d'infection (incidence) de la peste bubonique chez les humains.

Dans le premier chapitre, nous avons fait l'essentiel des rappels sur les équations différentielles ordinaires, la théorie de Lyapunov et la notion des observateurs de la théorie de contrôle.

L'essentiel du travail de ce mémoire a été fait dans le deuxième et le troisième chapitre.

Dans la première section du chapitre 2, nous avons étudié l'agent pathogène responsable de la peste bubonique : la bacille *Yersinia pestis*. Nous avons décrit les différents modes de transmissions de la peste bubonique. Dans la deuxième section, nous nous sommes consacrés à la mise en oeuvre du modèle à partir des hypothèses sur lesquelles se sont basées les auteurs pour établir ce dernier. Les paramètres du modèle ont été aussi décrits et bien détaillés dans cette même partie. Dans la troisième section, nous avons utilisé les méthodes algébriques pour déterminer la valeur théorique de la force d'infection de la maladie. Nous avons vu que dans la pratique, l'utilisation de cette méthode présente beaucoup d'insuffisance car le taux d'infection ne peut être connu qu'à la fin de l'épidémie. Le nombre d'incidence est donc obtenu à la fin de l'épidémie plutôt qu'au cours de la transmission de la maladie. Cela veut dire que les agents de santé auront vraiment du mal à alerter l'ordre public du niveau de contamination de la population.

Dans le chapitre 3, nous nous sommes intéressés à la mise en place du modèle amélioré de la peste bubonique. La première section de ce chapitre a été consacrée à la description des paramètres et la mise en oeuvre du nouveau modèle mathématique. Dans la deuxième partie du chapitre, nous avons construit un observateur pour estimer le nombre d'incidence de la maladie (force d'infection) en fonction du temps.

Bibliographie

- [1] Alexander M.E, and Moghadas S.M . *Mathematical Biosciences*, v.189, n.1, pp75-96, May 2004.
- [2] Alves O. , and Ferreira C.E. *Mathematics and Computers in Simulation*, V.64, n.1, pp.609-616, January, 2004.
- [3] Astrom, K. J. and Wittenmark, B. *Adaptive control*, 1990
- [4] D'onofrio A. .*Mathematical and Computer Modelling*, v.36, n.1, pp.473-489, April, 2002.
- [5] Franklin, G. F.,powell, J.D. and Emami-Naeini, A.*Feedback control of Dynamic systems*, 1986
- [6] Friedland B. *Automatica*, V.33,n.8, pp.1525-1530, August, 2009.
- [7] Kermack .W. O. , and Makendrick A G. *Proc. Roy. Soc. A*, v.115, n.2, pp.700-712, May, 1927.
- [8] Khalil H K. *Automatic Control*, V.41, n.2, pp.177-188. February, 1996.
- [9] Marino R., and Tomei P. *Automatic Control*, V.37, n.8, pp.1239-1245, August, 1992.
- [10] Morgan, A. R. and Narendra, K.S. *On the uniform asymptotic stability of non autonomous differential equations. SIAMJ. control optim*, V.15,PP.5-23. 1977
- [11] Onofri A. *Math. Biosci.* V.179, n.2, pp.57-72. February, 2002.
- [12] Ragett G F. *Journal of Applied Statistics*, V.9, n.2, pp.221-226, February, 1982.
- [13] Rapport sur le covid 19 disponible sur [http ://covid-ete.ouvaton.org/Rapport7 resume.html](http://covid-ete.ouvaton.org/Rapport7_resume.html).
- [14] R. Ross, The prevention of malaria, John Murray, (1911).
- [15] Pergamon. *Automatica*, vol.33, No.8 pp.1525-1530, 1997
- [16] John H Hubbard and Beverly H West. *Differential equations : a dynamical systems approach : higher-dimensional systems, volume 18. Springer Science et Business Media*, 2012.
- [17] C. Bennani. *Stabilisation et estimation d'état des systèmes dynamiques non linéaire et application. Master's thesis, Univ-Mouloud Mammeri*, 2011.