جامعة سيدي محمد بن عبد الله بفاس
ⵜⴰⵙⴷⴰⵡⵉⵜ ⵙⵉⴷⵉ ⵎⵓⵃⴰⵎⵎⴷ ⴱⵏ ⵄⴱⴷⵍⵍⴰⵀ ⴷ ⴼⴰⵙ
UNIVERSITE SIDI MOHAMED BEN ABDALLAH DE FES
كلية العلوم ظهر المهراز فاس
ⵜⴰⵖⵣⵍⵜ ⵏ ⵜⵣⵔⴼⵜ ⵎⵓⵃⴰⵎⵎⴷ ⵄⵍⵍⴰⵀ ⵎⵓⵔⵉⵣ ⴼⴰⵙ
FACULTE DES SCIENCES DHAR EL MEHRAZ FES

Formation Doctorale : STIC

Discipline : Mathématiques

Spécialité : Modélisation stochastique et statistique

Laboratoire : Informatique Modélisation et systèmes

THESE DE DOCTORAT

Présentée par

Ali EL MYR

Processus épidémiques : Modélisation stochastique, simulation et inférence

Soutenue le 29 février 2020 devant le jury composé de :

Pr. ZAKI Moncef	***Faculté des Sciences DM, Fès***	***Président***
Pr. Lahcen OMARI	***Faculté des Sciences DM, Fès***	**Directeur de thèse**
Pr. TAIB Ziad	***University of Götenburg, SUÈDE***	***Rapporteur***
Pr. JARRAR OULIDI Abderrahmane	***Faculté des Sciences DM, Fès***	***Rapporteur***
Pr. EZZAKI Fatima	***Faculté des Sciences et Techniques, Fès***	***Rapporteur***
Pr. BENABDELLAH Mohsine	***Faculté des Sciences, Kénitra***	**Examinateur**
Pr. ZOGLAT Abdelhak	***Faculté des Sciences, Rabat***	**Examinateur**
Pr. LAHROUZ Aadil	***Faculté des Sciences et Techniques, Tanger***	**Invité**

Année universitaire : 2019-2020

Remerciements

La réalisation de ce travail a été possible grâce au concours de plusieurs personnes à qui je voudrais témoigner toute ma gratitude.

Je tiens tout d'abord à remercier vivement le Professeur OMARI Lahcen, mon directeur de thèse, soyez assuré de mon grand respect et de ma profonde gratitude.

Je tiens également à remercier le professeur TAIB Ziad, le professeur JARRAR OULIDI Abderrahmane et le professeur EZZAKI Fatima qui ont accepté d'évaluer ce travail et d'en être les rapporteurs.

Je voudrais remercier également le professeur ZAKI Moncef d'avoir accepté d'être président du jury.

Mes sincères remerciements vont aussi au professeur BENABDALLAH Mohsine, au professeur ZOGLAT Abdelhak et au professeur LAHROUZ Aadil pour l'honneur qu'ils m'ont fait par leur participation à mon jury de thèse.

Et je n'oublierai pas de remercier le professeur RAIS Noureddine pour son aide et ses conseils.

Je témoigne toute ma gratitude à mes parents, pour leur soutien constant et leur amour.

Á titre plus personnel, je tiens à témoigner ma reconnaissance à ma femme et mes petits enfants Iyad et Amani pour leur affection et leur soutien.

Enfin, un grand merci à mes frères et sœurs, à ma belle famille, à ma grande famille et à mes amis.

Dédicace

Á Adil El Myr.

Résumé

Comprendre la propagation des maladies infectieuses est un enjeu important pour prévenir les épidémies majeures. La modélisation mathématique, et particulièrement la modélisation stochastique, permet d'établir des critères assureront le contrôle de la maladie.

Dans cette thèse on a étudié trois modèles épidémiques : le premier met l'accent sur le phénomène de rechute. Ainsi nous avons considéré un système stochastique SIR avec un taux de rechute non linéaire pour modéliser l'influence des individus infectés sur les récupérés. Le seuil $\mathscr{R}_{\mathrm{T}}$ qui détermine le comportement du système considéré est trouvé. Plus précisément , si $\mathscr{R}_{\mathrm{T}} < 1$ la maladie va disparaître de la population avec probabilité un. Tandis que $\mathscr{R}_{\mathrm{T}} > 1$ conduit à la persistance de la maladie avec une distribution stationnaire positive unique.
Dans un deuxième modèle nous proposons une extension des modèles épidémiques à l'étude de la propagation des virus informatiques dans un réseau alimenté par un antivirus. Dans un premier temps nous avons étudié la stabilité du système déterministe. Ensuite, nous avons considéré une version stochastique de ce système avec des bruits introduits dans deux paramètres et par le biais du seuil $\mathscr{R}_p$ nous avons établi le comportement du système considéré.
L'observation de tous les aspects d'une épidémie n'est pas réalisable dans la pratique, c'est pourquoi l'estimation des paramètres du modèle doit être faite.
Dans un troisième modèle nous utilisons une technique existante pour traiter ce problème, cette technique est fondée sur le principe de ML pouvant être mises en œuvre en l'absence d'expression explicite de la fonction de vraisemblance.

Des simulations numériques sont données pour illustrer nos résultats, ainsi que pour formuler certaines hypothèses.
Certaines conclusions sont tirées et des orientations futures sont données.

Mots-clés : Modèle Stochastique, Rechute, Stabilité, Fonction de Lyapunov, Formule d'Itô, Extinction, Virus Informatique, Semigroupe de Markov, Distribution Stationnaire, Estimation des Paramètres, Pseudo Maximum de Vraisemblance, Consistance, Normalité Asymptotique.

Abstract

Understanding the spread of infectious diseases is an important issue that prevents major epidemics. Mathematical modelling, and stochastic modelling in particular, provides several criteria for disease control.

In this thesis, we studied three epidemic models : The first one focuses on a stochastic model "SIR" with a nonlinear relapse rate to model the influence of the infected individuals on the recovered ones. The threshold ($\mathscr{R}_{\mathrm{T}}$) that determines the behavior of the considered system is found. More precisely, if ($\mathscr{R}_{\mathrm{T}} < 1$) the disease will disappear from the population with probability one. While ($\mathscr{R}_{\mathrm{T}} > 1$) leads to the persistence of the disease with a unique positive stationary distribution.
On the other hand, the second model proposes an extension of the epidemic models to the study of the propagation of computer viruses in a network equipped with an antivirus. At first, we studied the stability of the deterministic system. Then, we considered a stochastic version of this system with noises introduced in two parameters and through the threshold ($\mathscr{R}_p$) we established the behavior of the considered system.
Thus, the observation of all aspects of an epidemic is not possible in practice, therefore an estimation of the parameters of the model must be made. In a third model, we use a technique which already exists. In order to deal with this problem, this technique is based on the principle of "ML" that can be implemented in the absence of an explicit expression of the likelihood function.

Numerical simulations are given to illustrate our results, as well as to formulate certain hypotheses. Some conclusions are drawn and future directions are given.

Key words : Stochastic Model, Relapse, Stability, Lyapunov Function, Itô Formula, Extinction, Computer Virus, Markov Semigroup, Stationary Distribution, Parameter Estimation, Pseudo Maximum Likelihood, Consistency, Asymptotic Normality.

Table des matières

Table des matières xi

Liste des figures xiii

Liste des tableaux xv

1 Introduction 1
- 1.1 La modélisation des épidémies : un champ interdisciplinaire de recherche . 2
- 1.2 Des modèles déterministes aux modèles stochastiques 4
- 1.3 Simulations numériques 4
- 1.4 Estimation des paramètres 6
- 1.5 État de l'art et sujets de recherche de cette thèse 7
- 1.6 Références 11

2 Outils mathématiques 17
- 2.1 Équations différentielles ordinaires ([1]) 17
- 2.2 Équations différentielles stochastiques ([5]) 19
- 2.3 Mouvement brownien standard 22
- 2.4 intégrale stochastique 23
- 2.5 Équations différentielles stochastiques 24
- 2.6 Existence d'une distribution stationnaire 25
- 2.7 Semi-groupe de Markov 26
- 2.8 Estimation des paramètres 27
- 2.9 Références 30

3 Étude stochastique d'un modèle SIR avec rechute non linéaire 31
- 3.1 Formulation du modèle 32
- 3.2 Extinction de la maladie 33
- 3.3 Distribution stationnaire et récurrence positive 39
- 3.4 Conclusion et simulation numérique 43
- 3.5 Références 45

4 Étude déterministe et stochastique d'un modèle de réseau informatique 47
- 4.1 Introduction 48
- 4.2 Préliminaires 49
- 4.3 Étude déterministe 50
- 4.4 Étude stochastique 52
- 4.5 Discussions et simulaions numériques 61
- 4.6 Conclusion 63
- 4.7 Références 63

5 Un modèle SIS avec immigration : Étude stochastique et estimation des paramètres **65**
5.1 Introduction 66
5.2 Étude stochastique du modèle général SIS 68
5.3 Estimateur d'Euler-maximum de vraisemblance direct 78
5.4 Estimateur d'Euler-maximum de vraisemblance indirect 79
5.5 Convergence des estimateurs 83
5.6 Étude de cas : le SIDA au Maroc 85
5.7 Conclusion 87
5.8 Références 87

Liste des figures

1.1 Simulation numérique d'un chemin de la solution (S_t, I_t, R_t) du système (3.1.3) en utilisant le schéma de Milstein avec ($\sigma = 0,035$ gauche) , ($\sigma = 0,35$ droite) et des paramètres $\Lambda = 1$, $\beta = 0,01$, $\mu_1 = 0,066$, $\mu_2 = 0,066$, $\mu_3 = 0,0666$,, $\alpha = 0,16$, $\sigma_1 = 0,2$, $\sigma_2 = 0,25$ et $\sigma_3 = 0,21$. 6

3.1 Simulation numérique d'un chemin de la solution (S_t, I_t, R_t) du système (3.1.3) en utilisant le schéma de Milstein avec ($\sigma = 0,035$ gauche) , ($\sigma = 0,35$ droite) et des paramètres $\Lambda = 1$, $\beta = 0,01$, $\mu_1 = 0,066$, $\mu_2 = 0,066$, $\mu_3 = 0,0666$,, $\alpha = 0,16$, $\sigma_1 = 0,2$, $\sigma_2 = 0,25$ et $\sigma_3 = 0,21$. Dans cette situation $\mathscr{R}_T = 0,59 < 1$. Donc, la maladie disparaîtra de la population 43

3.2 Simulation numérique de la densité de la distribution stationnaire du système (3.1.3) pour différent valeurs de σ et des paramètres $\Lambda = 2$, $\beta = 0,02$, $\mu_1 = 0,066$, $\mu_2 = 0,066$, $\mu_3 = 0,0666$, , $\alpha = 0,16$, $\sigma_1 = 0,021$, $\sigma_2 = 0,02$ et $\sigma_3 = 0,023$. Dans cette situation $\mathscr{R}_T = 2,66 > 1$. 44

4.1 Simulation numérique d'un chemin de la solution $X(t); Y(t); Z(t); V_a(t)$ pour les modèles : stochastique (a) et déterministe (b) pour les paramètres de l' Exemple 1, et $(X(0); Y(0); Z(0); V_a(0)) = (2; 4; 3; 5)$ 62

4.2 La solution du modèle stochastique et ses histogrammes avec les paramètres de l'exemple 2, et les valeurs initiales $(X(0); Y(0); Z(0); V_a(0)) = (5; 1; 0,8; 0,45)$ 62

5.1 Simulation numérique d'un chemin $\big(S(t), I(t)\big)$ de la solution des modèles (5.1.1) (a) et (5.1.2) (b) pour $(S(0), I(0)) = (0,5, 0,7)$. Nous choisissons les paramètres dans les systèmes (5.1.1) et (5.1.2) comme suit : : $p = 0.001$, $A = 1$, $\beta = 0.01$, $\mu = 1.5$, $\gamma = 0.9$, $\alpha = 0.5$ et $\sigma = 0.35$. 69

5.2 Simulation numérique de la fonction de densité de la distribution stationnaire invariante du système (5.1.2) pour différentes valeurs de σ et pour $(S(0), I(0)) = (0.5, 0.4)$. Nous choisissons les paramètres dans les systèmes (5.1.2) comme suit : $p = 0.8$, $A = 10$, $\beta = 3$, $\mu = 1.5$, $\gamma = 0.2$, $\alpha = 0.5$. 70

5.3 Comportement dynamique de $N(t)$ et $r(t)$ pour les deux convolutions c^1 et c^2 et pour des ensembles aléatoires de paramètres et de conditions initiales. Pour (a1) et (b1) : $A = 2, \mu = 1, \sigma = 0,4, N_0 = 1$, avec, la convolution c_1 pour (a1) et c_2 pour (b1). Pour (a2) et (b2) : $A = 2,5, \mu = 1,5, \sigma = 0,3, N_0 = 2$, avec, la convolution c_1 pour (a2) et c_2 pour (b2). Pour (a3) et (b3) : $A = 3, \mu = 0,7, \sigma = 0,1, N_0 = 4$, avec , la convolution c_1 pour (a3) et c_2 pour (b3). $K = 1200$ dans toutes les simulations. 82

Liste des tableaux

5.1 Evolution des personnes prédisposées au SIDA et des personnes infectées par le SIDA dans la population active sexuelle durant la période de 1986 à 2014. 86
5.2 Simulation d'estimateurs pour la première et la deuxième technique à l'aide de la base de données VIH du Maroc au tableau 5.1 87

Chapitre 1

Introduction

Sommaire

1.1 La modélisation des épidémies : un champ interdisciplinaire de recherche 2
1.2 Des modèles déterministes aux modèles stochastiques 4
1.3 Simulations numériques 4
1.4 Estimation des paramètres 6
1.5 État de l'art et sujets de recherche de cette thèse 7
1.6 Références 11

1.1 La modélisation des épidémies : un champ interdisciplinaire de recherche

La propagation des maladies infectieuses a toujours été une préoccupation voire une menace pour la santé publique. Car elle a causé de graves problèmes pour la survie des êtres humains et d'autres espèces, ainsi que pour le développement économique et social de la société humaine. Selon l'Organisation mondiale de la santé (OMS), les maladies infectieuses sont responsables d'un quart à un tiers des décès dans le monde. En 2018, Plus de la moitié des décès dans les pays à faible revenu ont été dus aux affections dites du «Groupe I», maladies transmissibles, causes maternelles, pathologies survenant pendant la grossesse et l'accouchement et carences nutritionnelles. En revanche, elles ne comptent que pour 7% des décès dans les pays à revenu élevé. Les infections des voies respiratoires inférieures ont fait partie des principales causes de mortalité dans tous les groupes de revenu [1].
L'étude mathématique de la dynamique des maladies infectieuses remonte à une ancienne histoire. Les travaux classiques de Kermack et McKendrick (1927)[2] ont établi la base de la modélisation de la dynamique des maladies infectieuses : En notant S la population des susceptibles, I celle des infectées et par R la population des guéris ou "recovered", le modèle SIR de Kermack and McKendrick s'écrit :

$$\begin{cases} dS_t = \left(-\beta \frac{S_t I_t}{N}\right) dt, \\ dI_t = \left(\beta \frac{S_t I_t}{N} - \gamma I_t\right) dt, \\ dR_t = \gamma I_t dt. \end{cases} \tag{1.1.1}$$

Où $N = S_t + I_t + R_t$ est la population totale, supposée constante, et les variables S_t, I_t et R_t indiquent le nombre d'individus hôtes dans les états susceptibles, infectieux et guéris. Ce modèle s'inscrit dans l'approche compartimentale où la structure des modèles est identifiée par le flot des individus d'un compartiment à un autre. D'où les sigles du type : SI, SIR, SIRS, SIS etc.
Ce formalisme est à la base de toute modélisation actuelle de la dynamique et de l'évolution des maladies infectieuses. Dès lors, le nombre de documents théoriques sur les maladies infectieuses a régulièrement augmenté ; [Waltman (1974)[3] ; Burnett et White (1974)[4] ; Hoppensteadt (1975)[5] ; Frauenthal (1980)[6] ; Anderson et May (1982)[7] ; Evans (1982)[8] ; Webb (1985)[9] ; Kranz (1990)[10] ; Busenberg et Cooke (1993)[11] ; Capasso (1993) [12] ; Isham et Medley (1996)[13] ; Daley et Gani (1999)[14] ; Diekman et Heesterbeek (2000)[15] ; Hethcote (2000)[16] ; Alison Gray et *al.* (2011)[17] ; Yongli Cai et *al.* (2015)[18]].
Le processus de formulation de ces modèles clarifie les hypothèses, les variables et les paramètres : Pour des maladies telles que la rougeole, les oreillons et la rubéole, une immunité dure toute la vie. Ainsi, un individu infecté par l'un de ces agents pathogènes, une fois guéri, ne peut plus être réinfecté, ni transmettre à nouveau l'infection. Pour d'autres maladies, l'immunité diminue avec le temps et les infectés ne sont que partiellement protégés contre la réinfection, voir White et *al.* (2008)[19] ; Hope-Simpson (1992)[20] et Van Boven et *al.* (2000)[21]. Par conséquent, lorsque l'immunité acquise est temporaire et que les personnes récupérées perdent leur immunité et retournent dans le compartiment sensible, le modèle épidémique SIRS peut être utilisé pour décrire un tel cas. Cependant, il existe des modèles épidémiques intégrant l'impact de la vaccination, outil qui permet à l'individu de résister temporairement ou en permanence à l'infection, est cela pour aider à déterminer des moyens efficaces de contrôler la propagation de la maladie, dans

la mesure où elle permet de réduire le nombre d'individus sensibles dans la population (voir Elbasha et *al.* (2007)[22], Glasser et *al.* (2004)[23] et Jit et *al.* (2008)[24]). Pour d'autres types de maladie, par exemple le herpès et la tuberculose humaine , les individus guéris peuvent présenter une rechute et réintégrer la classe infectieuse [25, 26]. En médecine, le terme de rechute est évoqué pour caractériser la réapparition des symptômes d'une maladie au commencement de la convalescence.

L'approche compartimentale est transmise à d'autres disciplines ; Au cours des dernières années plusieurs articles ont étudié, dans le cadre de modèles épidémiologiques, l'adoption ou l'abandon des réseaux sociaux en ligne ; Cannarella et Spechler [27] ont étudié la diffusion d'informations sur Twitter afin de comprendre les propriétés des supports sous-jacents et les modèles de communication. Wang et Wang [28] étudient un modèle SIR pour analyser la propagation de rumeurs. Et en raison de la grande similarité entre les virus informatiques et les virus biologiques de nombreux modèles mathématiques ont été proposés pour décrire quantitativement la propagation de ces virus dans un réseau informatique [29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37].

L'un des principaux objectifs de l'étude des modèles épidémiologiques est d'analyser la propagation d'une maladie afin d'essayer de comprendre ses principes sous-jacents. La raison en est que l'on peut arriver à des conclusions sur la gravité et la durée de l'épidémie. Certes, il est souhaitable de pouvoir répondre à des questions importantes telles que : Y aura-t-il une épidémie ? Si oui, combien de temps durera-t-elle ? À quel point est-ce grave ? La maladie peut-elle être éradiquée par le biais d'un système de contrôle ?
Mathématiquement, la plupart de ces questions se traduisent par l'établissement des critères, basés sur les paramètres et la structure du système, qui assureront l'éradication de la maladie. Cela a été fait dans de nombreux modèles classiques et le seuil le plus utilisé est le nombre de reproduction de base, généralement, noté $\mathscr{R}_0$ et qui est défini comme le nombre moyen d'infections secondaires produites lorsqu'un individu infecté est introduit dans une population hôte où tout le monde est susceptible [16]. Pour de nombreux modèles déterministes, une infection peut commencer dans une population entièrement susceptible si et seulement si $\mathscr{R}_0 > 1$. Ainsi, le nombre de reproduction de base $\mathscr{R}_0$ est souvent considéré comme la quantité seuil qui détermine le moment où une infection peut envahir et persister dans un environnement infecté ; Dans [38] et afin d'étudier les effets de l'immigration de nouveaux individus infectés provenant de l'extérieur d'une population sur la dynamique d'une maladie transmissible, telle que le SIDA, F. Brauer et van den Drissche ont proposé le modèle déterministe suivant :

$$\begin{cases} dS_t = \big((1-p)A - \beta S_t I_t - \mu S_t + \gamma I_t\big)\,dt, \\ dI_t = \big(pA + \beta S_t I_t - (\mu+\gamma+\alpha) I_t\big)\,dt, \end{cases} \tag{1.1.2}$$

les auteurs ont prouvé, dans le cas où $\beta > 0$, l'existence d'un unique point d'équilibre endémique positif (I^*, N^*), globalement et localement asymptotiquement stable. En conséquence, pour $p > 0$, la maladie reste endémique.
Cependant, l'existence d'un seuil $\mathscr{R}_0$ nécessite de tendre p vers zéro. Dans ce cas, nous avons $\mathscr{R}_0 = \frac{\beta\Lambda}{\mu(\mu+\gamma+\alpha)}$, et si $\mathscr{R}_0 < 1$, I^* tend vers zéro.
Dans le contexte de la vaccination, le concept du nombre de reproduction de base prouve qu'il n'est pas nécessaire de vacciner l'ensemble de la population pour éliminer une maladie infectieuse.

1.2 Des modèles déterministes aux modèles stochastiques

La prise en compte des effets aléatoires est utile pour une bonne compréhension du comportement d'un système biologique. Par exemple, de nombreuses espèces de champignons ont des seuils de température et d'humidité permettant la germination (début de développement d'une nouvelle plante à partir d'une graine) [39, 40] . La variabilité des températures et des précipitations peut induire des fluctuations prononcées de la dynamique des champignons pathogènes [40]. Pour les maladies humaines, la nature de la croissance et de la propagation de l'épidémie est intrinsèquement aléatoire en raison de l'imprévisibilité des contacts interpersonnels [41] et la population est soumise à un spectre continu de perturbations[42, 43].
Il existe différentes approches pour inclure des effets aléatoires dans le modèle épidémique, à la fois d'un point de vue biologique et mathématique. Les modèles de Reed-Frost et de Greenwood sont probablement les modèles d'épidémie stochastique à temps discret les plus connus [44]. Tous deux impliquent des séquences de variables aléatoires avec des distributions binomiales. Les premières analyses de modèles d'épidémie stochastique à temps continu sont dues à Bailey [44] et Bartlett [45]. En suivant la même approche dans [46, 42] on peut étendre le modèle déterministe SIS (1.1.2) au modèle stochastique suivant :

$$\begin{cases} dS_t = \big((1-p)A - \beta S_t I_t - \mu S_t + \gamma I_t\big)\,dt - \sigma S_t\, dB_t, \\ dI_t = \big(pA + \beta S_t I_t - (\mu+\gamma+\alpha) I_t\big)\,dt - \sigma I_t\, dB_t, \end{cases} \tag{1.2.1}$$

Pour se faire, premièrement, on définit le processus $X^h(kh) = \big(S^h(kh), I^h(kh)\big)$ pour $k = 0,1,2,...$, où $X^h(0) = \big(S(0), I(0)\big) \in \mathbb{R}_+^2$ est une valeur initiale déterministe et le pas $h > 0$ est supposé constant. Soit $\big(\zeta^h(k)\big)_{k=0}^{\infty}$ une séquence de variables aléatoires identiquement distribuées telles que :

$$\mathbb{E}\big[\zeta^h(k)\big] = 0 \quad \text{et} \qquad \mathbb{E}\big[\zeta^h(k)\big]^2 = \sigma^2 h,$$

où σ est une constante qui reflète l'ampleur des effets stochastiques. La variable $\zeta^h(k)$ est censée représenter l'effet d'influences aléatoires sur les individus susceptibles et infectés au cours de la période $\big[kh, (k+1)h\big)$. On pose, pour $k = 0,1,...,$:

$$\begin{cases} S^h\big((k+1)h\big) = S^h(hk) + \big((1-p)A - \beta S^h(hk) I^h(hk) - \mu S_t + \gamma I_t\big)\,h - S^h(hk)\zeta^h(k), \\ I^h\big((k+1)h\big) = I^h(hk) + \big(pA + \beta S^h(hk) I^h(hk) - (\mu+\gamma+\alpha) I^h(hk)\big)\,h - I^h(hk)\zeta^h(k), \end{cases}$$

Ensuite on étend la définition de $X^h(kh)$ à tout $t \geq 0$ en définissant $X^h(t) = X^h([t]h)$, où $[t]$ est la partie entière de t. Sous l'hypothèse $\mathbb{E}\big[\zeta^h(k)\big]^2 = o(h)$, qui est satisfaite par exemple si $\zeta^h(k)$ est normalement distribuée, $X^h(t)$ converge faiblement vers la solution $X(t) = \big(S(t), I(t)\big)$ du système (1.2.1) avec la condition initiale $X(0) = \big(S(0), I(0)\big)$ quand $h \to 0$. (Voir [47, Théorème 7.1, p. 297, Lemma 8.2, p. 306]).
Les modèles stochastiques sont plus adaptés aux populations de faibles effectifs ou aux premiers stades des épidémies, où les infectés sont encore peu nombreux et donc la stochasticité pourra jouer un rôle important. Dans de nombreux cas, les variations environnementales ont une influence déterminante sur l'évolution d'une épidémie [48, 49, 50].

1.3 Simulations numériques

La solution d'une équation stochastique est rarement explicite. Néanmoins, nous pouvons approcher différentes caractéristiques de la solution par simulation, telles que des

trajectoires, des moments, un comportement qualitatif, etc. De telles méthodes de simulation reposent généralement sur des approximations discrètes de la solution continue d'une EDS [51]. Différents schémas sont disponibles en fonction de la qualité souhaitée de l'approximation, qui a un coût en temps d'ordinateur.
De plus, ces simulations informatiques sont des outils pour construire et tester des théories, évaluer des conjectures quantitatives et répondre à des questions spécifiques.

Schéma d'Euler
L'un des schémas d'approximation les plus utilisés est la méthode d'Euler, utilisée à l'origine pour générer des solutions aux équations différentielles déterministes. Étant donné une équation différentielle stochastique de la forme $dX(t) = a(X(t), t)dt + b(x(t), t)db(t)$, ce schéma consiste à utiliser une discrétisation régulièrement espacée du temps $t_i = i\Delta t$ et l'approximation d'Euler de la solution X est le processus Y satisfaisant le schéma suivant :

$$Y_{i+1} = Y_i + a(t_i, Y_i)(t_{i+1} - t_i) + b(Y_i, t_i)(W_{i+1} - W_i),$$

pour $i = 1, ..., N-1$, avec $Y_0 = X_0$ et $\Delta t = \frac{1}{N}$. On voit que la simulation de Y passe par celle de W qui peut se faire facilement dans l'intervalle du temps [0, T] avec un incrément du temps fixe $\Delta t > 0$, puisqu'on a :

$$W(\Delta t) = W(\Delta t) - W(0) \hookrightarrow N(0, \Delta t) \hookrightarrow \sqrt{\Delta t}.N(0, 1).$$

Notons que le schéma d'Euler est fortement convergent d'ordre $\frac{1}{2}$. Plus précisément, il existe $\delta_0 > 0$ et $C > 0$ tels que :

$$\mathbb{E}|Y_\delta(T) - Y(T)| < C\delta^{\frac{1}{2}} \quad \text{pour tout} \quad \delta < \delta_0.$$

Schéma de Milstein
Le schéma de Milstein [52, 53] utilise le lemme d'Itô pour augmenter la précision de l'approximation en ajoutant le terme du second ordre. En notant par b_x la dérivée partielle de $b(t, x)$ par rapport à x, l'approximation de Milstein est donnée par :

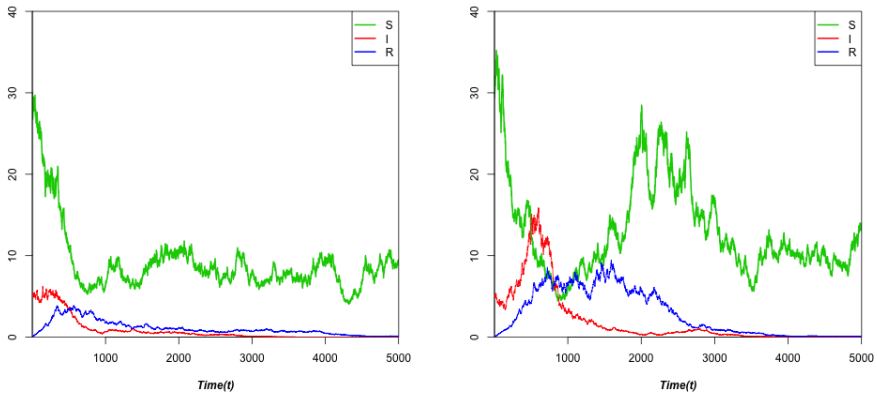
$$\begin{aligned} Y_{i+1} =& Y_i + a(t_i, Y_i)(t_{i+1} - t_i) + b(Y_i, t_i)(W_{i+1} - W_i) \\ &+ \frac{1}{2} b(t_i, Y_i) b_x(t_i, Y_i) \left[(W_{i+1} - W_i)^2 - (t_{i+1} - t_i)\right]. \end{aligned}$$

De cette manière, le modèle stochastique (3.1.1), du chapitre 3, qui traite le phénomène de rechute non linéaire, peut être discrétiser comme suit :

$$\begin{cases} S_{i+1} = S_i + \left(\Lambda - \mu_1 S_t - \beta S_t I_t\right)\Delta_t + \sigma_1 S_i \sqrt{\Delta_t}\zeta_i + \frac{\sigma_1^2}{2}\left(\zeta_i^2 - 1\right)\Delta_t, \\ I_{i+1} = I_i + \left(-(\mu_2 + \alpha)I_t + \beta S_t I_t + \sigma\beta R_t I_t\right)\Delta_t + \sigma_2 I_i \sqrt{\Delta_t}\eta_i + \frac{\sigma_2^2}{2}\left(\eta_i^2 - 1\right)\Delta_t, \\ R_{i+1} = R_i + \left(-\mu_3 R_t + \alpha I_t - \sigma\beta R_t I_t\right)\Delta_t + \sigma_3 R_i \sqrt{\Delta_t}\xi_i + \frac{\sigma_3^2}{2}\left(\xi_i^2 - 1\right)\Delta_t. \end{cases}$$

Où, pour $i = 0, 1, 2, ...$, les variables aléatoires ζ_i, η_i et ξ_i suivent toutes la loi $N(0, 1)$.

On peut conjecturer , d'après les simulations numériques, que le phénomène de rechute non linéaire joue un rôle dans la vitesse de l'extinction et la propagation de la maladie dans la population. En effet, la figure 1.1 montre que la maladie disparaît rapidement si σ est petit.



(a) $\sigma = 0,035$ (b) $\sigma = 0,35$

FIGURE 1.1 – Simulation numérique d'un chemin de la solution (S_t, I_t, R_t) du système (3.1.3) en utilisant le schéma de Milstein avec ($\sigma = 0,035$ gauche) , ($\sigma = 0,35$ droite) et des paramètres $\Lambda = 1$, $\beta = 0,01$, $\mu_1 = 0,066$, $\mu_2 = 0,066$, $\mu_3 = 0,0666,$, $\alpha = 0,16$, $\sigma_1 = 0,2$, $\sigma_2 = 0,25$ et $\sigma_3 = 0,21$.

L'un des modèles les plus étudiés est le modèle SIS suivant :

$$\begin{cases} dS_t = \left(\mu N - \beta S_t I_t + \gamma I_t - \mu S_t\right) dt, \\ dI_t = \left(\beta S_t I_t - (\mu + \gamma) I_t\right) dt, \end{cases} \tag{1.3.1}$$

Dans [17] les auteurs ont perturbé le paramètre β et ont obtenu une version stochastique de (1.3.1) :

$$\begin{cases} dS_t = \left(\mu N - \beta S_t I_t + \gamma I_t - \mu S_t\right) dt - \sigma S_t I_t dB_t, \\ dI_t = \left(\beta S_t I_t - (\mu + \gamma) I_t\right) dt + \sigma S_t I_t dB_t, \end{cases} \tag{1.3.2}$$

ils ont prouvé que si $\mathscr{R}_0^S \overset{\Delta}{=} \frac{\beta N}{\mu+\gamma} - \frac{\sigma^2 N^2}{2(\mu+\gamma)} > 1$, la maladie persiste dans le sens où $\liminf_{t\to\infty} I_t \leq C \leq \limsup_{t\to\infty} I_t$, avec C une constante strictement positive. Et des simulations numériques révèlent que tant que $\mathscr{R}_0^S < 1$, la maladie disparaîtra à long terme. Ainsi, les auteurs ont proposé la conjecture suivante sur l'extinction de la maladie :

Si $\mathscr{R}_0^S < 1$ et $\dfrac{\beta^2}{2(\mu+\gamma)} \geq \sigma^2 \geq \dfrac{\beta}{N}$ alors la maladie disparaitra avec probabilité un.

Dans [54], X. Chuang a démontré cette conjecture et a proposé une analyse globale de la dynamique du modèle (1.3.2).

1.4 Estimation des paramètres

Les modèles stochastiques contiennent souvent des paramètres qui ne sont pas directement accessibles aux mesures et doivent donc être estimés à partir d'observations supplémentaires du système, généralement données à des instants discrets. Le problème de l'estimation des paramètres dans les EDS a été étudié par de nombreux auteurs ; Dans le contexte des maladies infectieuses, Jiafeng et *al.* (2014)[55] ont estimé les paramètres d'un modèle stochastique SIS. Pourabbas et *al.* (2001)[56] ont estimé l'incidence des maladies transmissibles sous des fluctuations saisonnières. Alioum et *al.* (2005) [57] ont estimé le taux d'incidence du VIH. Les travaux présentés par Brunet et Struchiner (1996) [58]

abordent également le problème de l'estimation du taux dans les modèles épidémiques. Ces méthodes d'estimation peuvent être classées en deux catégories connues : méthodes du maximum de vraisemblance et méthodes d'inférence bayésienne.
La méthode du maximum de vraisemblance serait le premier choix car elle donne des estimateurs consistants et asymptotiquement efficaces. Cependant, la fonction de vraisemblance du processus continue nécessite la connaissance des probabilités de transition qui ne sont pas toujours facile à calculer. En plus, les données épidémiques disponibles sont souvent censurées ou incomplètes. Une technique efficace pour résoudre ce problème consiste à estimer les paramètres du modèle dans un cadre bayésien. Une approche bien connue est basée sur l'idée d'introduire des points de données auxiliaires sous forme d'observations supplémentaires. Celles-ci sont estimées à l'aide de techniques de Monte-Carlo en chaîne de Markov (MCMC) qui mettent à jour alternativement les données auxiliaires et le paramètre du modèle.

1.5 État de l'art et sujets de recherche de cette thèse

Généralement, la propagation des maladies infectieuses est décrite par des modèles compartimentaux [59, 2, 60, 61]. Les premiers travaux sur l'épidémiologie mathématique se sont concentrés sur les modèles déterministes [59, 15, 61, 62]. La formulation de ces modèles prend en considération la spécifité de chaque maladie et du phénomène étudié. Pour la maladie du tuberculose humaine, un traitement incomplet peut entraîner une rechute. Récemment, une attention considérable a été accordée au phénomène de la rechute pour la modéliser. Dans [25] Tuder développe l'un des premiers modèles épidémiques avec rechute dans une population constante avec un taux d'incidence bilinéaire. Moreira et Wang [26] ont introduit un taux d'incidence non linéaire dans leur modèle. Van Den Driessche et Zou dans [63], ont formulé un modèle épidémique SIRI comme un système intégro-différentiel. Dans [64], le déplacement des individus récupérés vers la classe infectieuse dû à la rechute est donné par ηR_t. Inspiré par les travaux cités ci-dessus et le fait que si la rechute est due au contact avec des personnes infectées, il est plus raisonnable de considérer un taux de rechute bilinéaire $\sigma\beta R_t I_t$. Dans [51], nous avons considéré le modèle compartimental SIR avec rechute suivant dans une population de taille variable avec un taux de rechute bilinéaire :

$$\begin{cases} dS_t = \left(\Lambda - \mu_1 S_t - \beta S_t I_t\right) dt, \\ dI_t = \left(-(\mu_2+\alpha) I_t + \beta S_t I_t + \sigma\beta R_t I_t\right) dt, \\ dR_t = \left(-\mu_3 R_t + \alpha I_t - \sigma\beta R_t I_t\right) dt. \end{cases} \tag{1.5.1}$$

Notons que $\sigma \in [0,1]$ est le paramètre qui mesure l'intensité de la rechute.

Dans un autre aspect de la modélisation des épidémies et pour étudier l'effet psychologique, lié au changement de comportement des individus sensibles lorsque le nombre d'individus infectieux est très élevé, Capasso et Serio [36] ont introduit un taux d'incidence saturé $g(I)S$ dans les modèles épidémiques, où $g(I)$ tend à atteindre un niveau de saturation lorsque I devient grand, c-à-d :

$$g(I) = \frac{kI}{1+\alpha I},$$

où kI mesure la force de l'infection de la maladie et $\frac{I}{1+\alpha I}$ mesure l'effet d'inhibition du changement de comportement des individus sensibles. Ruan et Wang [65] ont étudié et

analysé en détails un modèle épidémique avec un taux d'incidents non linéaire spécifique :

$$g(\mathrm{S},\mathrm{I}) = \frac{k\mathrm{IS}}{1+\alpha \mathrm{I}^2}.$$

Ces taux d'incidence semblent plus raisonnables que le taux d'incidence bilinéaire $g(\mathrm{I})\mathrm{S} = k\mathrm{IS}$, largement utilisé dans les modèles épidémiques, parce qu'ils incluent le changement de comportement et l'effet de surpopulation des individus infectieux.
L'épidémiologie humaine a inspiré et ouvert les portes à une meilleure compréhension de nombreuses autres disciplines. Dans le cadre des modèles épidémiologiques, la propagation de virus dans les réseaux informatiques à été étudiée dans de nombreux travaux [29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 37]. En particulier, Mishra et Jha [29] ont formulé et analysé l'effet de la quarantaine sur les nœuds récupérés. Yuan et Chen [32] ont discuté un modèle épidémique appliqué au réseau e-SEIR en utilisant la théorie de la stabilité des équations différentielles. Shukla et *al.* [35] ont modélisé et étudié l'effet des logiciels antivirus sur un réseau informatique infecté ; ils ont prouvé que sous certaines conditions, l'antivirus utilisé peut nettoyer le système avec succès. Plus précisément, les auteurs ont proposé le système déterministe suivant :

$$\begin{cases} d\mathrm{X} = \left(\mathrm{A} - \beta \mathrm{XY} - m\mathrm{X} - k\mathrm{X} + \pi \mathrm{YV}_a\right) dt, \\ d\mathrm{Y} = \left(\beta \mathrm{XY} - m\mathrm{Y} - \alpha \mathrm{Y} - \pi \mathrm{YV}_a\right) dt, \\ d\mathrm{Z} = \left(k\mathrm{X} - m\mathrm{Z}\right) dt, \\ d\mathrm{V}_a = \left(\mu \mathrm{Y} - \mu_0(\mathrm{V}_a - \mathrm{V}_{a0})\right) dt, \end{cases} \tag{1.5.2}$$

Ici $\mathrm{X}(t)$ désigne le nombre de noeuds susceptibles à l'instant $t \geq 0$, $\mathrm{Y}(t)$ le nombre de nœuds infectés, $\mathrm{Z}(t)$ le nombre de nœuds protégés et $\mathrm{V}_a(t)$ le nombre de programmes antivirus utilisés pour nettoyer le réseau. Le paramètre β est le taux de transition de X à Y résultant du contact entre les noeuds sensibles et infectés ; ainsi le nombre de contacts d'un nœud sensible par unité de temps augmente linéairement avec Y. Cette hypothèse n'est pas assez rigoureuse surtout quand le nombre de nœuds infectieux est grand [36]. Donc pour plus de réalisme, nous avons supposé que le taux d'incidence saturé est non linéaire et prend la forme $\frac{\beta \mathrm{XY}}{f(\mathrm{Y})}$. Ce taux d'incidence semble plus raisonnable que le taux d'incidence bilinéaire , car il inclut le changement de comportement des individus infectieux. Le modèle (1.5.2) devient :

$$\begin{cases} d\mathrm{X} = \left(\mathrm{A} - \frac{\beta \mathrm{XY}}{f(\mathrm{Y})} - m\mathrm{X} - k\mathrm{X} + \pi \mathrm{YV}_a\right) dt, \\ d\mathrm{Y} = \left(\frac{\beta \mathrm{XY}}{f(\mathrm{Y})} - m\mathrm{Y} - \alpha \mathrm{Y} - \pi \mathrm{YV}_a\right) dt, \\ d\mathrm{Z} = \left(k\mathrm{X} - m\mathrm{Z}\right) dt, \\ d\mathrm{V}_a = \left(\mu \mathrm{Y} - \mu_0(\mathrm{V}_a - \mathrm{V}_{a0})\right) dt, \end{cases} \tag{1.5.3}$$

où f est une fonction positive telle que $f(0) = 1$ et $f \geq 0$. Cette fonction f permet l'introduction de plusieurs effets, comme les effets psychologiques (exemple, $\frac{\mathrm{Y}}{f(\mathrm{Y})} = \frac{\mathrm{Y}}{1+\gamma \mathrm{Y}^2}$ voir [31]). Par comparaison aux modèles d'épidémies biologiques, cet effet se manifeste lorsque le nombre de nœuds infectés est très important, la force d'infection peut diminuer à mesure que le nombre d'infections augmente. Par rapport à notre modèle, en présence d'un très grand nombre de nœuds infectieux, les utilisateurs d'ordinateurs du réseau peuvent avoir tendance à réduire le nombre de contacts de leurs ordinateurs.

Les questions de recherche fondamentales et importantes dans ces modèles sont : l'existence d'une valeur seuil permettant de déterminer si une maladie infectieuse s'éteint

et la stabilité locale et globale de l'équilibre sans maladie et des équilibres endémiques. Il est bien connu que le théorème du seuil épidémique est valable pour la plupart des modèles épidémiques compartimentaux déterministes [2, 61], à savoir : si le nombre de reproduction de base $\mathscr{R}_0 \leq 1$, l'équilibre sans maladie est globalement asymptotiquement stable Par contre, si $\mathscr{R}_0 > 1$, il existe un équilibre endémique qui est globalement asymptotiquement stable.
Notre contribution dans ce sens est l'établissement d'un seuil $\mathscr{R}_p$ qui détermine la dynamique du modèle (1.5.3). Plus précisément , si $\mathscr{R}_p < 1$ le point d'equilibre sans virus est globalement asymptotiquement stable, donc le virus finit toujours par disparaître. Et si $\mathscr{R}_p > 1$, le point d'équilibre virus-endémique est globalement asymptotiquement stable. Notons que le seuil $\mathscr{R}_p$ dépend de V_{a0} (le nombre de programmes antivirus présents en permanence dans le système) ainsi, la dynamique du modèle (1.5.3) est contrôlable. (Voir Chapitre 3).

Les effets aléatoires de l'environnement jouent un rôle indispensable dans la transmission des maladies, en particulier dans une population de petite taille. Par conséquent, il semble plus réaliste d'envisager des modèles épidémiques stochastiques. Il existe différentes approches pour inclure des effets aléatoires dans les modèles épidémiques [46, 66], mais la façon la plus courante est d'utiliser la technique de perturbation des paramètres [67, 17, 68].
Contrairement aux modèles déterministes, il n'existe pas de seuil globale, à l'instar de $\mathscr{R}_0$, qui régie la dynamique des modèles stochastiques. Par conséquent l'objet de chaque étude, dans ce sens, est la recherche de tels seuils ; Gray et *al.* [17] étudient le modèle stochastique SIS. Ils établissent les conditions d'extinction et de persistance en fonction du seuil $\mathscr{R}_0^S$. Dans le cas de la persistance, ils montrent l'existence d'une distribution stationnaire et donnent une expression de sa moyenne et sa variance. Yang et *al.* [69] ont présenté un modèle stochastique SIR à incidence saturée. Ils utilisent des fonctions de Lyapunov pour montrer que, dans certaines conditions, la solution a la propriété ergodique si $\mathscr{R}_0 > 1$ et la stabilité exponentielle si $\mathscr{R}_0 \leq 1$. Dans [70] les auteurs ont étudié un modèle épidémique stochastique SIS à taux d'incidence non linéaire. En utilisant la théorie des semi-groupes de Markov, ils ont montré que la dynamique du système est régie par un seuil $\mathscr{R}_0^S$.

Dans le même contexte, et à travers trois modèles stochastiques, nous avons apporté quelques réponses aux questions suivantes :

— Existe-t-il une solution positive unique et est-elle définie à chaque instant ? est-elle bornée dans un sens stochastique approprié ?

— Existe-t-il des seuils qui déterminent la stabilité et le comportement asymptotique du modèle épidémique ?

— La solution est-elle proche d'un processus stationnaire ? Dans ce cas, quelles sont les propriétés de ce processus limite ?

— Comment la dynamique des modèles épidémiques avec des fluctuations environnementales peut-elle différer de la version déterministe ?

Les principales conclusions peuvent se résumer comme suit :

1. Les fluctuations environnementales peuvent supprimer l'épidémie :
   Dans le chapitre 4 le Théorème 4.4.2 assure la disparaition des virus sous de grandes perturbations de bruit blanc. Et dans ces conditions on peut avoir $R_p > 1$ (pour β assez grand) et c'est le cas où le système déterministe admet un point endémique

globalement asymptotiquement stable. D'où une dynamique opposée du modèle stochastique et du modèle déterministe.

2. Des distributions stationnaires régies par des seuils :
   Dans le chapitre 3, l'existence d'une distribution stationnaire pour le modèle stochastique (3.1.3) est assurée sous la condition $\mathscr{R}_T \overset{\Delta}{=} \frac{\Lambda\beta}{\mu_1\left(\alpha+\mu_2+\frac{\sigma_2^2}{2}\right)} > 1$.
   De même dans le chapitre 4 et pour le modèle (4.1.3) , l'existence d'une distribution stationnaire est régie par le seuil $\mathscr{R}_p \overset{\Delta}{=} \frac{\beta A}{(m+k)(m+\alpha+\pi V_{a0})}$.

Le modèle (1.1.2) est l'un des premiers modèles traitant l'effet de l'immigration des infectés sur la propagation des maladies, dans le chapitre 5 nous considérons le cas où le taux β est soumis à des fluctuations stochastiques aléatoires. On obtient ainsi le modèle stochastique (1.2.1), qui prend en compte l'effet de l'immigration dans une population. Nous avons prouvé que, indépendamment des valeurs des paramètres, la solution du modèle (1.1.2) est stochastiquement bornée et stochastiquement permanente.
Dans plusieurs travaux [71, 72, 73, 74] l'analyse des propriétés asymptotiques des modèles stochastiques considérés passe par le biais du Théorème 2.6.2. La particularité du modèle (1.2.1) est que sa matrice de diffusion est dégénérée, c'est-à-dire qui ne satisfait pas la condition d'ellipticité uniforme (La condition *(1)* du Théorème 2.6.2) et nous ne pouvons pas l'appliquer pour vérifier l'existence d'une distribution stationnaire unique. Pour remédier à ce problème, une alternative est donnée par la théorie du semigroupe de Markov [65, 75, 76]. Nous avons prouvé que le semi-groupe $\{\mathscr{P}(t)\}_{t\geq 0}$ connecté au système (1.1.2) est asymptotiquement stable pour toutes valeurs des paramètres de ce système ; ce qui garantit l'existence d'une distribution stationnaire unique.

L'inférence paramétrique pour les processus d'Itô, observés de manière discrète, peut être compliquée en fonction du modèle considéré. Les densités de transition ne sont connues que pour quelques processus spécifiques (processus d'Ornstein – Uhlenbeck, processus à racine carrée). Les fonctions de vraisemblance ont alors une forme explicite, et l'estimateur du maximum de vraisemblance peut ainsi être calculé. Ces estimateurs ont de bonnes propriétés statistiques comme la consistance et la normalité asymptotique [77].
Dans plusieurs cas, la fonction de vraissemblance ne peut pas être calculée directement. Plusieurs méthodes d'estimation ont été proposées pour contourner cette difficulté : méthodes basées sur une approximation de la densité de transition par résolution numérique de l'équation de Fokker-Planck [78], maximum de vraisemblance simulée [79], approximation de la vraisemblance par les polynômes d'Hermite [80]...
Une autre façon d'obtenir des estimateurs est d'utiliser un schéma d'approximation. Ces schémas d'approximation n'approchent pas directement la densité de transition, mais la trajectoire du processus de telle sorte que la version discrétisée du processus a une probabilité utilisable. Pour apprécier la crédibilité de ces estimateurs, il est primordial d'étudier leurs comportements asymptotiques (consistance et convergence). La théorie de cette étude est essentiellement issue des travaux de (Park et Phillips, [81]) et (Aït-Sahalia et Park, [82, 83]). Au sein du chapitre 5 on a utilisé cette technique pour construire deux estimateurs afin d'estimer les paramètres du modèle (1.2.1). Ces estimateurs sont très crédibles, en raison de leur consistance et de leur normalité asymptotique montrés dans le Théorème 5.5.1.
Nous avons appliqué les résultats obtenus dans une étude de cas sur la propagation du VIH/sida au Maroc en tenant compte l'immigration des infectés.

Cette thèse est organisée comme suit : Le chapitre 2 établit les bases mathématiques nécessaires pour les systèmes d'équations differentielles ordinaires, les systèmes d'équations différentielles stochastiques et leur comportement asymptotique. Au chapitre 3, on étudiera un modèle épidémique stochastique avec rechute non linéaire. Les seuils qui régissent la dynamique du modèle seront donnés. Au chapitre 4, on étudiera un modèle de propagation des virus dans un réseau informatique, ainsi que sa version stochastique. Au chapitre 5, on étudiera l'effet de l'immigration de personnes infectées sur la persistance et l'ergodicité d'un modèle stochastique SIS pour la transmission de maladies dans lequel une partie du flux de population est infectante. Quelques paramètres importants de ce modèle seront estimés en utilisant, à des fins de comparaison, deux estimateurs. La consistance et la normalité asymptotique de chaque estimateur seront établis. Enfin, quelques conclusions sont tirées et des orientations futures seront proposées.
Des simulations sont données tout au long de la thèse.

1.6 Références

[1] "World health organization. the top 10 causes of death," *https ://www.who.int/fr/news-room/fact-sheets/detail/the-top-10-causes-of-death*, 2018. 2

[2] W. Kermack and A. McKendrick, "A contribution to the mathematical theory of epidemics," *Part I, Proc. R. Soc. Lond. Ser. A 115*, p. 700–721, 1927. 2, 7, 9

[3] P. E. Waltman, "Deterministic threshold models in the theory of epidemics," *Lecture Notes in Biomath. Spriger-Verlag, Berlin*, vol. I, 1974. 2

[4] M. Burnett and D. O. White, "Natural history of infectious disease," *Cambridge University Press, Cambridge*, vol. 4, 1974. 2

[5] F. Hoppensteadt, "Mathematical theories of populations : Demo- graphics, genetics and epidemics," *SIAM, Philadelphia*, 1975. 2

[6] J. G. Frauenthal, "Mathematical modeling in epidemiology," *Springer- Verlag Universitext, Berlin*, 1980. 2

[7] R. M. Anderson and R. M. May, "Population biology of infectious diseases," *Springer, New York*, 1982. 2

[8] A. S. Evans, "Viral infections of humans," *Plenum Medical Book Company, New York*, vol. 2, 1982. 2

[9] G. F. Webb, "Theory of nonlinear age-dependent population dynamics," *Marcel Dekker, New York*, 1985. 2

[10] J. Kranz, "Epidemic of plant disease : Mathematical analysis and modeling," *Springer-Verlag, Berlin*, 1990. 2

[11] S. Busenberg and K. Cooke, "Vertically transmitted diseases, models and dynamics," *Biomathematics. Springer-Verlag, Berlin*, vol. 23, 1993. 2

[12] V. Capasso, "Mathematical structures of epidemic systems," *Lecture notes in biomathematics. Springer*, vol. 97, 1993. 2

[13] V. Isham and G. Medley, "Models for infectious human diseases," *Cambridge University Press, Cambridge*, 1996. 2

[14] D. J. Daley and J. Gani, "Epidemic modeling : An introduction," *Cambridge University Press, Cambridge*, 1999. 2

[15] O. Diekman and J. A. P. Heesterbeek, "Mathematical epidemiology of infectious disease," *Wiley, New York.*, 2000. 2, 7

[16] H. HW., "The mathematics of infectious diseases," *SIAM Review*, vol. 42, pp. 599 – 653, 2000. 2, 3

[17] A. Gray, D. Greenhalgh, u. H, X. Mao, and J. Pan, "A stochastic differential equation sis epidemic model," *SIAM J. Appl. Math*, vol. 71, pp. 876–902, 2011. 2, 6, 9

[18] C. Yongli, K. Yun, B. Malay, and W. Weiming, "A stochastic sirs epidemic model with infectious force under intervention strategies," *Journal of Differential Equations*, vol. 259, no. 12, pp. 7463–7502, 2015. 2

[19] L. White, J. Buttery, B. Cooper, D. Nokes, and G. Medley, "Rotavirus within day care centres in oxfordshire, uk : characterization of partial immunity," *J. R. Soc. Interface*, vol. 5, pp. 1481 – 1490, 2008. 2

[20] R. Hope-Simpson, "The transmission of epidemic influenza," *Plenum Press, New York*, 1992. 2

[21] M. van Boven, H. de Melker, J. Schellekens, and M. Kretzschmar, "Waning immunity and sub-clinical infection in an epidemic model : implications for pertussis in the netherlands," *Math Biosci.*, vol. 164, no. 2, pp. 161–182, 2000. 2

[22] E. Elbasha, E. Dasbach, and R. Insinga, "Model for assessing human pailloma virus vaccination strategies," *Emerg. Infect. Dis*, vol. 13, pp. 28–41, 2007. 3

[23] j. Glasser, M. Meltzer, and B. Levin, "Mathematical modeling and public policy : responding to health crises," *Emerg. Infect. Dis*, vol. 10, 2004. 3

[24] Y. Jit, M. andd Choi and W. Edmunds, "Economic evaluation of human papilloma virus vaccination in the united kingdom," *BMJ*, vol. 337, no. a769, 2008. 3

[25] D. Tudor, "A deterministic model for herpes infections in human and animal populations," *SIAM*, vol. 32, pp. 136–139, 1990. 3, 7

[26] H. Moreira and Y. Wang, "Global stability in an siri model," *SIAM*, vol. 39, pp. 496–502, 1997. 3, 7

[27] J. Cannarella and J. Spechler, "Dynamical behavior of an epidemic model with a nonlinear incidence rate," *arXiv preprint arXiv :1401.4208*, 2014. 3

[28] J. Wang and Y. Wang, "Sir rumor spreading model with network medium in complex social networks," *Chinese Journal of Physics*, vol. 53, no. 1, 020702, 2015. 3

[29] B. Mishra and N. Jha, "Seiqrs model for the transmission of malicious objects in computer network," *Appl. Math. Model.*, vol. 34, pp. 710–715, 2010. 3, 8

[30] M. Newman, S. Forrest, and J. Balthrop, "Email networks and the spread of computer viruses," 3, 8

[31] D. Xiao and S. Ruan, "Global analysis of an epidemic model with nonmonotone incidence rate," *Mathematical Biosciences*, vol. 208, pp. 419–429, 2007. 3, 8

[32] H. Yuan and G. Chen, "Network virus-epidemic model with the point-to-group information propagation," *Appl. Math. Comp.*, vol. 206, pp. 357–367, 2008. 3, 8

[33] C. Zhang, Y. Zhao, Y. Wu, and S. Deng, "A stochastic dynamic model of computer viruses," *Discrete Dynamics in Nature and Society*, vol. 2012, 2012. 3, 8

[34] J. Amador, "The stochastic sira model for computer viruses," *Applied Mathematics and Computation*, vol. 232, pp. 1112–1124, 2014. 3, 8

[35] J. Shukla, G. Singh, P. Shukla, and A. Triphati, "Modeling and analysis of the effects of antivirus software on an infected computer network," *Appl. Math. Comp.*, vol. 227, pp. 11–18, 2014. 3, 8

[36] V. Capasso and S. G, "A generalization of the kermack-mckendrick deterministic epidemic model," *Mathematical Biosciences*, vol. 42, pp. 43–61, 1978. 3, 7, 8

[37] Y. Zhao and D. Jiang, "The threshold of a stochastic sis epidemic model with vaccination," *Applied Mathematics and Computation*, vol. 243, pp. 718–727, 2014. 3, 8

[38] F. Brauer and P. v. d. Driessche, "Models for transmission of disease with immigration of infectives," *Mathematical Biosciences*, vol. 2018, p. 171, 2001. 3

[39] J. Truscott and C. Gilligan, "Response of a deterministic epidemiological system to a stochastically varying environment," *Proceedings of the National Academy of Sciences*, vol. 100, no. 15, p. 9067–9072, 2003. 4

[40] O. Ovaskainen and A. Laine, "Inferring evolutionary signals from ecological data in a plant-pathogen metapopulation," *Ecology*, vol. 87, no. 4, p. 880–891, 2006. 4

[41] S. Spencer, "Stochastic epidemic models for emerging diseases," *PhD thesis, University of Nottingham*, 2008. 4

[42] J. R. Beddington and R. M. May, "Harvesting natural populations in a randomly fluctuating environment," *Science*, vol. 197, p. 463–465, 1977. 4

[43] L. Allen, "An introduction to stochastic epidemic models," *Mathematical Epidemiology, Springer*, vol. 197, p. 481–130, 2008. 4

[44] N. T. J. Bailey, "The mathematical theory of infectious diseases," *Griffin, London*, 1975. 4

[45] M. S. Bartlett, "Deterministic and stochastic models for recurrent epidemics," *Proc. Third Berkeley Symp. Math. Stat. Prob, 4(1956) 81.* 4

[46] L. Imhof and S. Walcher, "Exclusion and persistence in deterministic and stochastic chemostat models," 4, 9

[47] R. Durrett, "Stochastic calculus," *CRC Press, Boston*, 1996. 4

[48] A. Bahar and X. Mao., "Stochastic delay lotka–volterra model.," *Appl. Math. Model.*, vol. 34, pp. 710–715, 2004. 4

[49] G. Gibson, A. Kleczkowski, and C. Gilligan, "Bayesian analysis of botanical epi- demics using stochastic compartmental models," *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, vol. 292, no. 2, p. 364–380, 2004. 4

[50] S. O. Stefano Bonaccorsia, "Epidemics epidemics on networks with heterogeneous population and stochastic infection rates," *Mathematical Biosciences*, vol. 279, p. 43–52, 2016. 4

[51] A. El Myr, A. Assadouq, O. Lahcen, S. Adel, and L. Aadil, "A stochastic sir epidemic system with a nonlinear relapse," *Discrete Dynamics in Nature and Society*, vol. 2018, p. 10 pages, 2018. 5, 7

[52] D. Higham, "An algorithmic introduction to numerical simulation of stochastic diffrential equations," *SIAM Review*, vol. 43, no. 3, pp. 525–546, 2004. 5

[53] M. Carletti, K. Burrage, and P. M. Burrage, "Numerical simulation of stochastic ordinary diffrential equations in biomathematical modelling," *Mathematics and Computers in Simulation*, vol. 64, no. 2, pp. 271–277, 2004. 5

[54] X. Chuang, "Global threshold dynamics of a stochastic differential equation sis model," *J. Math. Anal. Appl.*, vol. 447, p. 736–757, 2017. 6

[55] A. Pan, J.and Gray, D. Greenhalgh, and X. Mao, "Parameter estimation for the stochastic sis epidemic model," *Stat Inference Stoch Process Springer Science+Business Media Dordrecht*, 2014. 6

[56] E. Pourabbas, A. d'Onofrio, and M. Rafanelli, "A method to estimate the incidence of communicable diseases under seasonal fluctuations with application to cholera," *Appl. Math. Comput.*, vol. 118, no. 2-3, p. 161– 174, 2001. 6

[57] A. Alioum, D. Commenges, R. Thiebaut, and F. Dabis, "A multistate approach for estimating the incidence of human immunodeficiency virus by using data from a prevalent cohort study," *J. R. Stat. Soc., Ser. C*, vol. 54, no. 4. 6

[58] R. Brunet and C. Struchiner, "Rate estimation from prevalence information on a simple epidemio- logic model for health interventions," *Theor. Popul. Biol.*, vol. 50, no. 3, p. 209–226, 1996. 6

[59] O. Diekmann, J. Heesterbeek, and J. Metz, "On the definition and the computation of he basic reproduction ratio $\mathscr{R}_0$ in models for infectious diseases in heterogeneous populations," *J. Math. Biol.*, vol. 28, pp. 365–382, 1990. 7

[60] H. Hethcote and J. Yorke, "Gonorrhea transmission dynamics and control," *Lecture Notes in Biomath. Springer- Verlag, Berlin*, vol. 56, 1984. 7

[61] P. van den Driessche and J. Watmough, "Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission," *Math. Biosci.*, vol. 180, p. 29–48, 2002. 7, 9

[62] R. Anderson and R. May, "Infectious diseases of humans : Dynamics and control," *Oxford University Press, Oxford*, 1992. 7

[63] P. van den Driessche, L. Wang, and X. Zou, "Modeling diseases with latency and relapse," *Math. Biosci. Eng.*, vol. 4, pp. 205–219, 2007. 7

[64] C. V. de Léon, "On the global stability of infectious disease models with relapse," *Abstraction and Application*, vol. 9, pp. 50–61, 2013. 7

[65] S. Ruan and W. Wang, "Dynamical behavior of an epidemic model with a nonlinear incidence rate," *Journal of Differential Equations*, vol. 188, no. 1, p. 135–163, 2003. 7, 10

[66] J. Allen, "An introduction to stochastic processes with applications to biology," *Pearson/Prentice Hall*, 2003. 9

[67] N. Dalal, D. Greenhalgh, and X. Mao, "A stochastic model of aids and condom use," *J. Math. Anal. Appl.*, vol. 325, p. 36–53, 2007. 9

[68] E. Tornatore, S. Buccellato, and P. Vetro, "Stability of a stochastic sir system," *Phys. A*, vol. 354, p. 111–126, 2005. 9

[69] Q. Yang, D. Jiang, N. Shi, and C. Ji, "The ergodicity and extinction of stochastically perturbed sir and seir epidemic models with saturated incidence," *J. Math. Anal. Appl.*, vol. 388, p. 248–271, 2012. 9

[70] Q. Liu, D. Jiang, T. Hayat, and A. Alsaedi, "Threshold dynamics of a stochastic sis epidemic model with nonlinear incidence rate," *Physica A : Statistical Mechanics and its Applications*, vol. 526, p. 248–271, 2019. 9

[71] L. Qun, J. Daqing, H. Tasawar, and A. Alsaedi, "Stationary distribution of a stochastic delayed sveir epidemic model with vaccination and saturation incidence," *Physica A : Statistical Mechanics and its Applications*, vol. 512, pp. 849–863, 2018. 10

[72] H. Qi, S. Zhang, X. Meng, and H. Dong, "Periodic solution and ergodic stationary distribution of two stochastic siqs epidemic systems," *Physica A : Statistical Mechanics and its Applications*, vol. 508, pp. 223–241, 2018. 10

[73] S. Y. Yanli Zhou, Weiguo Zhang, "Survival and stationary distribution of a sir epidemic model with stochastic perturbations," *Applied Mathematics and Computation*, vol. 244, pp. 118–131, 2014. 10

[74] A. Lahrouz and L. Omari, "Extinction and stationary distribution of a stochastic sirs epidemic model with non-linear incidence," *Statistics and Probability Letters*, vol. 83, no. 4, pp. 960–968, 2013. 10

[75] R. Rudnicki, "Markov semigroups and their applications," *Lecture Notes Phys.*, vol. 597, no. 215, 2002. 10

[76] R. Rudnicki, "Long-time behaviour of a stochastic prey-predator model," *Stochastic Processes and their application*, vol. 108, no. 93, 2003. 10

[77] D. Dacunha-Castelle and D. Florens-Zmirou, "Estimation of the coefficients of a diffusion from discrete observations," *Stochastics*, vol. 19, no. 4, p. 263–284, 1986. 10

[78] B. Jensen and R. Poulsen, "Transition densities of diffusion processes : Numerical comparison of approximation techniques," *Journal of Derivatives*, vol. 9, pp. 18–32, 2002. 10

[79] O. Elerian, S. Chib, and N. Shephard, "Likelihood inference for discretely observed nonlinear diffusions," *Econometrica*, vol. 69, no. 4, p. 959–993, 2001. 10

[80] Y. Ait Sahalia, "Maximum likelihood estimation of discretely sampled diffusions : a closed-form approximation approach," *Econometrica*, vol. 70, no. 1, p. 223–262, 2002. 10

[81] J. Y. Park and P. C. B. Phillips, "Nonlinear regressions with integrated time series," *Econometrica*, vol. 69, pp. 117–161, 2001. 10

[82] Y. Aït-Sahalia and J. Y. Park, "Nonparametric estimation of difiusion models," *working paper, Texas A&M University*, 2008a. 10

[83] Y. Aït-Sahalia and J. Y. Park, "Speciflcation testing for nonstationary difiusions," *working paper, Texas A&M University*, 2008b. 10

Chapitre 2

Outils mathématiques

Ce chapitre vise à établir la théorie qui aidera à formaliser mathématiquement les questions pratiques de l'épidémiologie telles que : Y aura-t-il une épidémie ? Si oui, quelle sera sa gravité ? Quel sera le comportement à long terme de la maladie ? Etc.
La section 2.1 est consacrée à la révision de certains fondements théoriques importants des ODE, en particulier la fonction de Lyapunov et son rôle dans la démonstration de la stabilité de la solution. Dans la section 2.2, nous proposons les fondements de la théorie des EDS . Une section spéciale (section 2.6) est dédiée à la théorie des semi-groupes de Markov. Cette théorie fournit une alternative au théorème de Khasminskii pour l'existence d'une distribution stationnaire, lorsque la matrice de diffusion du système est dégénérée. Enfin, dans la section 2.8, les théorèmes et techniques d'estimation de paramètres et leur convergence seront détaillés.

2.1 Équations différentielles ordinaires ([1])

Considérons le problème général, avec condition initiale, suivant :

$$\begin{cases} \frac{dx(t)}{dt} = f(x(t)) \\ x(0) = x_0 \end{cases} \tag{2.1.1}$$

où f est une fonction continue d'un ouvert $\Omega \subset \mathbb{R}^n$ vers $\mathbb{R}^n$. Par exemple, pour le modèle (1.1.1), on prend $f\left(x,y,z\right) = \left(-\beta\frac{xy}{N}, \beta\frac{xy}{N} - \gamma y, \gamma y\right)$ et $\Omega = \mathbb{R}^3_+$.

2.1.1 Existence et unicité des solutions

Les variables étudiées ici sont toujours positives. Pour que le modèle soit valide, il est nécessaire d'étudier l'existence et l'unicité d'une solution globale positive de l'équation (2.1.1).

Théorème 2.1.1 *Soit $f \in \mathscr{C}(\Omega, \mathbb{R}^n)$, localement lipschitzienne sur Ω. Alors il existe $\Delta > 0$ tel que l'équation (2.1.1) admet une unique solution $x \in \mathscr{C}^1((-\Delta, \Delta), \Omega)$.*

Pour s'assurer que le modèle étudié est bien posé, il est essentiel en épidémiologie de vérifier la globalité de la solution, ce qui signifie que la solution existe pour chaque $t \geq 0$. Le théorème suivant est crucial pour résoudre ce problème.

Théorème 2.1.2 *Soit $f \in \mathscr{C}(\Omega, \mathbb{R}^n)$, et soit $x(t)$ la solution de (2.1.1) sur un intervalle maximal à droite* I. *Alors* $\mathrm{I} = [0, \infty)$ *ou* $\mathrm{I} = [0, \zeta)$ *avec* $\zeta < \infty$ *et* $\|x(t)\| \to \infty$ *si* $t \to \zeta$.

2.1.2 Stabilité des systèmes déterministes

Épidémiologiquement, la stabilité locale d'un état d'équilibre signifie que si le système démarre à proximité de cet état, il le sera aprés un certain temps. Alors que la stabilité globale signifie que le système convergera vers l'état d'équilibre à partir de tout point de départ possible.

Définition 2.1.3 *Un point $x^* \in \Omega$ est appelé "point d'équilibre" ou "point stationnaire" d'un champ de vecteurs $f \in \mathscr{C}^1(\Omega, \mathbb{R}^n)$ si $f(x^*) = 0$.*

Il existe différents types de stabilité d'un point d'équilibre, les plus importants d'entre eux sont résumés ci-dessous.

Définition 2.1.4 *Soit $x(t, x_0)$ la solution de (2.1.1), on suppose que $f(x^*) = 0$. Alors x^* est dit :*

1. ***stable** si, pour tout $\epsilon > 0$, il existe $\delta > 0$ tel que $\|x_0 - x^*\| < \delta$ implique*

$$\left\|x(t) - x^*\right\| < \epsilon \quad \text{pour tout} \quad t \geq 0.$$

2. ***instable** s'il n'est pas stable.*
3. ***asymptotiquement stable** s'il est stable et il existe $\delta > 0$ tel que $\|x_0 - x^*\| < \delta$ implique*

$$\lim_{t \to \infty} \left\|x(t) - x^*\right\| = 0.$$

4. ***exponentiellement stable** s'il existe des constantes δ, λ et $C > 0$ telles que si $\|x_0 - x^*\| < \delta$ alors*

$$\left\|x(t) - x^*\right\| \leq Ce^{-\lambda t}$$

5. ***globalement asymptotiquement** (resp. **exponentiellement stable**) si, pour tout $x_0 \in \Omega$, x^* est asymptotiquement (resp. exponentiellement stable).*

Il est clair que la stabilité locale d'un point d'équilibre n'est pas suffisante pour dire que la maladie disparaît à long terme, sauf si le système démarre d'une condition initiale x_0 proche du point d'équilibre. Au contraire, la stabilité globale de l'équilibre endémique et de l'équilibre sans maladie implique l'éradication de la maladie.
La méthode directe de Lyapunov est une technique opérationnelle mise au point par le mathématicien russe A. Lyapunov pour étudier la stabilité des systèmes dynamiques.
Soit $V(x) \in \mathscr{C}^1(\Omega, \mathbb{R}^n)$, on définit la dérivée, par rapport au temps, de $V(x)$ au long de la solution de (2.1.1) par :

$$\dot{V} = \frac{dV(x(t))}{dt} = \nabla V(x).f(x), \tag{2.1.2}$$

où ∇ est l'opérateur gradient. On a le théorème suivant :

Théorème 2.1.5 *([2]) Dans (2.1.1), on suppose que $f(0) = 0$ et Ω un ouvert contenant l'origine et soit $V(x)$ une fonction telle que $V(x) \in \mathscr{C}^1(\Omega, \mathbb{R}^n)$, $V(x) \geq 0$ pour tout $x \in \Omega$ et $V(0) = 0$, alors :*

(i) Si pour tout $x \in \Omega$, $\dot{V} \leq 0$, l'origine est stable.

(ii) Si pour tout $x \in \Omega \backslash \{0\}$, $\dot{V} < 0$, l'origine est asymptotiquement stable.

Définition 2.1.6 *Une fonction* $V : \mathbb{R}^n \mapsto \mathbb{R}_+$ *est dite radialement non bornée si* $V(x) \mapsto \infty$ *quand* $x \mapsto \infty$.

Théorème 2.1.7 *Principe d'invariance de LaSalle*
On suppose que $f(0) = 0$, Ω *un ouvert de* $\mathbb{R}^n$ *contenant l'origine et* $V(x) \in \mathscr{C}^1(\Omega, \mathbb{R}^n)$ *est définie positive et radialement non bornée. Alors la solution triviale de* (2.1.1) *est asymptotiquement stable si les deux conditions suivantes sont vérifiés :*

(i) Pour tout $x \in \Omega$, $\dot{V} \leq 0$.

(ii) L'ensemble $\{x \in \overline{\Omega} : \quad \dot{V}(x) = 0\}$ *ne contient pas les trajectoires du système* (2.1.1), *à l'exception de la solution triviale.*

2.2 Équations différentielles stochastiques ([5])

Un système dynamique est toujours sujet à des perturbations environnementaux. Par exemple, considérons le modèle simple de croissance démographique suivant :

$$\begin{cases} \frac{dN(t)}{dt} = a(t)N(t) \\ N(0) = N_0 \end{cases} \tag{2.2.1}$$

où $N(t)$ est la taille de la population au temps t et $a(t)$ est le taux de croissance relatif. Il se peut que $a(t)$ ne soit pas complètement connu, mais sujet à des effets environnementaux aléatoires. En d'autre termes,

$$a(t) = r(t) + \sigma(t) \times "bruit",$$

Il s'avère qu'une interprétation mathématique raisonnable pour le terme bruit est le, soi-disant, bruit blanc $\dot{B}(t)$, qui est formellement considéré comme la dérivée d'un mouvement brownien $B(t)$, c'est-à-dire $\dot{B}(t) = \dfrac{dB(t)}{dt}$, alors l'équation (2.2.1) devient :

$$\begin{cases} dN(t) = r(t)N(t)dt + \sigma(t)N(t)dB(t) \\ N(0) = N_0 \end{cases} \tag{2.2.2}$$

C'est-à-dire sous forme intégrale :

$$N(t) = N_0 + \int_0^t r(s)N(s)ds + \int_0^t \sigma(s)N(s)dB(s) \tag{2.2.3}$$

Le mouvement brownien $B(t)$ est nulle part différentiable, donc l'intégrale ne peut pas être définie de manière ordinaire. Pour définir l'intégrale, nous devons utiliser la nature stochastique du mouvement brownien. Ce type d'intégrale a été défini pour la première fois par K. Itô en 1949 et est maintenant connu sous le nom d'intégrale stochastique d'Itô. Avant de donner les importants propriétés de cette intégrale, nous allons brièvement passer en revue les notations de base de la théorie des probabilités et des processus stochastiques.

2.2.1 Notions de base de la théorie des probabilités et des processus stochastiques

Un espace mesurable est un couple $(\Omega, \mathscr{F})$ où Ω est un ensemble non vide et $\mathscr{F}$ est une σ -algèbre d'événements sur Ω, c'est-à-dire une classe de sous-ensembles de Ω avec les trois propriétés suivantes :

1. $\Omega \in \mathscr{F}$
2. Si $A \in \mathscr{F}$ alors $A^C \in \mathscr{F}$
3. $\mathscr{F}$ est stable par réunion dénombrable : $(A_n)_{n\geq 0} \subset \mathscr{F} \Longrightarrow \bigcup_{n\geq 0} A_n \in \mathscr{F}$.

Une mesure de probabilité P sur un espace mesurable $(\Omega, \mathscr{F})$ est une fonction $P : \mathscr{F} \to [0,1]$ telle que :

1. $P(\Omega) = 1$;
2. pour toute suite $\{A_i\}_{i\geq 1} \subset \mathscr{F}$ telle que $A_i \bigcap A_j = \emptyset$ si $i \neq j$ on a :

$$P\Big(\bigcup_{i=1}^{\infty} A_i\Big) = \sum_{i=1}^{\infty} P(A_i) \tag{2.2.4}$$

Le triplet $(\Omega, \mathscr{F}, P)$ est appelé un espace probabilisé. Si X est une variable aléatoire à valeurs dans $\mathbb{R}^d$ intégrable par rapport à la probabilité P, alors le vecteur

$$EX = \int_{\Omega} X(\omega) dP(\omega) \tag{2.2.5}$$

est appelé l'espérance mathématique, ou simplement espérance, de X (relativement à P). Soit X une variable aléatoire à valeurs dans $\mathbb{R}^d$. Alors X induit une mesure de probabilité μ_X sur l'espace mesurable $(\mathbb{R}^d, \mathscr{B}^d)$, définie par :

$$\mu_X(B) = P(\{\omega : X(\omega) \in B\}) \text{ pour } B \in \mathscr{B}^d, \tag{2.2.6}$$

et μ_X est appellée distribution ou loi de X. L'espérance de X s'écrit alors :

$$EX = \int_{\mathbb{R}^d} x d\mu_X(x) \tag{2.2.7}$$

Théorème 2.2.1 ***(Théorème de convergence dominée)***.
Soit $p \geq 1, \{X_k\}_{k\geq 1} \subset L^p(\Omega; \mathbb{R}^d)$ *et* $Y \in L^p(\Omega, \mathbb{R})$. *On suppose que* $|X_k| \leq Y$ *p.s. et* $\{X_k\}_{k\geq 1}$ *converge vers* X *en probabilité. Alors* $X \in L^p(\Omega; R^d)$, $\{X_k\}_{k\geq 1}$ *convegre vers* X *dans* L^p, *et* $\lim_{k\to\infty} EX_k = EX$.

Soit $\{A_k\}_{k\geq 1}$ une suite de parties de $\mathscr{F}$. On définit la limite supérieure de cette suite par

$$\limsup_{k\to\infty} A_k = \{\omega : \omega \in A_k \text{ pour une infinité de } k\} = \bigcap_{i=1}^{\infty} \bigcup_{k=i}^{\infty} A_k. \tag{2.2.8}$$

Clairement, il appartient à $\mathscr{F}$. En ce qui concerne sa probabilité, nous avons le lemme suivant :

Lemme 2.2.1 ***(Borel-Cantelli)***

1. *Si* $\{A_k\}_{k\geq 1} \subset \mathscr{F}$ *et* $\sum_{k=1}^{\infty} P(A_k) < \infty$, *alors*

$$P\left(\limsup_{k\to\infty} A_k\right) = 0 \tag{2.2.9}$$

2. *Si la suite* $\{A_k\}_{k\geq 1} \subset \mathscr{F}$ *est indépendante et* $\sum_{i=1}^{\infty} P(A_k) = \infty$, *alors* $P\left(\limsup_{k\to+\infty} A_k\right) = 1$

Définition 2.2.2 *Un processus stochastique est une famille de variables aléatoires* $(X_t)_{t\in[0,\infty)}$ *définies sur un espace de probabilité* $(\Omega,\mathscr{F},P)$ *et prenant des valeurs dans* $\mathbb{R}^d$.

Définition 2.2.3

1. *Soit* $\{X_t\}_{t\geq 0}$ *un processus stochastique à valeurs dans* $\mathbb{R}^d$. *On dit qu'il est continu (resp. continu à droite, continu à gauche) si, pour presque tout* $\omega\in\Omega$, *la fonction* $t\mapsto X_t(\omega)$ *est continue (resp. continue à droite, continue à gauche) sur* $t\geq 0$.
2. *Il est dit càdlàg s'il est continu à droite pour presuque tout* $\omega\in\Omega$ *et* $\lim_{s\uparrow t} X_s(\omega)$ *existe et finie pour tout* $t>0$.
3. *Il est dit intégrable si , pour tout* $t\geq 0, X_t$ *est une variable aléatoire intégrable.*

Définition 2.2.4 *Soient* $(X_t)_{t\geq 0}$ *et* $(Y_t)_{t\geq 0}$ *deux processus stochastiques processes sur* $(\Omega,\mathscr{F},P)$. *On dit que* $(X_t)_{t\geq 0}$ *est une version de (ou une modification de)* $(Y_t)_{t\geq 0}$ *si*

$$P(\{\omega\in\Omega:\quad X_t(\omega)=Y_t(\omega)\})=1,\quad \textit{pour tout } t\geq 0$$

Théorème 2.2.5 ***(Lemme de Kolmogorov)***
On suppose que $(X_t)_{t\geq 0}$ *satisfait la condition suivante :*
pour tout $T>0$ *il existe trois constantes positive* $\alpha,\beta>1$, *et* κ *telles que :*

$$E\|X_t-X_s\|^{\alpha}\leq\kappa|t-s|^{\beta},\quad 0<s,t\leq T$$

Alors il existe une version continue de $(X_t)_{t\geq 0}$.

2.2.2 Filtrations, martingales et temps d'arrêts

Définition 2.2.6 *Soit* $(\Omega,\mathscr{F},P)$ *un espace de probabilité. Une filtration sur cet espace est une famille croissante* $\{\mathscr{F}_t\}_{t\geq 0}$ *de sous-tribus de* $\mathscr{F}$ *Une filtration* $\{\mathscr{F}_t\}_{t\geq 0}$ *est dite continue à droite si* $\mathscr{F}_t=\bigcap_{s>t}\mathscr{F}_s$ *pour tout* $t\geq 0$. *On dira que la filtration satisfait les conditions habituelles si elle est continue à droite et* $\mathscr{F}_0$ *contient tout les* P*-négligeables.*
Un processus stochastique $(X_t)_{t\geq 0}$ *est adapté à la filtration* $\{\mathscr{F}_t\}_{t\geq 0}$ *si* X_t *est* $\mathscr{F}_t$*-mesurable pour tout* $t\geq 0$.

Étant donné un processus stochastique, le choix le plus simple d'une filtration est celui généré par le processus lui-même, c'est-à-dire

$$\mathscr{F}_t^X=\sigma(\{X_s:0\leq s\leq t\}),\quad \text{pour tout } t\geq 0$$

qui est la plus petite σ -algèbre telle que X_s est mesurable pour tout $s\in[0,t]$.

Définition 2.2.7 *Une variable aléatoire* $\tau:\Omega\to[0,\infty]$ *est dite un* $\{\mathscr{F}\}_{t\geq 0}$*-temps d'arrêt (ou simplement, un temps d'arrêt) si* $\{\omega:\tau(\omega)\leq t\}\in\mathscr{F}_t,\quad \textit{pour tout } t\geq 0$.

Définition 2.2.8

1. *Un processus* $\{M_t\}_{t\geq 0}$, $\{\mathscr{F}_t\}_{t\geq 0}$*-adapté intégrable et valeurs dans* $\mathbb{R}^d$, *est appelé une martingale relativement* $\{\mathscr{F}_t\}_{t\geq 0}$ *(ou simplement, martingale) si*

$$E(M_t|\mathscr{F}_s)=M_s\ \ p.s.\ \ \textit{pour tout}\ \ 0\leq s<t<\infty.$$

2. *Un processus* $M=\{M_t\}_{t\geq 0}$ *adapté et continu à droite est appelé une martingale local s'il existe une suite croissante de temps d'arrêts* $\{\tau_k\}_{k\geq 1}$ *avec* $\tau_k\uparrow\infty$ *p.s. telle que chaque* $\{M_{\tau_k\wedge t}-M_0\}_{t\geq 0}$ *est une martingale.*

Un processus stochastique $X = \{X_t\}_{t\geq 0}$ est dit de carré-intégrable si $E|X_t|^2 < \infty$ pour tout $t \geq 0$. Si $M = \{M_t\}_{t\geq 0}$ est une martingale à valeurs réelles de carré-intégrable et continue alors il existe un unique processus $\{\langle M,M\rangle_t\}_{t\geq 0}$ adapté, croissant, continue et intégrable telle que $\{M_t^2 - \langle M,M\rangle_t\}_{t\geq 0}$ est une martingale continue issue de $t = 0$. Le processus $\{\langle M,M\rangle_t\}_{t\geq 0}$ est appelé la variation quadratique de M. En particulier pour tout temps d'arrêt fini τ,

$$EM_\tau^2 = E\langle M,M\rangle_\tau .$$

Si $N = \{N_t\}_{t\geq 0}$ est une autre martingale continue de carré-intégrable, on pose :

$$\langle M,N\rangle_t = \frac{1}{2}\left(\langle M+N,M+N\rangle_t - \langle M,M\rangle_t - \langle N,N\rangle_t\right)$$

Le théorème suivant est très utile et s'appelle la loi de forte des grands nombres.

Théorème 2.2.9 ***(Loi forte des grands nombres)***
Soit $M = \{M_t\}_{t\geq 0}$ *martingale locale continue à valeurs réelles issue de* $t = 0$. *Alors*

$$\lim_{t\to\infty}\langle M,M\rangle_t = \infty \quad p.s. \Longrightarrow \lim_{t\to\infty}\frac{M_t}{\langle M,M\rangle_t} = 0 \quad p.s.$$

Et on a aussi :

$$\limsup_{t\to\infty}\frac{\langle M,M\rangle_t}{t} < \infty \quad p.s. \Longrightarrow \lim_{t\to\infty}\frac{M_t}{t} = 0 \quad p.s.$$

2.3 Mouvement brownien standard

Le mouvement brownien est une description mathématique du mouvement aléatoire d'une « grosse » particule immergée dans un fluide et qui n'est soumise à aucune autre interaction que des chocs avec les « petites » molécules du fluide environnant.

Définition 2.3.1 *Soit* $(\Omega,\mathcal{F},P)$ *un espace de probabilité muni d'une filtration* $\{\mathcal{F}_t\}_{t\geq 0}$. *Un mouvement brownien unidimensionnel (standard) est un processus continu à valeurs réelles* $\{\mathcal{F}_t\}_{t\geq 0}$*-adapté* $\{B_t\}_{t\geq 0}$ *tel que :*

1. $B_0 = 0$ *p.s. ;*
2. *Pour* $0 \leq s < t < \infty$, $B_t - B_s$ *est normalement distribuée avec une espérance nulle est une variance égale à* $t - s$ *;*
3. *Pour* $0 \leq s < t < \infty$, $B_t - B_s$ *est indépendante de* $\mathcal{F}_s$.

la fonction densité d'une variable aléatoire X qui suit la loi normale avec l'espérance m et la variance σ^2 est,

$$f_{m,\sigma}(x) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma}\exp\left(-\frac{(x-m)^2}{2\sigma^2}\right)$$

Le mouvement brownien a de nombreuses propriétés importantes, certaines d'entre elles sont résumées ci-dessous :

Proposition 2.3.2 *Soit* $(\Omega,\mathcal{F},P)$ *un espace probabilisé muni d'une filtration* $\{\mathcal{F}_t\}_{t\geq 0}$ *satisfaisant les conditions habituelles et soit* $\{B_t\}_{t\geq 0}$ *un mouvement brownien. Alors :*

1. $\{-B_t\}_{t\geq 0}$ *est un mouvement brownien relativement à la même filtration* $\{\mathcal{F}_t\}_{t\geq 0}$.

2. *Soit $c > 0$. On définit*

$$X_t = \frac{B_{ct}}{\sqrt{c}} \qquad pour \ \ t \geq 0.$$

Alors $\{X_t\}_{t\geq 0}$ est un mouvement brownien relativement à la filtration $\{\mathscr{F}_{ct}\}_{t\geq 0}$.

3. *$\{B_t\}_{t\geq 0}$ est une martingale continue de carré-intégrable et sa variation quadratique est $\langle B, B\rangle_t = t$ pour tout $t \geq 0$.*

4. *La loi forte des grands nombres donne :*

$$\lim_{t\to\infty} \frac{B_t}{t} = 0 \quad p.s.$$

5. *Pour presque tout $\omega \in \Omega$, le chemin $B.(\omega)$ n'est nulle part différentiable.*

2.4 intégrale stochastique

Le but de cette section est de définir l'intégrale stochastique :

$$\int_0^t f(s)dB_s \tag{2.4.1}$$

où $\{B_t\}$ est un mouvement brownien de dimension m et $\{f(t), t \geq 0\}$ est un processus stochastique. Cette intégrale a été définie pour la première fois par K. Itô en 1949 et est maintenant connue sous le nom d'intégrale stochastique d'Itô.

Définition 2.4.1 *Soit $0 \leq a < b < \infty$. On note $\mathscr{M}^2([a,b];\mathbb{R})$ l'espace des processus $f = \{f(t)\}_{a\leq t\leq b}$ $\{F_t\}$-adapté à valeurs réelles tels que :*

$$\|f\|^2_{a,b} = E\int_a^b |f(t)|^2 dt < \infty$$

Pour définir l'intégrale d'Itô de $f \in \mathscr{M}^2([a,b]$, introduisons d'abord le concept de processus simples.

Définition 2.4.2 *Un processus stochastique $g = \{g(t)\}_{a\leq t\leq b}$ à valeurs réelles est dit simple s'il existe une partition $a = t_0 < t_1 < ... < t_k = b$ de $[a,b]$, et des variables aléatoires $\xi_i, 0 \leq i \leq k-1$ bornées telles que ξ_i est $\mathscr{F}_{t_i}$-mesurable et*

$$g(t) = \xi_0 I_{[t_0,t_1]}(t) + \sum_{i=1}^{k-1} \xi_i I_{(t_i,t_{i+1}]}(t) \tag{2.4.2}$$

On note par $\mathscr{M}_0([a,b];\mathbb{R})$ la famille de tous ces processus.

On a $\mathscr{M}_0([a,b];\mathbb{R}) \subset \mathscr{M}^2([a,b];\mathbb{R})$. Pour un processus simple, nous définissons l'intégrale d'Itô :

Définition 2.4.3 *Pour le processus $g \in \mathscr{M}_0([a,b];\mathbb{R})$ de la forme (2.4.2) , on pose :*

$$\int_a^b g(t)dB_t = \sum_{i=0}^{k-1} \xi_i (B_{t_{i+1}} - B_{t_i})$$

et appelons-la l'intégrale stochastique ou l'intégrale d'Itô de g par rapport au mouvement brownien $\{B_t\}_{t\geq 0}$.

Lemme 2.4.1 *Pour tout $f \in \mathscr{M}^2([a,b];\mathbb{R})$, il existe une suite $\{g_n\}$ de processus simples telle que :*

$$\lim_{n\to\infty} \mathrm{E}\int_a^b |f(t)-g_n(t)|^2 dt = 0$$

Définition 2.4.4 ***(Intégrale d'Itô)***
Soit $f \in \mathscr{M}^2([a,b];\mathbb{R})$. L'intégrale d' Itô de f par rapport à $\{\mathrm{B}_t\}$ est définie par :

$$\int_a^b f(t)d\mathrm{B}_t = \lim_{n\to\infty}\int_a^b g_n(t)d\mathrm{B}_t \ \ dans\, \mathrm{L}^2(\Omega,\mathrm{R})$$

où $\{g_n\}$ est une suite de processus simples telle que :

$$\lim_{n\to\infty} \mathrm{E}\int_a^b |f(t)-g_n(t)|^2 dt = 0$$

Notons que cette définition ne dépend pas de la suite $\{g_n\}$.

Par cette définition, l'intégrale d'Itô possède de nombreuses propriétés, nous en donnons certaines.

Théorème 2.4.5 *Soient $f, g \in \mathscr{M}^2([a,b];\mathbb{R})$, et soit α,β deux réels. On a :*

1. $\int_a^b f(t)d\mathrm{B}_t$ *est $\mathscr{F}_b$-mesurable*
2. $\mathrm{E}\int_a^b f(t)d\mathrm{B}_t = 0$
3. $\mathrm{E}|\int_a^b f(t)d\mathrm{B}_t|^2 = \mathrm{E}\int_a^b |f(t)|^2 dt$
4. $\int_a^b [\alpha f(t)+\beta g(t)]d\mathrm{B}_t = \alpha\int_a^b f(t)d\mathrm{B}_t + \beta\int_a^b g(t)d\mathrm{B}_t$

2.5 Équations différentielles stochastiques

Soit $(\Omega,\mathscr{F},\mathrm{P})$ un espace probabilisé muni d'une filtration $\{\mathscr{F}\}_{t\geq 0}$ satisfaisant les conditions habituelles. Soit $\mathrm{B}(t) = (\mathrm{B}_1(t),...,\mathrm{B}_m(t))^{\mathrm{T}}$, $t \geq 0$ un mouvement brownien de dimension m défini sur cet espace. Soient $0 \leq t_0 < \mathrm{T} < \infty$ et x_0 une variable aléatoire à valeurs dans $\mathbb{R}^d$ $\mathscr{F}_{t_0}$-mesurable telle que $\mathrm{E}|x_0|^2 < \infty$. Soient $f : \mathbb{R}^d \times [t_0,\mathrm{T}] \to \mathbb{R}^d$, et $g : \mathbb{R}^d \to \mathbb{R}^{d\times m}$ boréliennes. On considère l'équation différentielle stochastique de type Itô :

$$dx(t) = f(x(t),t)dt + g(x(t),t)d\mathrm{B}(t) \quad \text{pour } t_0 \leq t \leq \mathrm{T} \tag{2.5.1}$$

avec la condition initiale $x(0) = x_0$. Sous forme intégrale cette équation s'écrit :

$$x(t) = x_0 + \int_{t_0}^t f(x(s),s)ds + \int_{t_0}^t g(x(s),s)d\mathrm{B}(s) \quad \text{pour } t_0 \leq t \leq \mathrm{T} \tag{2.5.2}$$

2.5.1 Existence et unicité de la solution

En général, il est très difficile d'établir la solution explicite du système (2.5.2). Le théorème suivant présente un grand intérêt car il offre des conditions suffisantes pour l'existence et l'unicité d'une solution positive.

Théorème 2.5.1 *Supposons que les deux hypothèses suivantes sont vérifiées,*

1. ***(Condition de Lipschitz)*** *Pour chaque entier $n \geq 1$, il existe une constante strictement positive K_n telle que, pour tout $t \in [t_0, T]$ et tous $x, y \in \mathbb{R}^d$ avec $|x| \vee |y| \leq n$,*

$$|f(x,t) - f(y,t)|^2 \vee |g(x,t) - g(y,t)|^2 \leq K_n |x-y|^2 \tag{2.5.3}$$

2. ***(Condition de croissance linéaire)*** *Il existe une constante strictement positive K telle que, pour tout $(x,t) \in \mathbb{R}^d \times [t_0, T]$*

$$|f(x,t)|^2 \vee |g(x,t)|^2 \leq K(1+|x|^2) \tag{2.5.4}$$

Il existe alors une solution unique $x(t)$ de l'équation (2.5.2) et la solution appartient à $\mathscr{M}^2([t_0,T];\mathbb{R}^d)$.

Le théorème suivant (formule multidimensionnelle Itô) joue un grand rôle dans toute la suite de cette thèse, c'est un outil important pour calculer la dérivée d'une fonction $V(t,x) \in \mathscr{C}^2([0,\infty) \times \mathbb{R}^n)$ au sens de l'intégrale d'Itô.

Théorème 2.5.2 *Soit (X_t) un processus d'Itô donné par l'équation stochastique (2.5.2) et soit $V(t,x) \in \mathscr{C}^2([0,\infty) \times \mathbb{R}^n)$. Alors $V(t,X_t)$ est un processus d'Itô avec :*

$$dV(t,X_t) = \left\{ \frac{\partial V(t,X_t)}{\partial t} + \frac{\partial V(t,X_t)}{\partial x}.f(t,X_t) + \frac{1}{2} Tr\left[g^T(t,X_t) \frac{\partial^2 V(t,X_t)}{\partial x^2} g(t,X_t) \right] \right\} dt + \frac{\partial V(t,X_t)}{\partial x}.g(t,X_t) dB_t$$

où

$$\frac{\partial V(t,X_t)}{\partial x} = \left(\frac{\partial V(t,X_t)}{\partial x_1}, \ldots, \frac{\partial V(t,X_t)}{\partial x_n} \right)^T \quad et \quad \frac{\partial^2 V(t,X_t)}{\partial x^2} = \left(\frac{\partial^2 V(t,X_t)}{\partial x_i \partial x_j} \right)_{1 \leq i,j \leq n}$$

Définition 2.5.3 *L'opérateur $\mathscr{L}$ défini pour une fonction $V(t,x) \in \mathscr{C}^2([0,\infty) \times \mathbb{R}^n)$ par*

$$\mathscr{L}V = \frac{\partial V}{\partial t} + f^T.\frac{\partial V}{\partial x} + \frac{1}{2} Tr\left[g^T.\frac{\partial^2 V}{\partial x^2}.g \right]$$

est appelé opérateur différentiel associé au système ((2.5.2)).

Avec cette définition, la formule d'Itô peut être écrite ainsi :

$$dV(t,X_t) = \mathscr{L}V(t,X_t)dt + \frac{\partial V(t,X_t)}{\partial x}.g(t,X_t)dB_t.$$

2.6 Existence d'une distribution stationnaire

Une distribution stationnaire d'un processus de Markov est une distribution de probabilité qui reste inchangée au cours d'une longue période. Le but de cette section est d'étudier l'existence d'une distribution stationnaire unique de la solution du système autonome

$$dX(t) = f(X(t))dt + g(X(t))dB(t) \tag{2.6.1}$$

Plus précisément, supposons que $p(t,x_0,.)$ représente la probabilité de transition de $X(t)$ avec la valeur initiale $x_0 \in \mathbb{R}^n$. S'il existe une mesure de probabilité invariante π telle que, pour tout $x \in \mathbb{R}^n$, nous avons $p(t,x,B) \to \pi(B)$ quand $t \to \infty$ et $B \in \mathscr{B}(\mathbb{R}^n)$, on dit alors que le modèle (2.5.2) a une distribution stationnaire. Le théorème suivant dû à Khasminskii [4] donne des conditions suffisantes pour l'existence d'une distribution stationnaire unique.

Théorème 2.6.1 *Assume that there exists a bounded open domain $\mathscr{D} \subset \mathbb{R}^n$, with regular boundary such that its closure $\bar{\mathscr{D}} \supset \mathbb{R}^n$, and*

1. *In the open domain $\mathscr{D}$ and some neighborhood thereof, the smallest eigenvalue of the diffusion matrix is bounded away from zero.*
2. *if $x \in \mathbb{R}^n \backslash \mathscr{D}$, the mean time τ at which a path issuing from x reaches the set $\mathscr{D}$ is finite, and $\sup_{x \in K} E^x \tau < \infty$ for every compact subset $K \subset \mathbb{R}^n$. Then the Markov process $X(t)$ has a unique stationary distribution π with nowhere zero density in $\mathscr{D}$, such that for any $B \in \mathscr{B}(\mathbb{R}^n), \mathscr{B} \subset D$:*

$$P(t; x, B) \to \pi(B) \quad as \ \ t \to \infty; \tag{2.6.2}$$

where $P(t, x, B)$ is the transition probability $P(t, x, B) = P(X(t, x) \in B)$ for the solution of the given stochastic differential equation.

Le théorème suivant donne des critères plus pratiques pour vérifier l'existence d'une distribution stationnaire unique pour (2.6.1).

Théorème 2.6.2 *Given the same assumptions as in Theorem 2.6.1. , suppose further that $\lambda, \Lambda \in \mathbb{R}_+^*$ exist, such that*

1. $\sum_{i,j=1}^{n} \left(\sum_{k=1}^{m} b_{ik}(x) b_{kj}(x) \xi_i \xi_j \right) \geq \lambda ||\xi||^2$ *for all $x \in \bar{\mathscr{D}}, \xi \in \mathbb{R}^n$,*
2. $\mathscr{L} V(X) \leq -\Lambda$ *for all $x \in \mathbb{R}^n \backslash \mathscr{D}$,*

where V is a nonnegative $\mathscr{C}^2$-function. Then there exists an invariant distribution π of system (2.6.1).

2.7 Semi-groupe de Markov

Dans le cas où la matrice de diffusion du modèle stochastique (2.5.2) est dégénérée, c'est-à-dire qui ne satisfait pas la condition d'ellipticité uniforme (La condition *(1)* du théorème 2.6.2), nous ne pouvons pas appliquer théorème 2.6.2 pour vérifier l'existence d'une distribution stationnaire unique. En revanche, pour analyser les propriétés asymptotiques de tels modèles, une alternative est donné par la théorie du semigroupe de Markov. Nous présentons quelques définitions et résultats auxiliaires concernant les semi-groupes de Markov (voir plus de détails dans [9, 7]). En général, supposons que $(E, \mathscr{E}, m)$ soit un espace de mesure σ-finie. On définit D le sous-ensemble de $L^1(m)$ qui contient toutes les densités

$$D = \left\{ f \in L^1 : f \geq 0, \|f\|_{L^1} = 1 \right\}.$$

Une application linéaire $P : L^1 \to L^1$ est dite un opérateur de Markov si $P(D) \subset D$. L'opérateur de Markov P est appelé opérateur intégral ou opérateur à noyau s'il existe une fonction mesurable $\mathscr{K} : E \times E \to [0, \infty)$ telle que

$$\int_E \mathscr{K}(x, y) m(dx) = 1 \quad \forall y \in E, \text{ and } Pf(y) = \int_E \mathscr{K}(x, y) f(y) m(dx) \quad \forall f \in D.$$

Une famille $\{P(t)\}_{t \geq 0}$ d'opérateur de Markov est dite semi-groupe de Makrov si elle satisfait les conditions suivantes :

(i) $P(0) = Id$,

(ii) $P(t+s) = P(t)P(s)$ *pour* $s,t \geq 0$

(iii) pour chaque $f \in L^1$ la fonction $t \to P(t)f$ est continue par rapport à la norme L^1.

Un semi-groupe de Markov $\{P(t)\}_{t\geq 0}$ est dit à noyau si, pour chaque $t > 0$, l'opérateur $P(t)$ est à noyau. Une densité f_* est appelée invariante sous le semi-groupe $\{P(t)\}_{t\geq 0}$ si $P(t)f_* = f_*$, $\forall\, t \geq 0$. Le semi-groupe markovien $\{P(t)\}_{t\geq 0}$ est appelé asymptotiquement stable s'il existe une densité invariante f_* telle que :

$$\lim_{t\to\infty} \|P(t)f - f_*\|_{L^1} = 0 \quad \forall f \in D.$$

Un semi-groupe de Markov $\{P(t)\}_{t\geq 0}$ est dit "sweeping" par rapport à un ensemble $A \in \mathscr{E}$ si pour tout $g \in D$.

$$\lim_{t\to\infty} \int_A P(t)g(x)m(dx) = 0.$$

Le théorème suivant donne une condition suffisante pour qu'un semi-groupe de Markov à noyau soit asymptotiquement stable, ou bien "sweeping".

Théorème 2.7.1 *Soient* E *un espace métrique muni d'une mesure* σ*-finie et* $\mathscr{E}$ *la* σ*-algèbre des boréliens de* E. *Soit* $\{P(t)\}_{t\geq 0}$ *un semi-groupe de Markov à noyau* $\mathscr{K}(t,x,y)$, $t \geq 0$, *continu .On suppose que pour tout* $f \in D$ *on a :*

$$\int_0^\infty P(t)f\,dt > 0 \quad p.s$$

alors ce semigroupe est asymptotiquement stable ou "sweeping" par rapport aux ensembles compacts. .

La propriété qu'un semi-groupe de Markov $\{P(t)\}_{t\geq 0}$ est asymptotiquement stable ou "sweeping" pour une famille d'ensembles s'appelle l'alternative de Foguel.

2.8 Estimation des paramètres

On considère l'équation différentielle stochastique de type Itô :

$$dX(t) = f(X(t),\theta)dt + g(X(t),\theta)dB(t) \quad \text{pour } t_0 \leq t \leq T \tag{2.8.1}$$

avec la condition initiale $X(0) = X_0$. Les deux fonctions f et g sont connues et telles que la solution de (2.8.1) existe. Le paramètre $\theta \in \Theta \subset \mathbb{R}^s$ est multidimentionel et θ_0 est le vrai paramètre à estimer à partir d'un échantillon de $(K+1)$ observations $X_0,...,X_K$ du processus à des instants connus $t_0,...,t_K$ [3].
Il existe de nombreux estimateurs, mais l'estimateur de maximum de vraisemblance reste le plus populaire.

2.8.1 Estimateur du maximum de vraisemblance

Soit $f_0(X_0|\theta)$ la densité de l'état initial et $f(X_{k+1}|X_k;\theta) := f((X_{k+1},t_{k+1})|(X_k,t_k);\theta)$ la valeur de la densité du probabilté de transition au point (X_{k+1},t_{k+1}). L'estimateur du maximum de vraisemblance consiste à minimiser la fonction logarithme de vraisemblance négative de l'échantillon observé :

$$-\log \mathscr{L}(\theta) = -\log f_0(X_0|\theta) - \sum_{k=0}^{n-1} \log f(X_{k+1}|X_k;\theta) \tag{2.1}$$

par rapport au paramètre θ.

Définition 2.8.1 *Un estimateur* $\hat{\theta}_n$ *est dit consistant pour* θ *si* $\hat{\theta}_n \to \theta$ *en probabilité, i.e.*

$$\textit{Pour tout }, \epsilon > 0 \quad \lim_{n\to\infty} P_\theta(\|\hat{\theta}_n - \theta\| < \epsilon) = 1, \quad \textit{where } \|.\| \textit{ est une norme sur } \Theta. \tag{2.2}$$

Dans [8], Rao donne certaines conditions de régularité qui garantissent l'existence d'un estimateur de maximum de vraisemblance consistant de θ.

Lorsque les densités de transition ne sont pas connues, la fonction de vraisemblance ne peut pas être calculée directement.
Une façon d'obtenir des estimateurs est d'utiliser un schéma d'approximation. Ces schémas d'approximation n'approchent pas directement la densité de transition, mais la trajectoire du processus de telle sorte que la version discrétisée du processus a une probabilité utilisable. Dans la section suivante, on donnera une description de l'estimateur d'Euler-maximum de vraisemblance . Un théorème concernant la convergence asymptotique de cet estimateur est présenté.

2.8.2 Estimateur d'Euler-maximum de vraisemblance

On considère le système stochastique homogène suivant:

$$dX_t = a(X_t, \theta_1)dt + b(X_t, \theta_2)dB_t$$

où a et b sont deux fonctions qui représentent respectivement la fonction drift et la fonction de diffusion. Soit $\theta = (\theta_1', \theta_2')'$, on note $\mathscr{D} = (\underline{x}, \bar{x})$ le domaine de X_t. L'approximation par le schéma d'Euler du système précédent est :

$$X_{i\Delta} - X_{(i-1)\Delta} \simeq a(X_{(i-1)\Delta})\Delta + b(X_{(i-1)\Delta})(B_{i\Delta} - B_{(i-1)\Delta})$$

dans un intervalle du temps $[0, T]$ et avec un pas Δ constant. La densité de transition, approchée, de x à y est :

$$p(x,y) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\Delta}b(x)} \exp\left[-\frac{(y - x - \Delta a(x))^2}{2\Delta b^2(x)}\right]$$

Soient $n = T/\Delta$, Θ l'espace des paramètres , a_θ la dérivée de a par rapport à θ et b_θ celle de b. L'estimateur d'Euler-maximum de vraisemblance de $\hat{\theta}$ est donné par :

$$\hat{\theta} = \text{argmax}A_{\theta\in\Theta} L(\theta)$$

où $L(\theta)$ est définie ainsi :

$$L(\theta) = \sum_{i=1}^{n} \log p(x_{(i-1)\Delta}, x_{i\Delta}, \theta)$$

Les hypothèses suivantes seront utilisées pour étudier le comportement asymptotique de l'estimateur du pseudo maximum de vraisemblance :
A1) $a(x, \theta_1)$ a des dérivées jusqu'à l'ordre 6, et $b(x, \theta_1)$ a des dérivées jusqu'à l'ordre 7, par rapport à x sur $\mathscr{D}$. $a(x, \theta_1)$ et $b(x, \theta_2)$ et ses dérivées par rapport à x ont des dérivées jusqu'à l'ordre 6 , par rapport à θ sur l'intérieur de Θ.

A2) Soit f la fonction a ou b ou l'une de ses dérivées ou b^{-1}. Nous supposons que f est localement bornée sur le domaine $\mathscr{D}$, et il existe une fonction κ_f positive, croissante est telle que :

$$\frac{1}{\kappa_f(T)} \sup_{t\in[0,T]} |f(X_t)| \to_p 0$$
$$T^{-p}\kappa_f(T) \to 0$$

quand $T \to \infty$ pour un certain $p < 0$. κ_f est appelée la fonction asymptotique de f.
A3) Il existe deux fonctions positive et croissante ω_{θ_1} et ω_{θ_2} telles que :

$$\omega_{\theta_1}^{-2}(T)\int_0^T \frac{a_{\theta_1}^2}{\sigma^2}(X_t)dt \quad \text{et} \quad \omega_{\theta_2}^{-2}(T)\int_0^T \frac{a_{\theta_2}^2}{\sigma^2}(X_t)dt$$

convergent en distribution vers une certaine variable aléatoire, presque sûrement positive, quand $T \to \infty$.
A4) $b^2(x) > 0$ pour tout $x \in \mathscr{D}$.
A5) Soient κ_1 et κ_2 deux fonctions asymptotiques qui satisfaitent :

$$\Delta T \to 0$$
$$\Delta^{1/4}\kappa_1(T\kappa_2(T)) \to 0$$

quand $T \to \infty$ et $\Delta \to 0$.
A6) Soit κ une fonction asymptotique de f, et $\dot{\kappa}$ une fonction asymptotique de la dérivée de f par rapport à θ. Pour tout $\epsilon > 0$ on a :

$$T^{-\epsilon}\frac{\dot{\kappa}(T)}{\kappa(T)} \to 0$$

quand $T \to \infty$.
A7) Soient $\theta_0 \in \Theta$ et v une fonction de T et Δ. Soit κ l'une des fonctions asymptotiques dans (A.2).On définit $\mathscr{N}_{T,\Delta} = \{\theta :| v'(\theta-\theta_0) |\leq 1\}$, avec v satisfaisant $v\omega^{-1} \to 0$, on a

$$\sup_{\theta\in\mathscr{N}_{T,\Delta}} \left| \frac{\kappa(T,\theta_0)}{\kappa(T,\theta)} \right| \to 1$$

quand $T \to \infty$ sous l'hypothèse A5). Afin de déterminer la convergence asymptotique de l'estimateur d'Euler-MV, nous donnons le théorème suivant (voir , [6, Theorem 1. pp. 17]).

Théorème 2.8.2 *Si les hypothèses de 1 à 7 sont vérifiées, les comportement asymptotiques, du premier ordre, de l'estimateur d'Euler MV sont donnés comme suit*:

$$\hat{\theta_1} - \theta_1 \approx \left(\int_0^T \frac{a_{\theta_1}a'_{\theta_1}}{b^2}(X_t)dt\right)^{-1}\int_0^T \frac{a_{\theta_1}}{b}(X_t)dB_t$$
$$\hat{\theta_2} - \theta_2 \approx \sqrt{\frac{\Delta}{2}}\left(\int_0^T \frac{b_{\theta_2}b'_{\theta_2}}{b^2}(X_t)dt\right)^{-1}\int_0^T \frac{b_{\theta_2}}{b}(X_t)dV_t$$

quand $T \to \infty$ *et* $\Delta \to 0$. V_t *est un mouvement brownien standard indépendant de* B_t.

2.9 Références

[1] CAPASSO, V. 1993, «Mathematical structures of epidemic systems», *Springer*, vol. 97. xi, 17

[2] HALE, J. 1969, «Ordinary differential equations», *Wiley-Interscience, New York*. 18

[3] IACUS, S. M. 2008, «Simulation and inference for stochastic differential equations with r examples», *Springer Series in Statistics*. 27

[4] KHASMINSKII, R. et G. N. MILSTEIN. 2011, «Stochastic stability of differential equations», *Stochastic Modelling and Applied Probability. Springer Science & Business Media, 2011*, vol. 66. 25

[5] MAO, X. 1997, «Stochastic differential equations and applications», *Horwood,Chichester*. xi, 19

[6] MINSOO, J. 2009, «Asymptotics for the maximum likelihood estimators of diffusion models», *Texas A&M University Theses, Dissertations, and Records of Study (2002–)*. 29

[7] R, R. et K. PICHÓR. «Influence of stochastic perturbation on prey-predator systems», *Math Biosci., 206,108, 2007*. 26

[8] RAO, C. 1973, «Linear statistical inference and its applications», *2nd Edition, Wiley, New York*. 28

[9] RUDNICKI, R. 2002, «Markov semigroups and their applications», *Lecture Notes Phys.*, vol. 597, nº 215. 26

Chapitre 3

Étude stochastique d'un modèle SIR avec rechute non linéaire

« *Abstract : In this chapter, we investigate the conditions that control the extinction and the existence of a unique stationary distribution of a non-linear mathematical spread model with stochastic perturbations in a population of varying size with relapse [5]. Numerical simulations are carried out to illustrate the theoretical results.* »

Key words : Stochastic epidemic model, Extinction, Stationary distribution

Sommaire

3.1 Formulation du modèle 32
3.1.1 Introduction 32
3.1.2 Modèle stochastique 32
3.2 Extinction de la maladie 33
3.2.1 Deux lemmes préparatoires 33
3.2.2 Condition suffisante d'extinction 37
3.3 Distribution stationnaire et récurrence positive 39
3.4 Conclusion et simulation numérique 43
3.5 Références 45

3.1 Formulation du modèle

3.1.1 Introduction

On évoque le terme de rechute en médecine pour caractériser la réapparition des symptômes d'une maladie au commencement de la convalescence, elle traduit un nouveau départ d'une maladie existante, traitée, et en voie de guérison. La rechute fait également référence au retour à l'utilisation d'une substance ou d'un comportement addictif, comme le tabagisme. Par exemple, pour la tuberculose humaine, un traitement incomplet peut entraîner une rechute, mais elle peut également survenir chez les patients qui suivent un traitement complet et qui sont déclarés guéris. Récemment, une attention considérable a été accordée au phénomène de la rechute pour la modéliser. Dans [12] Tuder développe l'un des premiers modèles épidémiques avec rechute dans une population constante avec un taux d'incidence bilinéaire. Moreira et Wang [11] ont introduit un taux d'incidence non linéaire dans leur modèle. Van Den Driessche et Zou dans [13], ont formulé un modèle épidémique SIRI comme un système intégro-différentiel. Dans [3], le déplacement des individus récupérés vers la classe infectieuse due à la rechute est donné par ηR_t. Inspiré par les travaux cités ci-dessus et le fait que si la rechute est due au contact avec des personnes infectées, il est plus raisonnable de considérer un taux de rechute bilinéaire $\sigma\beta R_t I_t$. Nous considérons le modèle compartimental SIR avec rechute suivant dans une population de taille variable avec un taux de rechute bilinéaire.

$$\begin{cases} dS_t = \left(\Lambda - \mu_1 S_t - \beta S_t I_t\right) dt, \\ dI_t = \left(-(\mu_2+\alpha) I_t + \beta S_t I_t + \sigma\beta R_t I_t\right) dt, \\ dR_t = \left(-\mu_3 R_t + \alpha I_t - \sigma\beta R_t I_t\right) dt. \end{cases} \tag{3.1.1}$$

Dans ce modèle, chaque lettre fait référence à un compartiment dans lequel un individu peut se trouver. Soit S_t le nombre de membres d'une population sensible à la maladie à l'instant t, I_t le nombre de membres infectieux et R_t le nombre de membres qui ont été retirés du compartiment S avec une immunité permanente ou temporaire. Les paramètres du modèle ont la signification suivante : Λ est le taux auquel les nouveaux individus entrent dans la population, α est le taux auquel les individus infectieux sont récupérés, $\sigma \in [0,1]$ est le paramètre qui mesure l'intensité de la rechute et les constantes positives μ_1, μ_2 et μ_3 satisfaisant

$$\mu_1 \leq \min\{\mu_2, \mu_3\}, \tag{3.1.2}$$

et qui représentent, respectivement, le taux de mortalité naturelle des individus sensibles, infectés et récupérés.

3.1.2 Modèle stochastique

Un apport important à la modélisation de la dynamique des épidémies est l'introduction de la stochasticité dans ces modèles . De nombreux chercheurs ont étudié l'effet de la stochasticité sur les modèles épidémiques [1, 9, 7]. Par exemple, pour inclure la variabilité démographique stochastique, Allen [1] a étudié une EDS pour des modèles simples d'épidémies SIS et SIR avec une taille de population constante dérivée d'un modèle de chaîne de Markov en temps continu. Dans [2], la situation de perturbations stochastiques par un bruit blanc autour de l'état d'équilibre endémique a été considérée. Dans [10] les auteurs ont formulé une version stochastique du modèle classique de l'épidémie SIS avec une taille de population variable. Les auteurs ont étudié le comportement à long terme

du système stochastique. Ils ont également donné des conditions pour l'extinction et la persistance de la maladie dans la population. Selon la valeur du seuil $R_\sigma = \frac{\beta\Lambda}{\mu(\mu+\lambda+\frac{1}{2}\sigma^2)}$, ils ont montré que si $R_\sigma < 1$, la maladie s'éteindra de la population avec probabilité 1 et la maladie persistera si $R_\sigma > 1$. Dans le cas de la persistance, ils ont prouvé l'existence d'une distribution stationnaire.

Soit $(\Omega, \mathscr{F}, \{\mathscr{F}_t\}_{t\geq 0}, \mathbb{P})$ un espace probabilisé muni d'une filtration $\{\mathscr{F}_t\}_{t\geq 0}$ satisfaisant les conditions habituelles. Dans ce travail , nous supposons que les fluctuations de l'environnement se manifesteront principalement par des fluctuations des taux de mortalité de S, I et R. Plus précisément, $\mu_1 dt$ est remplacé par $\mu_1 dt + \sigma_1 dB_1$, c'est-à-dire , le taux est perturbé par un bruit blanc Gaussien. Les taux μ_2 and μ_3 sont également perturbés par des bruits blancs gaussiens ; les trois bruits blancs sont supposés indépendants. Par conséquent, le système stochastique correspondant à (3.1.1) peut être décrit par le système d'équations suivant :

$$\begin{cases} dS_t = \left(\Lambda - \mu_1 S_t - \beta S_t I_t\right) dt - \sigma_1 S_t dB_t^1, \\ dI_t = \left(-(\mu_2+\alpha) I_t + \beta S_t I_t + \sigma\beta R_t I_t\right) dt - \sigma_2 I_t dB_t^2, \\ dR_t = \left(-\mu_3 R_t + \alpha I_t - \sigma\beta R_t I_t\right) dt - \sigma_3 R_t dB_t^3, \end{cases} \tag{3.1.3}$$

où B_t^1, B_t^2 et B_t^3 sont des mouvements Brownien indépendants , σ_1, σ_2, σ_3 représentent les intensités des fluctuations environnementales. En utilisant une méthode similaire à celle utilisée dans [6, 9], on peut montrer l'existence et l'unicité d' une solution de (3.1.3) et qui est positive presque sûrement pour toute valeur positive de (S_0, I_0, R_0).

3.2 Extinction de la maladie

Dans cette section, on va établir une condition suffisante pour l'extinction de la maladie.

3.2.1 Deux lemmes préparatoires

Dans le lemme suivant, on montrera que les solutions S_t, I_t et R_t du système (3.1.3) ont des moments finis.

Lemme 3.2.1 *Soit* $N_t = S_t + I_t + R_t$ *la taille totale de la population dans le système* (3.1.3) *pour une condition initiale* (S_0, I_0, R_0). *Alors pour tout* $q > 1$ *tel que* $\mu_1 - \frac{1}{2}(q-1)\overline{\sigma}^2 > 0$, *avec* $\overline{\sigma} = \max(\sigma_1, \sigma_2, \sigma_3)$, *on a*

$$(i)\ \limsup_{t\to+\infty} \mathbb{E} N_t^q \leq \left(\frac{\Lambda}{\mu_1 - \frac{1}{2}(q-1)\overline{\sigma}^2}\right)^q, \tag{3.2.1}$$

$$(ii)\ \sup_n \mathbb{E}\left(\max_{t\in[n,n+1]} N_t^q\right) < +\infty. \tag{3.2.2}$$

Preuve
(i) Soit $q > 1$ tel que $\mu_1 - \frac{1}{2}(q-1)\overline{\sigma}^2 > 0$ et soit $\theta > 0$ avec $\mu_1 - \frac{1}{2}(q-1)\overline{\sigma}^2 - \frac{\theta}{q} > 0$.
D'aprés la formule d' Itô on a

$$de^{\theta t} N_t^q = \mathscr{L} e^{\theta t} N_t^q dt - q e^{\theta t} N_t^{q-1}\left(\sigma_1 S_t dB_1 + \sigma_2 I_t dB_2 + \sigma_3 R_t dB_3\right). \tag{3.2.3}$$

où $\mathscr{L}$ est l'opérateur donné dans la définition 2.5.3.
Ainsi :

$$\begin{aligned}\mathscr{L}e^{\theta t}N_t^q &= \theta e^{\theta t}N_t^q + e^{\theta t}qN_t^{q-1}\Big[\Lambda - \mu_1 S_t - \mu_2 I_t - \mu_3 R_t\Big] \\ &\quad + \frac{q(q-1)}{2}e^{\theta t}N_t^{q-2}\Big(\sigma_1^2 S_t^2 + \sigma_2^2 I_t^2 + \sigma_3^2 R_t^2\Big) \\ &\leq qe^{\theta t}\left[\Lambda N_t^{q-1} - \left(\mu_1 - \frac{1}{2}(q-1)\overline{\sigma}^2 - \frac{\theta}{q}\right)N_t^q\right]. \end{aligned} \tag{3.2.4}$$

Notons que la fonction $\Lambda x^{q-1} - \big(\mu_1 - \frac{1}{2}(q-1)\overline{\sigma}^2 - \frac{\theta}{q}\big)x^q$ est majorée sur $(0,\infty)$ avec

$$\max_{x>0}\left\{\Lambda x^{q-1} - \big(\mu_1 - \frac{1}{2}(q-1)\overline{\sigma}^2 - \frac{\theta}{q}\big)x^q\right\} = \frac{(q-1)^{q-1}\Lambda^q}{q^q\big(\mu_1 - \frac{1}{2}(q-1)\overline{\sigma}^2 - \frac{\theta}{q}\big)^{q-1}}. \tag{3.2.5}$$

En intégrant (3.2.3) et en passant à l'espérance dans les deux membres et en utilisant (3.2.4) et (3.2.5) on obtient

$$\mathbb{E}N_t^q \leq \mathbb{E}N_0^q e^{-\theta t} + \frac{(q-1)^{q-1}\Lambda^q}{q^{q-1}\theta\big(\mu_1 - \frac{1}{2}(q-1)\overline{\sigma}^2 - \frac{\theta}{q}\big)^{q-1}}(1-e^{-\theta t}).$$

Par conséquent, pour tout $\theta \in \big(0, q\big(\mu_1 - \frac{1}{2}(q-1)\overline{\sigma}^2\big)\big)$ on a

$$\limsup_{t\to+\infty}\mathbb{E}N_t^q \leq \frac{(q-1)^{q-1}\Lambda^q}{q^{q-1}\theta\big(\mu_1 - \frac{1}{2}(q-1)\overline{\sigma}^2 - \frac{\theta}{q}\big)^{q-1}}$$

et puisque

$$\min_{0<\theta<q(\mu_1-\frac{1}{2}(q-1)\overline{\sigma}^2)} \frac{(q-1)^{q-1}\Lambda^q}{q^{q-1}\theta\big(\mu_1 - \frac{1}{2}(q-1)\overline{\sigma}^2 - \frac{\theta}{q}\big)^{q-1}} = \left(\frac{\Lambda}{\mu_1 - \frac{1}{2}(q-1)\overline{\sigma}^2}\right)^q.$$

on a (i).
(ii) De (3.2.3) et (3.2.4) on a pour tout $t \in [n, n+1]$,

$$\begin{aligned} N_t^q \leq\ & N_n^q + \int_n^t \Big(\Lambda N_s^{q-1} - (\mu_1 - \frac{1}{2}(q-1)\overline{\sigma}^2)N_s^q\Big)ds \\ & - \int_n^t N_s^{q-1}\Big(\sigma_1 S_s dB_1(s) + \sigma_2 I_s dB_2(s) + \sigma_3 R_s dB_3(s)\Big) \\ \leq\ & N_n^q + \int_n^t \Big|\Lambda N_s^{q-1} - (\mu_1 - \frac{1}{2}(q-1)\overline{\sigma}^2)N_s^q\Big|ds \\ & - \int_n^t qN_s^{q-1}\Big(\sigma_1 S_s dB_1(s) + \sigma_2 I_s dB_2(s) + \sigma_3 R_s dB_3(s)\Big). \end{aligned}$$

ainsi

$$\max_{t\in[n,n+1]} N_t^q \leq N_n^q + \int_n^{n+1}\Big|\Lambda N_s^{q-1} - (\mu_1 - \frac{1}{2}(q-1)\overline{\sigma}^2)N_s^q\Big|ds + \max_{t\in[n,n+1]} M_t,$$

où

$$M_t = -\int_n^t qN_s^{q-1}\Big(\sigma_1 S_s dB_1(s) + \sigma_2 I_s dB_2(s) + \sigma_3 R_s dB_3(s)\Big)$$

De (3.2.1) et la continuité de $t \mapsto N_t$, il existe $C > 0$ telle que

$$\sup_{t\geq 0} \mathbb{E}N_t^q \leq C. \tag{3.2.6}$$

Donc , il existe une constante strictement positive C_1 telle que

$$\mathbb{E}\left(\max_{t\in[n,n+1]} N_t^q\right) \leq C_1 + \mathbb{E}\left(\max_{t\in[n,n+1]} M_t\right) \tag{3.2.7}$$

A nouveau la formule d'Itô donne :

$$\begin{aligned} dN_t^q =& qN_t^{q-1}\Big(\Lambda - \mu_1 S_t - \mu_2 I_t - \mu_3 R_t\Big)dt + \frac{q(q-1)}{2}N_t^{q-2}\Big(\sigma_1^2 S_t^2 + \sigma_2^2 I_t^2 + \sigma_3^2 R_t^2\Big)dt \\ & - qN_t^{q-1}\Big(\sigma_1 S_t dB_1(t) + \sigma_2 I_t dB_2(t) + \sigma_3 R_t dB_3(t)\Big). \end{aligned}$$

En intégrant cette dernière équalité on obtient

$$\begin{aligned} & -\int_n^t qN_s^{q-1}\Big(\sigma_1 S_s dB_1(s) + \sigma_2 I_s dB_2(s) + \sigma_3 R_s dB_3(s)\Big)ds \\ & = N_t^q - N_n^q - \int_n^t qN_s^{q-1}\big(\Lambda - \mu_1 S_s - \mu_2 I_s - \mu_3 R_s\big)ds \\ & - \int_n^t \frac{q(q-1)}{2}N_s^{q-2}\big(\sigma_1^2 S_s^2 + \sigma_2^2 I_s^2 + \sigma_3^2 R_s^2\big)ds. \end{aligned}$$

d'où on déduit que

$$\begin{aligned} |M_t| \leq & N_t^q + N_n^q + \int_n^{n+1}\Big|qN_s^{q-1}(\Lambda - \mu_1 S_s - \mu_2 I_s - \mu_3 R_s)\Big|ds \\ & + \int_n^{n+1}\left|\frac{q(q-1)}{2}N_s^{q-2}\Big(\sigma_1^2 S_s^2 + \sigma_2^2 I_s^2 + \sigma_3^2 R_s^2\Big)\right|ds. \end{aligned}$$

Ainsi , il existe une constante C_2 positive telle que

$$|M_t| \leq N_t^q + N_n^q + C_2\int_n^{n+1}\left[N_s^{q-1} + N_s^q\right]ds. \tag{3.2.8}$$

Soit $q' > 1$ on a

$$\begin{aligned} \mathbb{E}\left(\max_{t\in[n,n+1]}|M_t|^{q'}\right) \leq & \left(\frac{q'}{q'-1}\right)^{q'}\max_{t\in[n,n+1]}\mathbb{E}|M_t|^{q'} \\ \leq & C_3\mathbb{E}\left(N_t^{qq'} + N_n^{qq'} + \int_n^{n+1}\left[N_s^{(q-1)q'} + N_s^{(q-1)q'}\right]ds\right). \end{aligned}$$

où C_3 est une constante positive indépendante de n, la première inégalité s'obtient à partir de l'inégalité maximale de Doob et la deuxième de (3.2.8) et l'inégalité de Jensen. Choisissons $q' = 1 + \gamma$ où $0 < \gamma < \frac{2\mu_1}{\sigma_1^2}$ on a

$$q' > 1, qq' > 1 \text{ et } \mu_1 - \frac{1}{2}(qq' - 1)\overline{\sigma}^2 > 0.$$

Ainsi, de (3.2.6) on obtient

$$\mathbb{E}\left(\max_{t\in[n,n+1]}|M_t|^{q'}\right) < +\infty,$$

et par (3.2.7) on a

$$\mathbb{E}\left(\max_{t\in[n,n+1]} \mathrm{N}_t^q\right) \leq \mathrm{C}_1 + \left(\mathbb{E}\left(\max_{t\in[n,n+1]} |\mathrm{M}_t|^{q'}\right)\right)^{\frac{1}{q'}} < +\infty.$$

■

Sous les conditions du lemme précédent, on a le lemme suivant.

Lemme 3.2.2 *Soit* $(\mathrm{S}_t, \mathrm{I}_t, \mathrm{R}_t)$ *la solution de* (3.1.3) *avec la condition initiale positive* $(\mathrm{S}_0, \mathrm{I}_0, \mathrm{R}_0)$. *supposons que* $\frac{1}{2}\overline{\sigma}^2 < \mu_1$. *Alors :*

$$(i)\ \lim_{t\to\infty} \frac{\mathrm{N}_t}{t} = 0.$$
$$(ii)\ \lim_{t\to\infty} \frac{1}{t}\int_0^t \mathrm{S}_u d\mathrm{B}(u) = \lim_{t\to\infty} \frac{1}{t}\int_0^t \mathrm{I}_u d\mathrm{B}(u) = \lim_{t\to\infty} \frac{1}{t}\int_0^t \mathrm{R}_u d\mathrm{B}(u) = 0.$$

Preuve
(i) D'aprés (3.2.2) et l'inégalité de Markov il existe une constante positive C telle que

$$\mathbb{P}\left(\sup_{n\leq t\leq n+1} \frac{\mathrm{N}_t}{t} > n^{-q'}\right) = \mathbb{P}\left(\sup_{n\leq t\leq n+1} \frac{\mathrm{N}_t^q}{t^q} > n^{-qq'}\right) \leq \frac{\mathrm{C}}{n^{q-qq'}},$$

où q vérifie les conditions du Lemme 3.2.1 et q' est une constante positive telle que $q' < 1 - \frac{1}{q}$.
Le lemme de Borel-Cantelli donne, pour presque tout $\omega \in \Omega$, l'existence d'un entier aléatoire $n_0(\omega)$ telle que pour tout $n \geq n_0$

$$\sup_{n\leq t\leq n+1} \frac{\mathrm{N}_t}{t} \leq n^{-q'},$$

ainsi pour tout $t \in [n, n+1]$ et $n > n_0$

$$\frac{\mathrm{N}_t}{t} \leq n^{-q'}.$$

Soit $n \to \infty$, alors $t \to \infty$ et par conséquent

$$\lim_{\infty} \frac{\mathrm{N}_t}{t} = 0.\ \text{p.s.}$$

(ii) Nous allons prouver que $\lim_{t\to\infty} \frac{1}{t}\int_0^t \mathrm{S}_u d\mathrm{B}(u) = 0$, les autres limites peuvent être obtenues de la même manière. Posons $\mathrm{X}_t = \int_0^t \mathrm{S}_u d\mathrm{B}(u)$. Vu l'hypothèse $\frac{1}{2}\overline{\sigma}^2 < \mu_1$ et (3.2.1), on peut en déduire qu'il existe $\mathrm{C} > 0$ telle que

$$\sup_{t\geq 0} \mathbb{E}(\mathrm{N}_t^2) \leq \mathrm{C}.$$

Donc

$$\mathbb{E}\mathrm{X}_t^2 = \mathbb{E}\left(\int_0^t \mathrm{S}_u^2 du\right) \leq \mathrm{C}t. \tag{3.2.9}$$

Soient δ_1 et δ_2 tel que $\delta_1 > 2$ et $\delta_1 + 2 \leq \delta_2 < 2\delta_1$. En utilisant l'inégalité de Doob et (3.2.9), on obtient

$$\begin{aligned}\mathbb{P}\left(\sup_{(k-1)^{\delta_1}\leq t\leq k^{\delta_1}} X_t^2 \geq k^{\delta_2}\right) &\leq \frac{\mathbb{E}\left(X^2_{k^{\delta_1}}\right)}{k^{\delta_2}} \\ &\leq \frac{C}{k^{\delta_2-\delta 1}},\end{aligned}$$

Puisque $\Sigma \frac{1}{k^{\delta_2-\delta_1}} < \infty$, le lemme de Borel-Cantelli implique que pour presque tout $\omega \in \Omega$, il existe $k_0(\omega)$ telle que, pour tout $k \geq k_0$,

$$\sup_{(k-1)^{\delta_1}\leq t\leq k^{\delta_1}} X_t^2 < k^{\delta_2}.$$

Donc, pour tout $t \in \left[(k-1)^{\delta_1}, k^{\delta_1}\right]$ et $k \geq k_0$

$$\frac{X^2(t)}{t^2} \leq \frac{k^{\delta_2}}{(k-1)^{2\delta_1}}.$$

Puisque $2\delta_1 > \delta_2$, on a $\frac{k^{\delta_2}}{(k-1)^{2\delta_1}} \sim \frac{1}{k^{2\delta_1-\delta_2}}$ et $\lim_{k\to\infty} \frac{1}{k^{2\delta_1-\delta_2}} = 0$ ainsi

$$\lim_{t\to\infty} \frac{X^2(t)}{t^2} = 0.$$

Ce qui donne

$$\lim_{t\to\infty} \frac{1}{t}\int_0^t S_u dB(u) = 0$$

■

3.2.2 Condition suffisante d'extinction

Maintenant, nous sommes en mesure d'établir un critère seuil pour l'extinction de la maladie en termes du nombre positif :

$$\mathscr{R}_T \stackrel{\Delta}{=} \frac{\Lambda\beta}{\mu_1\left(\alpha+\mu_2+\frac{\sigma_2^2}{2}\right)}.$$

Théorème 3.2.1 *Soit* $(S(t), I(t), R(t))$ *la solution du système* (3.1.3) *avec la condition initiale* $(S(0), I(0), R(0)) \in \mathbb{R}^3_+$. *Si* $\frac{1}{2}\overline{\sigma}^2 < \mu_1$ *et* $\mathscr{R}_T < 1$, *alors on a la propriété suivante :*

$$\lim_{t\to\infty} I_t = \lim_{t\to\infty} R_t = 0.$$

Preuve :
En appliquant la formule d' Itô on a :

$$\begin{aligned}d\log I_t &= \left[-(\mu_2+\alpha+\frac{\sigma_2^2}{2}) + \beta S_t + \sigma\beta R_t\right] dt - \sigma_2 dB_2 \\ &\leq -(\mu_2+\alpha+\frac{\sigma_2^2}{2}) + \beta(S_t+R_t) - \sigma_2 dB_2 \\ &\leq -(\mu_2+\alpha+\frac{\sigma_2^2}{2}) + \beta N_t - \sigma_2 dB_2,\end{aligned}$$

et

$$\begin{aligned} d\mathrm{N}_t &= \left[\Lambda - \mu_1 \mathrm{S}_t - \mu_2 \mathrm{I}_t - \mu_3 \mathrm{R}_t\right] dt - \sigma_1 \mathrm{S}_t d\mathrm{B}_1 - \sigma_2 \mathrm{I}_t d\mathrm{B}_2 - \sigma_3 \mathrm{R}_t d\mathrm{B}_3 \\ &\leq (\Lambda - \mu_1)\mathrm{N}_t - \sigma_1 \mathrm{S}_t d\mathrm{B}_1 - \sigma_2 \mathrm{I}_t d\mathrm{B}_2 - \sigma_3 \mathrm{R}_t d\mathrm{B}_3, \end{aligned}$$

ainsi

$$\begin{aligned} d\left(\log \mathrm{I}_t + \frac{\beta}{\mu_1}\mathrm{N}_t\right) \leq \frac{\beta\Lambda}{\mu_1} - \left(\mu_2 + \alpha + \frac{\sigma_2^2}{2}\right) - \sigma_2 d\mathrm{B}_2 \\ - \sigma_1 \mathrm{S}_t d\mathrm{B}_1 - \sigma_2 \mathrm{I}_t d\mathrm{B}_2 - \sigma_3 \mathrm{R}_t d\mathrm{B}_3. \end{aligned} \tag{3.2.10}$$

Intégrons (3.2.10) et divisons par $t > 0$ on obtient :

$$\begin{aligned} \frac{\log \mathrm{I}_t}{t} - \frac{\log \mathrm{I}_0}{t} + \frac{\beta}{\mu_1}\frac{\mathrm{N}_t - \mathrm{N}_0}{t} \leq \left(\mu_2 + \alpha + \frac{\sigma_2^2}{2}\right)(\mathscr{R}_\mathrm{T} - 1) - \sigma_2 \frac{\mathrm{B}_2(t)}{t} \\ - \frac{\sigma_1}{t}\int_0^t \mathrm{S}_u d\mathrm{B}_1(u) - \frac{\sigma_2}{t}\int_0^t \mathrm{I}_u d\mathrm{B}_2(u) - \frac{\sigma_3}{t}\int_0^t \mathrm{R}_u d\mathrm{B}_3(u), \end{aligned}$$

utilisons le Lemme 3.2.2, on obtient

$$\limsup_{t\to\infty} \frac{\log \mathrm{I}_t}{t} \leq \left(\mu_2 + \alpha + \frac{\sigma_2^2}{2}\right)(\mathscr{R}_\mathrm{T} - 1).$$

Et puisque $\mathscr{R}_\mathrm{T} < 1$ alors $\lim_{t\to\infty} \mathrm{I}_t = 0$ p.s.
(ii) D'aprés la toisième équation du système (3.1.3) on a :

$$\mathrm{R}_t = \mathrm{R}_0 \psi_t^{-1} + \alpha \psi_t^{-1} \int_0^t \psi_s \mathrm{I}_s ds, \tag{3.2.11}$$

où

$$\psi_t = \exp\left((\mu_3 + \frac{\sigma_3^2}{2})t + \sigma_3 \mathrm{B}_3(t)\right).$$

On sait que $\lim_{t\to\infty} \frac{\mathrm{B}_3}{t} = 0$. Alors

$$\lim_{t\to\infty} \frac{\log \psi_t}{t} = \mu_3 + \frac{\sigma_3^2}{2} \triangleq h'.$$

Du fait que :

$$\limsup_{t\to\infty} \frac{\log \mathrm{I}_t}{t} \leq (\mu_2 + \alpha + \frac{\sigma_2^2}{2})(\mathscr{R}_\mathrm{T} - 1) \triangleq h.$$

On déduit que pour tout $\epsilon > 0$ et pour presque tout $\omega \in \Omega$ il existe $\mathrm{T}(\omega)$ tel que, pour tout $t \geq \mathrm{T}$, on a :

$$\mathrm{I}_t \leq \mathrm{K}_1 e^{(h+\epsilon)t} \text{ et } \mathrm{K}_2 e^{(h'-\epsilon)t} \leq \psi_t \leq \mathrm{K}_3 e^{(h'+\epsilon)t}$$

où K_i, $i = 1,2,3$ sont des variables aléatoires réelles presque surement positives et finies. De (3.2.11) on obtient :

$$\begin{aligned} R_t \leq & \frac{R_0}{K_2} e^{-(h'-\epsilon)t} + \frac{\alpha}{K_2} e^{-(h'-\epsilon)t} \int_0^T \psi_s I_s ds + \frac{\alpha K_1 K_3}{K_2} e^{-(h'-\epsilon)} \int_T^t e^{(h'+\epsilon)s} e^{(h+\epsilon)s} ds \\ = & \left(\frac{R_0}{K_2} + \frac{\alpha}{K_2} \int_0^T \psi_s I_s ds - \frac{\alpha K_1 K_3}{K_2 (h+h'+2\epsilon)} e^{(h+h'+2\epsilon)T} \right) e^{-(h'-\epsilon)t} \\ & + \frac{\alpha K_1 K_3}{K_2 (h+h'+2\epsilon)} e^{(h+3\epsilon)t} \\ \leq & \left(\frac{R_0}{K_2} + \frac{\alpha}{K_2} \int_0^T \psi_s I_s ds + \frac{\alpha K_1 K_3}{|h+h'+2\epsilon|} \right) e^{(-h'+\epsilon)t} + \frac{\alpha K_1 K_3}{|h+h'+2\epsilon|} e^{(h+3\epsilon)t} \\ \leq & \left(\frac{R_0}{K_2} + \frac{\alpha}{K_2} \int_0^T \psi_s I_s ds + \frac{2\alpha K_1 K_3}{|h+h'+2\epsilon|} \right) e^{(h_r+3\epsilon)t}, \end{aligned}$$

où $h_r = \max\left(h, -\left(\mu_3 + \frac{\sigma_3^2}{2}\right)\right)$. On déduit que :

$$\limsup_{t\to\infty} \frac{\log R_t}{t} \leq h_r + 3\epsilon.$$

Puisque ϵ est arbitraire, on obtient le résultat souhaité. ■

3.3 Distribution stationnaire et récurrence positive

Dans de nombreux travaux, l'existence d'une distribution stationnaire nécessite la construction de fonctions de Lyapunov appropriées qui sont basées sur les points d'équilibres du système déterministe, ce qui donne des conditions suffisamment fortes [4, 8]. Dans le théorème suivant, pour étudier l'existence d'une distribution stationnaire pour la solution du modèle (3.1.3), nous n'avons pas utilisé les points d'équilibres pour construire les fonctions de Lyapunov.

Théorème 3.3.1 *Les solutions* (S_t, I_t, R_t) *ont une récurrence positive et admettent une unique distribution stationnaire, sous les conditions suivantes :*

$$\mathscr{R}_T > 1 \tag{3.3.1}$$

et

$$\mu_i > \frac{\sigma_i^2}{2}, (i = 1,2,3) \tag{3.3.2}$$

Preuve
On va construire une fonction $\mathscr{W}$ positive telle que :

$$\sup_{(S,I,R)\in\mathbb{R}^3_+\setminus\Delta_\rho} \mathscr{L}\mathscr{W}(S,I,R) \leq -1 \tag{3.3.3}$$

pour un certain $\rho > 0$, où $\Delta_\rho = \left(\frac{1}{\rho}, \rho\right) \times \left(\frac{1}{\rho}, \rho\right) \times \left(\frac{1}{\rho}, \rho\right)$.
Tout d'abord, d'aptés la formule d'Itô, nous avons :

$$\mathscr{L}(-\log S) = -\frac{\Lambda}{S} + \beta I + \mu_1 + \frac{\sigma_1^2}{2}. \tag{3.3.4}$$

Deuxièmement, nous avons :

$$\begin{aligned}\mathscr{L}(\frac{1}{2}N^2) &= N\big(\Lambda-(\mu_1 S+\mu_2 I+\mu_3 R)\big)+\frac{\sigma_1^2}{2}S^2+\frac{\sigma_2^2}{2}I^2+\frac{\sigma_3^2}{2}R^2\\ &\leq \Lambda N-\left(\mu_1-\frac{\sigma_1^2}{2}\right)S^2-\left(\mu_2-\frac{\sigma_2^2}{2}\right)I^2-\left(\mu_3-\frac{\sigma_3^2}{2}\right)R^2.\end{aligned}$$

En utilisant l'inégalité élémentaire $x\leq \epsilon x^2+\frac{1}{4\epsilon}$, où ϵ est une constante positive à choisir plus tard, nous avons :

$$\mathscr{L}(\frac{1}{2}N^2)\leq\frac{3\Lambda}{4\epsilon}-\left(\mu_1-\frac{\sigma_1^2}{2}-\epsilon\Lambda\right)S^2-\left(\mu_2-\frac{\sigma_2^2}{2}-\epsilon\Lambda\right)I^2-\left(\mu_3-\frac{\sigma_3^2}{2}-\epsilon\Lambda\right)R^2. \tag{3.3.5}$$

Par un calcul direct on a

$$\mathscr{L}(S\log I)=\Lambda\log I-\mu_1 S\log I-\beta SI\log I-S(\mu_2+\alpha)+\sigma\beta RS+\beta S^2-\frac{\sigma_2^2}{2}S.$$

En utilisant l'inégalité $-\frac{1}{e}\leq I\log I\leq I^2$ et $SR\leq\frac{1}{2}(S^2+R^2)$ on a

$$\mathscr{L}(S\log I)\leq\Lambda\log I-\mu_1 S\log I+\left(\frac{\beta}{e}-\mu_2-\alpha-\frac{\sigma_2^2}{2}\right)S+\frac{\sigma\beta}{2}R^2+\left(\frac{\sigma\beta}{2}+\beta\right)S^2. \tag{3.3.6}$$

Ensuite, nous calculons

$$\begin{aligned}\mathscr{L}\frac{1}{2}(\log I)^2 &= \log I\big(-(\mu_2+\alpha)+\beta S+\sigma\beta R\big)+\frac{\sigma_2^2}{2}(1-\log I)\\ &= -\left(\frac{\sigma_2^2}{2}+\mu_2+\alpha\right)\log I+\beta S\log I+\sigma\beta R\log I+\frac{\sigma_2^2}{2}\end{aligned} \tag{3.3.7}$$

et

$$\mathscr{L}(-\log R)=\mu_3-\alpha\frac{I}{R}+\sigma\beta I+\frac{\sigma_3^2}{2} \tag{3.3.8}$$

et

$$\begin{aligned}\mathscr{L}(R\log I) &= \log I\big(-\mu_3 R+\alpha I-\sigma\beta IR\big)+R\big(-(\mu_2+\alpha)+\beta S+\sigma\beta R\big)-\frac{\sigma_2^2}{2}R\\ &\leq -\mu_3 R\log I+\alpha I^2+\left(\frac{\sigma\beta}{e}-\frac{\sigma_2^2}{2}\right)R+\frac{\beta}{2}S^2+(\frac{\beta}{2}+\sigma\beta)R^2.\end{aligned} \tag{3.3.9}$$

On pose

$$\mathscr{W}_1(S,I,R)=-\log S-\log R+\frac{1}{4}(\log I)^2+\frac{\overline{\omega}}{4}N^2$$

et

$$\mathscr{W}_2(S,I,R)=\frac{\overline{\omega}}{4}N^2+\frac{\beta}{\mu_1}S\log I+\frac{\sigma\beta}{\mu_3}R\log I+\frac{1}{4}(\log I)^2.$$

où $\overline{\omega}$ est une constante positive. On peut vérifier facilement que la fonction $\mathscr{W}_1(S,I,R)$ admet un minimum en un point $(\widehat{S},\widehat{I},\widehat{R})$ dans $\mathbb{R}^3_+$, et en choisissant $\overline{\omega}$ suffisement large on

peut assurer la positivité de $\mathscr{W}_2(S,I,R)$.
Enfin, considérons la fonction positive

$$\mathscr{W}(S,I,R) = \mathscr{W}_1(S,I,R) - \mathscr{W}_1(\widehat{S},\widehat{I},\widehat{R}) + \mathscr{W}_2(S,I,R).$$

En combinant (3.3.4), (3.3.5), (3.3.6), (3.3.7), (3.3.8), et (3.3.9) on obtient

$$\begin{aligned}
\mathscr{L}\mathscr{W}(S,I,R) \leq & -\frac{\Lambda}{S} + \beta I + \mu_1 + \frac{\sigma_1^2}{2} + \mu_3 - \alpha\frac{I}{R} + \sigma\beta I + \frac{\sigma_3^2}{2} \\
& + \overline{\omega}\frac{3\Lambda}{4\epsilon} - \overline{\omega}(\mu_1 - \frac{\sigma_1^2}{2} - \epsilon\Lambda)S^2 - \overline{\omega}(\mu_2 - \frac{\sigma_2^2}{2} - \epsilon\Lambda)I^2 - \overline{\omega}(\mu_3 - \frac{\sigma_3^2}{2} - \epsilon\Lambda)R^2 \\
& + \frac{\beta\Lambda}{\mu_1}\log I - \beta S\log I + \frac{\beta}{\mu_1}(\frac{\beta}{e} - \mu_2 - \alpha - \frac{\sigma_2^2}{2})S + \frac{\sigma\beta^2}{2\mu_1}R^2 + \frac{\beta}{\mu_1}(\frac{\sigma\beta}{2} + \beta)S^2 \\
& - \sigma\beta R\log I + \frac{\sigma\beta\alpha}{\mu_3}I^2 + \left(\frac{\sigma^2\beta^2}{e\mu_3} - \frac{\sigma\beta\sigma_2^2}{2\mu_3}\right)R + \frac{\sigma\beta^2}{2\mu_3}S^2 + \frac{\sigma\beta}{\mu_3}(\frac{\beta}{2} + \sigma\beta)R^2 \\
& - \left(\frac{\sigma_2^2}{2} + \mu_2 + \alpha\right)\log I + \beta S\log I + \sigma\beta R\log I + \frac{\sigma_2^2}{2}.
\end{aligned}$$

aprés simplification et réorganisation on obtient

$$\begin{aligned}
\mathscr{L}\mathscr{W}(S,I,R) \leq & -\frac{\Lambda}{S} - \left(\overline{\omega}(\mu_1 - \frac{\sigma_1^2}{2} - \epsilon\Lambda) - \frac{\beta}{\mu_1}(\frac{\sigma\beta}{2} + \beta) - \frac{\sigma\beta^2}{2\mu_3}\right)S^2 + \frac{\beta}{\mu_1}(\frac{\beta}{e} - \mu_2 - \alpha - \frac{\sigma_2^2}{2})S \\
& + \left(\frac{\beta\Lambda}{\mu_1} - \frac{\sigma_2^2}{2} - \mu_2 - \alpha\right)\log I + (\beta + \sigma\beta)I - \left(\overline{\omega}(\mu_2 - \frac{\sigma_2^2}{2} - \epsilon\Lambda) - \frac{\sigma\beta\alpha}{\mu_3}\right)I^2 \\
& + \left(\frac{\sigma^2\beta^2}{e\mu_3} - \frac{\sigma\beta\sigma_2^2}{2\mu_3}\right)R - \left(\overline{\omega}(\mu_3 - \frac{\sigma_3^2}{2} - \epsilon\Lambda) - \frac{\sigma\beta}{\mu_3}(\frac{\beta}{2} + \sigma\beta)\right)R^2 \\
& - \alpha\frac{I}{R} + \overline{\omega}\frac{3\Lambda}{4\epsilon} + \mu_1 + \mu_3 + \frac{\sigma_1^2}{2} + \frac{\sigma_2^2}{2} + \frac{\sigma_3^2}{2} \\
\overset{\Delta}{=} & \Upsilon_1(S) + \Upsilon_2(I) + \Upsilon_3(R) - \alpha\frac{I}{R} + C \qquad (3.3.10) \\
\overset{\Delta}{=} & \Upsilon(S,I,R),
\end{aligned}$$

où

$$\begin{aligned}
\Upsilon_1(S) &= -\frac{\Lambda}{S} - \left(\overline{\omega}(\mu_1 - \frac{\sigma_1^2}{2} - \epsilon\Lambda) - \frac{\beta}{\mu_1}(\frac{\sigma\beta}{2} + \beta) - \frac{\sigma\beta^2}{2\mu_3}\right)S^2 + \frac{\beta}{\mu_1}(\frac{\beta}{e} - \mu_2 - \alpha - \frac{\sigma_2^2}{2})S, \\
\Upsilon_2(I) &= \left(\frac{\beta\Lambda}{\mu_1} - \frac{\sigma_2^2}{2} - \mu_2 - \alpha\right)\log I + (\beta + \sigma\beta)I - \left(\overline{\omega}(\mu_2 - \frac{\sigma_2^2}{2} - \epsilon\Lambda) - \frac{\sigma\beta\alpha}{\mu_3}\right)I^2, \\
\Upsilon_3(R) &= \left(\frac{\sigma^2\beta^2}{e\mu_3} - \frac{\sigma\beta\sigma_2^2}{2\mu_3}\right)R - \left(\overline{\omega}(\mu_3 - \frac{\sigma_3^2}{2} - \epsilon\Lambda) - \frac{\sigma\beta}{\mu_3}(\frac{\beta}{2} + \sigma\beta)\right)R^2, \\
C &= \overline{\omega}\frac{3\Lambda}{4\epsilon} + \mu_1 + \mu_3 + \frac{\sigma_1^2}{2} + \frac{\sigma_2^2}{2} + \frac{\sigma_3^2}{2}
\end{aligned}$$

D'aprés (3.3.2), on peut choisir $\epsilon > 0$ telle que

$$\mu_i - \frac{\sigma_i^2}{2} - \epsilon\Lambda > 0, (i = 1,2,3),$$

ainsi, pour $\overline{\omega}$ suffisement large on obtient

$$\left(\overline{\omega}(\mu_1-\frac{\sigma_1^2}{2}-\epsilon\Lambda)-\frac{\beta}{\mu_1}(\frac{\sigma\beta}{2}+\beta)-\frac{\sigma\beta^2}{2\mu_3}\right)>0,\left(\overline{\omega}(\mu_2-\frac{\sigma_2^2}{2}-\epsilon\Lambda)-\frac{\sigma\beta\alpha}{\mu_3}\right)>0 \tag{3.3.11}$$

et

$$\left(\overline{\omega}(\mu_3-\frac{\sigma_3^2}{2}-\epsilon\Lambda)-\frac{\sigma\beta}{\mu_3}(\frac{\beta}{2}+\sigma\beta)\right)>0. \tag{3.3.12}$$

D'aprés (3.3.10) on a $\Upsilon(S,I,R)\leq\Upsilon_1(S)+\Upsilon_2(I)+\Upsilon_3(R)+C$ et par (3.3.11) et (3.3.12) on obtient

$$\lim_{S\to\infty}\Upsilon(S,I,R)=\lim_{I\to\infty}\Upsilon(S,I,R)=\lim_{R\to\infty}\Upsilon(S,I,R)=-\infty, \tag{3.3.13}$$

et d'aprés la condition (3.3.1), qui est équivalente à $\frac{\beta\Lambda}{\mu_1}-\frac{\sigma_2^2}{2}-\mu_2-\alpha>0$, on a

$$\lim_{S\to 0}\Upsilon(S,I,R)=\lim_{I\to 0}\Upsilon(S,I,R)=-\infty. \tag{3.3.14}$$

Dans ce qui suit on va prouver (3.3.3).
Premièrement, puisque $\lim_{S\to\infty}\Upsilon_1(S)=\lim_{S\to 0}\Upsilon_1(S)=-\infty$ et la continuité de $\Upsilon_1(S)$, $\Upsilon_1(S)$ admet un minimum $\mathbb{R}^3_+$. On pose alors

$$M_1=\sup_{S\in\mathbb{R}^3_+}\Upsilon_1(S).$$

De même on pose

$$M_2=\sup_{I\in\mathbb{R}^3_+}\Upsilon_2(I)\text{ and }M_3=\sup_{R\in\mathbb{R}^3_+}\Upsilon_3(R)$$

cas 1 : $\frac{1}{\rho}\leq I\leq\rho$.

D'aprés (3.3.10), on a $\Upsilon(S,I,R)\leq M_1+M_2+M_3+C-\frac{1}{\rho R}$, donc

$$\lim_{R\to 0}\Upsilon(S,I,R)=-\infty$$

cas 2 : $I>\rho$.

D'aprés (3.3.10), on a $\Upsilon(S,I,R)\leq M_1+M_2+C+\Upsilon_3(R)-\frac{\rho}{R}$, donc

$$\lim_{R\to 0}\Upsilon(S,I,R)=-\infty$$

cas 3 : $I<\frac{1}{\rho}$.

D'aprés (3.3.10), on a $\Upsilon(S,I,R)\leq M_1+M_3+C+\Upsilon_2(I)$ et puisque $\lim_{I\to 0}\Upsilon_2(I)=-\infty$, alors on peut choisir ρ suffisamment grand pour que $\Upsilon_2(I)<-(M_1+M_3+C)-2$. Par conséquent, pour un ρ suffisament grand on a

$$\Upsilon(S,I,R)\leq -2.$$

De ce fait et de (3.3.13) et (3.3.14) nous en déduisons que pour un ρ, assez grand,

$$\mathscr{LW}(S,I,R)\leq -1\quad\text{for all }(S,I,R)\in\mathbb{R}^3_+\setminus\Delta_\rho,$$

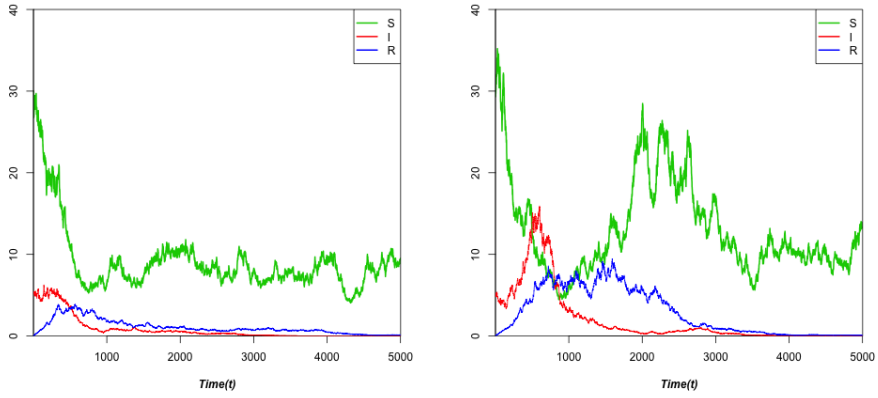
Ainsi la condition (ii) du Théorème 2.1 est établie.
La matrice de diffusion associée au système (3.1.3) est donnée par

$$\Sigma(S,I,R) = \begin{bmatrix} \sigma_1^2 S^2 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_2^2 I^2 & 0 \\ 0 & 0 & \sigma_3^2 R^2 \end{bmatrix}$$

et clairement, $\Sigma(S,I,R)$ satisfait la condition d'ellipticité uniforme (i) du Théorème 2.1. La preuve est achévée. ■

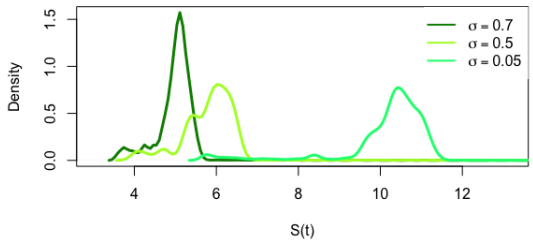
3.4 Conclusion et simulation numérique

Tout au long de ce chapitre, nous avons mis l'accent sur un modèle épidémique stochastique SIR avec un taux de rechute non linéaire pour modéliser l'influence des individus infectés sur les recupérés. Le seuil $\mathscr{R}_T$ qui détermine le comportement du système (3.1.3) est trouvé. Plus précisément , si $\mathscr{R}_T < 1$ la maladie va disparaitre de la population avec probabilité un. Tandis que $\mathscr{R}_T > 1$ conduit à la persistance de la maladie avec une distribution stationnaire positive unique. Nous remarquons que $\mathscr{R}_T$ est indépendent du coefficient σ qui mesure l'intensité du rechute. Ainsi, la rechute sous le contact des individus infectés n'influence aucunement la dynamique du modèle stochastique (3.1.3). Cependant on peut percevoir, d'après les simulations numériques, que le phénomène de rechute non linéaire joue un rôle crucial dans la vitesse de l'extinction et la propagation de la maladie dans la population. En effet, la figure 3.1 montre que la maladie disparaît rapidement si σ est petit. En plus , dans la figure 3.2, nous observons que pour des valeurs assez grandes de σ, les modes des distributions stationnaires invariantes des individus infectés deviennent plus grands.

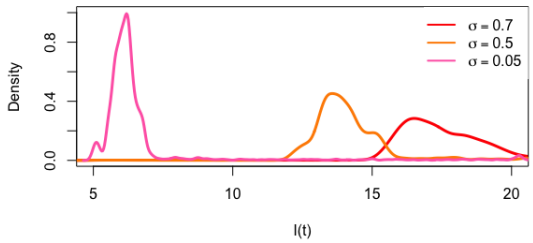


(a) $\sigma = 0,035$ (b) $\sigma = 0,35$

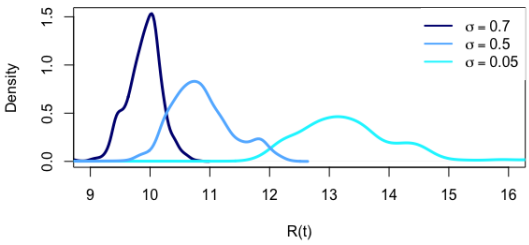
FIGURE 3.1 – Simulation numérique d'un chemin de la solution (S_t, I_t, R_t) du système (3.1.3) en utilisant le schéma de Milstein avec ($\sigma = 0,035$ gauche) , ($\sigma = 0,35$ droite) et des paramètres $\Lambda = 1$, $\beta = 0,01$, $\mu_1 = 0,066$, $\mu_2 = 0,066$, $\mu_3 = 0,0666$,, $\alpha = 0,16$, $\sigma_1 = 0,2$, $\sigma_2 = 0,25$ et $\sigma_3 = 0,21$. Dans cette situation $\mathscr{R}_T = 0,59 < 1$. Donc, la maladie disparaîtra de la population



(a) Distribution des susceptible



(b) Distribution des infectés



(c) Distribution des récupérés

FIGURE 3.2 – Simulation numérique de la densité de la distribution stationnaire du système (3.1.3) pour différent valeurs de σ et des paramètres $\Lambda = 2$, $\beta = 0,02$, $\mu_1 = 0,066$, $\mu_2 = 0,066$, $\mu_3 = 0,0666$, , $\alpha = 0,16$, $\sigma_1 = 0,021$, $\sigma_2 = 0,02$ et $\sigma_3 = 0,023$. dans cette situation $\mathscr{R}_T = 2,66 > 1$.

3.5 Références

[1] J.S.L Allen. An introduction to stochastic processes with applications to biology. *Pearson/Prentice Hall*, 2003. 32

[2] E. Beretta, V. Kolmanovskii, and L. Shaikhet. Stability of epidemic model with time delay influenced by stochastic perturbations. *Math. Comp. Simul*, 45 :269–277, 1998. 32

[3] C. Vargas de Léon. On the global stability of infectious disease models with relapse. *Abstraction and Application*, 9 :50–61, 2013. 32

[4] Youness El Ansari, Ali El Myr, and Lahcen Omari. Deterministic and stochastic study for an infected computer network model powered by a system of antivirus programs. *Discrete Dynamics in Nature and Society*, 2017 :13 Pages, 2013. 39

[5] Ali El Myr, Abdelaziz Assadouq, Omari Lahcen, Settati Adel, and Lahrouz Aadil. A stochastic sir epidemic system with a nonlinear relapse. *Discrete Dynamics in Nature and Society*, 2018 :10 pages, 2018. 31

[6] P. Georgescu and H. Zhang. A lyapunov functional for a siri model with nonlinear incidence of infection and relapse. *Applied Mathematics and Computation*, 219(16) :8496–8507, 2013. 33

[7] A Gray, D Greenhalgh, u H, X Mao, and J Pan. A stochastic differential equation sis epidemic model. *SIAM J. Appl. Math*, 71 :876–902, 2011. 32

[8] Aadil Lahrouz and Lahcen Omari. Extinction and stationary distribution of a stochastic sirs epidemic model with non-linear incidence. *Statistics and Probability Letters*, 83 :960–968, 2013. 39

[9] Aadil Lahrouz, Lahcen Omari, and Driss Kiouach. Global analysis of a deterministic and stochastic nonlinear sirs epidemic model. *Nonlinear Anal. Model. Control*, 16 :59–76, 2011. 32, 33

[10] Aadil Lahrouz, A Settati, and A Akharif. Effects of stochastic perturbation on the sis epidemic system. *Journal of Mathematical Biology*, 74 :469–498, 2017. 32

[11] H.N. Moreira and Y. Wang. Global stability in an siri model. *SIAM*, 39 :496–502, 1997. 32

[12] D. Tudor. A deterministic model for herpes infections in human and animal populations. *SIAM*, 32 :136–139, 1990. 32

[13] P. van den Driessche, L. Wang, and X. Zou. Modeling diseases with latency and relapse. *Math. Biosci. Eng.*, 4 :205–219, 2007. 32

Chapitre 4

Étude déterministe et stochastique d'un modèle de réseau informatique

« **Abstract :** *In this chapter , we investigate the various conditions that control the extinction and stability of a non-linear mathematical spread model with stochastic perturbations. This model describes the spread of viruses into an infected computer network which is powered by a system of antivirus software [6]. The system is analyzed by using the stability theory of stochastic differential equations and the computer simulations. We, firstly, study the global stability of the virus-free equilibrium state and the virus-epidemic equilibrium state. Furthermore, we use the Itô formula and some other theoretical theorems of stochastic differential equation to discuss the extinction and the stationary distribution of our system. The analysis gives a sufficient condition for the infection to be extinct (i.e. the number of viruses tends exponentially to zero). The ergodicity of the solution and the stationary distribution can be obtained if the basic reproduction number* $\mathscr{R}_p$ *is bigger than* 1*, and the intensities of stochastic fluctuations are small enough. Numerical simulations are carried out to illustrate the theoretical results.* »

Key words : Computer network, Stability, Viruses, Extinction, Stationary distribution

Sommaire

4.1 Introduction 48
4.2 Préliminaires 49
4.3 Étude déterministe 50
4.3.1 Points d'équilibres 50
4.3.2 Stabilité des points d'équilibres 51
4.4 Étude stochastique 52
4.4.1 Existence et unicité d'une solution positive 52
4.4.2 Extinction 54
4.4.3 Distribution stationnaire et récurrence positive 57
4.5 Discussions et simulaions numériques 61
4.6 Conclusion 63
4.7 Références 63

4.1 Introduction

Un virus informatique est un petit programme malveillant qui se propage d'un hôte à l'autre et qui a une grande aptitude à se multiplier dans ou sur les fichiers de données pendant l'exécution des programmes. Sur un réseau informatique, l'interconnectivité des postes de travail facilite la propagation des virus. En effet, un ordinateur infecté peut propager des virus (malware) à travers les autres nœuds connectés. Il peut ainsi avoir des effets inattendus ou causer des dégâts : il endommagera par exemple un logiciel système en altérant ou détruisant des données. De ce fait on a recours à un antivirus ; qui est un logiciel informatique conçu pour identifier, neutraliser et éliminer des logiciels malveillants dans le système.
Similaire aux systèmes de virus biologiques, de nombreux modèles mathématiques ont été proposés pour décrire quantitativement la propagation des infections dans un réseau informatique [12, 13, 4, 16, 1, 8, 14, 2, 15]. Suivant une approche déterministe, Mishra et Jha [12] ont formulé et analysé l'effet de la quarantaine sur les nœuds récupérés. Yuan et Chen [16] ont discuté un modèle épidémique appliqué au réseau *e*-SEIR en utilisant la théorie de la stabilité des équations différentielles. Shukla et al. [14] ont modélisé et étudié l'effet des logiciels antivirus sur un réseau informatique infecté ; ils ont prouvé que sous certaines conditions, l'antivirus utilisé peut nettoyer le système avec succès.
D'autres auteurs ont suivi l'approche stochastique pour décrire la propagation des virus dans un réseau informatique [1, 8]. Zhang et al. [1] a proposé et étudié un modèle stochastique de propagation de virus informatique . En construisant une fonction de Lyapunov appropriée, ils ont établi des conditions nécessaires de stabilité du point d'équilibre sans virus et du point d'équilibre endémique. Pour étudier l'effet d'un logiciel antivirus pour nettoyer un réseau informatique infecté, Shukla et al. [14] ont proposé le système déterministe suivant

$$\begin{cases} dX = \left(A - \beta XY - mX - kX + \pi YV_a\right) dt, \\ dY = \left(\beta XY - mY - \alpha Y - \pi YV_a\right) dt, \\ dZ = (kX - mZ)\, dt, \\ dV_a = \left(\mu Y - \mu_0 (V_a - V_{a0})\right) dt, \end{cases} \tag{4.1.1}$$

Ici $X(t)$ désigne le nombre de noeuds susceptibles à l'instant $t \geq 0$, $Y(t)$ le nombre de nœuds infectés, $Z(t)$ le nombre de nœuds protégés et $V_a(t)$ le nombre de programmes antivirus utilisés pour nettoyer le réseau. Le nombre total de nœuds dans le réseau est $N(t) = X(t) + Y(t) + Z(t)$. Les significations de chaque paramètre dans le modèle : A est le taux d'entrée des noeuds sensibles, β est le taux de transition de X à Y résultant du contact entre les noeuds sensibles et infectés, m le taux auquel les nœuds tombent en panne par une autre cause que l'attaque des virus, k est le débit constant auquel les nœuds sont protégés par un autre logiciel antivirus, α est le taux auquel les nœuds infectés deviennent incapables d'infecter les nœuds sensibles, π est le taux de récupération des nœuds infectés pour revenir à la classe des nœuds sensibles, μ est le taux de croissance du logiciel antivirus utilisé pour nettoyer le réseau, μ_0 est le taux des programmes qui ne fonctionne pas efficacement, et V_{a0} est le nombre de programmes antivirus présents en permanence dans le système pour protéger le logiciel existant. Tous ces paramètres sont supposés être positifs.
Ce modèle tient son importance du fait qu'il introduit les effets des programmes antivirus dans la propagation de logiciels malveillants dans un réseau informatique. Bien que, dans la vie réelle , le nombre de contacts d'un nœud sensible par unité de temps ne puisse pas toujours augmenter linéairement avec Y, surtout quand le nombre de nœuds infectieux

est grand [2]. Donc pour plus de réalisme, on suppose d'abord que le taux d'incidence saturé est non linéaire et prend la forme $\frac{\beta XY}{f(Y)}$. Le modèle (4.1.1) devient

$$\begin{cases} dX = \left(A - \frac{\beta XY}{f(Y)} - mX - kX + \pi YV_a\right) dt, \\ dY = \left(\frac{\beta XY}{f(Y)} - mY - \alpha Y - \pi YV_a\right) dt, \\ dZ = (kX - mZ)\, dt, \\ dV_a = \left(\mu Y - \mu_0(V_a - V_{a0})\right) dt, \end{cases} \tag{4.1.2}$$

où f est une fonction positive telle que $f(0) = 1$ et $f \geq 0$. Cette fonction f permet l'introduction de plusieurs effets, comme les effets psychologiques (exemple, $\frac{Y}{f(Y)} = \frac{Y}{1+\gamma Y^2}$ voir [4]). Par comparaison aux modèles d'épidémies biologiques, cet effet se manifeste lorsque le nombre de nœuds infectés est très important, la force d'infection peut diminuer à mesure que le nombre d'infections augmente. Par rapport à notre modèle, en présence d'un très grand nombre de nœuds infectieux, les utilisateurs d'ordinateurs du réseau peuvent avoir tendance à réduire le nombre de contacts de leurs ordinateurs.
Ensuite pour être plus réaliste, nous introduisons le caractère aléatoire dans le système, en considérant le cas où les paramètres m et β sont objet de fluctuations aléatoires. Nous remplaçons m par $m + \sigma_1 dB_1$ et β par $\beta + \sigma_2 dB_2$, où $B_1(t)$ et $B_2(t)$ sont des mouvements browniens indépendants unidimensionnels standard, et σ_1 et σ_2 désigne les intensités des perturbations. Les autres paramètres sont les mêmes que dans le système (4.1.1). Nous obtenons le système stochastique suivant :

$$\begin{cases} dX = \left(A - \frac{\beta XY}{f(Y)} - mX - kX + \pi YV_a\right) dt - \sigma_1 X dB_1 - \sigma_2 \frac{XY}{f(Y)} dB_2, \\ dY = \left(\frac{\beta XY}{f(Y)} - mY - \alpha Y - \pi YV_a\right) dt - \sigma_1 Y dB_1 + \sigma_2 \frac{XY}{f(Y)} dB_2, \\ dZ = (kX - mZ)\, dt - \sigma_1 Z dB_1, \\ dV_a = \left(\mu Y - \mu_0(V_a - V_{a0})\right) dt, \end{cases} \tag{4.1.3}$$

4.2 Préliminaires

Dans ce qui suit, $(\Omega, \mathbb{F}, \mathbb{P})$ désigne un espace probabilisé complet muni d'une filtration $(\mathbb{F}_t)_{t\geq 0}$ satisfaisant les conditions habituelles. $B_i(t), (i = 1,2)$ sont définis sur cet espace, on note aussi .

$$\mathbb{R}^4_+ = \{(x_1, x_2, x_3, x_4) |\ x_i > 0, i = 1,2,3,4\}$$

En général, considérons l'équation différentielle stochastique d-dimensionnelle

$$dx(t) = f(x(t), t)dt + g(x(t), t)dB(t), \text{ pour } t \geq 0 \tag{4.2.1}$$

avec la condition initiale $x(0) = x_0 \in \mathbb{R}^d$. $B(t)$ est un mouvement brownien standard n-dimensionnel défini sur l'espace probabilisé complet $(\Omega, \mathbb{F}, \{\mathbb{F}_t\}_{t\geq 0}, \mathbb{P})$.On note par $(C^{2,1}(\mathbb{R}_d \times [t_0, \infty], \mathbb{R}_+)$ la famille des fonctions strictement positives $V(x,t)$ définies sur $\mathbb{R}_d \times [t_0, \infty]$ et qu'ils sont continuellement deux fois différentiables en x et différentiable en t. L'opérateur différentiel L est défini en [11].
Soit $X(t)$ un processus de Markov homogène sur E_d (E_d désigne un espace Euclidien de dimension d), décrit par l'équation différentielle stochastique

$$dX(t) = b(X)dt + \sum_{r=1}^{k} g_r(X) dB_r(t) \tag{4.2.2}$$

La matrice de diffusion est définie comme suit

$$\mathrm{A}(x) = (a_{ij}(x)),\ a_{ij} = \sum_{r=1}^{k} g_r^i(x) g_r^j(x).$$

Le lemme suivant est utilisé pour prouver le théorème lié à la distribution stationnaire pour le EDS (4.1.3), (Voir Li et Cui 2015, [9]).

Lemme 4.2.1 *The system* (4.2.2) *is positive recurrent if there is a bounded open subset* D *of* $\mathbb{R}^n$ *with a regular boundary, and the following holds*
(B1) there exist some $l = 1, 2, ..., n$ *and a positive constant* ν *such that*

$$a_{ll}(x) \geq \nu, \text{ for any } x \in \mathrm{D}$$

(B2) there exists a nonnegative function $\mathrm{V} : \mathrm{D}^c \to \mathbb{R}$ *such that* V *is twice continuously differentiable and that for some* $\theta > 0$

$$\mathscr{L}\mathrm{V} \leq -\theta, \text{ for any } x \in \mathrm{D}^c$$

Moreover, the positive recurrent process $\mathrm{X}(t)$ *has a unique stationary distribution* $\pi(\cdot)$ *with density in* $\mathbb{R}^n$ *such that for any Borel set* $\mathrm{B} \in \mathbb{R}^n$

$$\lim_{t\to\infty} \mathbb{P}(t, x, \mathrm{B}) = \pi(\mathrm{B})$$

and

$$\mathbb{P}_x\Big\{\lim_{\mathrm{T}\to\infty} \frac{1}{\mathrm{T}} \int_0^{\mathrm{T}} f(\mathrm{X}(t))dt = \int_{\mathrm{E}_d} f(x(t))\pi(d(x))\Big\} = 1$$

for all $x \in \mathbb{R}^n$, *where* $f : \mathbb{R}^n \to \mathbb{R}$ *is a function integrable with respect to the measure* π.

4.3 Étude déterministe

Le nombre de reproduction de base est le nombre de cas infectieux secondaires produits par un individu infectieux au cours de sa période infectieuse effective lorsqu'il est introduit dans une population de susceptibles [5]. Nous verrons ci-dessous que, pour le modèle (4.1.2), le nombre de reproduction de base est

$$\mathscr{R}_p \triangleq \frac{\beta \mathrm{A}}{(m+k)(m+\alpha+\pi \mathrm{V}_{a0})}$$

4.3.1 Points d'équilibres

Proposition 4.3.1 *Le système* (4.1.2) *admet un point d'équilibre sans virus* $\mathrm{E}^0\big(\frac{\mathrm{A}}{m+k}, 0, \frac{k\mathrm{A}}{m(m+k)}, \mathrm{V}_{a0}\big)$, *qui existe pour toutes les valeurs des paramètres, et un point d'équilibre virus-endémique unique* $\mathrm{E}^*(\mathrm{X}^*, \mathrm{Y}^*, \mathrm{Z}^*, \mathrm{V}_a^*)$ *qui existe si* $\mathscr{R}_p > 1$.

Preuve
Le système (4.1.2) a un point d'équilibre sans-virus $\mathrm{E}^0(\frac{\mathrm{A}}{m+k}, 0, \frac{k\mathrm{A}}{m(m+k)}, \mathrm{V}_{a0})$, ce point est obtenue en prenant $\mathrm{Y} = 0$ (i.e. absence d'infection). Le point d'équilibre virus-épidémie est la solution du système suivant avec $\mathrm{Y} \neq 0$)

$$\begin{cases} \beta \mathrm{X} - f(\mathrm{Y})(m+\alpha+\pi \mathrm{V}_a) = 0, \\ \mathrm{X} = \frac{\mathrm{A}-(m+\alpha)\mathrm{Y}}{m+k}, \\ \mathrm{Z} = \frac{k}{m}\left(\frac{\mathrm{A}-(m+\alpha)\mathrm{Y}}{m+k}\right), \\ \mathrm{V}_a = \frac{\mu}{\mu_0}\mathrm{Y} + \mathrm{V}_{a0}, \end{cases} \tag{4.3.1}$$

En substituant X et V_a par leur expressions dans la première équation du système (4.3.1), on obtient l'équation, en Y, suivante :

$$\Lambda(Y) \triangleq \frac{\beta A}{m+k} - \frac{\beta(m+\alpha)}{m+k}Y - f(Y)\left[m+\alpha+\pi\left(\frac{\mu}{\mu_0}Y+V_{a0}\right)\right] = 0$$

Puisque $f' \geq 0$, alors Λ décroît strictement. De plus, comme f est positive, nous avons

$$\Lambda(Y) \leq \frac{\beta A}{m+k} - \frac{\beta(m+\alpha)}{m+k}Y$$

Donc

$$\lim_{Y\to+\infty} \Lambda(Y) = -\infty \tag{4.3.2}$$

En outre, nous avons $f(0) = 1$, donc

$$\Lambda(0) = \frac{\beta A}{m+k} - (m+\alpha+\pi V_{a0}) = (m+\alpha+\pi V_{a0})(\mathscr{R}_p - 1) \tag{4.3.3}$$

Λ est strictement décroissante, alors (4.3.2) et (4.3.3) impliquent que Λ a un zéro positif unique si et seulement si $\mathscr{R}_p > 1$. ■

4.3.2 Stabilité des points d'équilibres

Le théorème suivant donne des conditions suffisantes pour la stabilité globale des points d'équilibres du modèle (4.1.2).

Théorème 4.3.2 *Si $\mathscr{R}_p \leq 1$, le point d'équilibre sans virus E^0 est globalement asymptotiquement stable. Et si $\mathscr{R}_p > 1$, le point d'équilibre virus-endémique E^* est globalement asymptotiquement stable.*

Preuve :
Afin de prouver la stabilité asymptotique globale de E^0, on utilisera le théorème de stabilité asymptotique de Lyapunov [10]. On considère la fonction

$$V_1 = \frac{\omega_1}{2}(Z-Z^0)^2 + \frac{\omega_2}{2}(X+Y-X^0)^2 + \frac{\omega_3}{2}(V_a - V_a^0)^2 + \omega_4\int_0^{Y(t)} f(s)\,ds + \frac{\omega_5}{2}(X+Y+Z-X^0-Z^0)^2$$

où, $E^0 = (X^0, Y^0, Z^0, V_a^0)$ est le point d'équilibre sans virus déterminé dans la propodition précédente. $\omega_1, \omega_2, \omega_3, \omega_4$ et ω_5 sont des constantes positives, qu'on déterminera ultérieurement. La dérivée de V_1 le long des solutions de système (4.1.2) est

$$\begin{aligned}\dot{V}_1 =& \omega_1(Z-Z^0)(kX-mZ) + \omega_2(X+Y-X^0)(A-(m+k)X-(m+\alpha)Y)\\ &+\omega_3(V_a-V_{a0})(\mu Y - \mu_0(V_a-V_{a0})) + \omega_4 f(Y)\left(\frac{\beta XY}{f(Y)} - dY - \alpha Y - \pi Y V_a\right)\\ &+\omega_5(X+Y+Z-X^0-Z^0)(A-m(X+Y+Z)-\alpha Y)\end{aligned}$$

Á E^0, on a

$$\begin{cases} A - mX^0 - kX^0 = 0, \\ kX^0 - mZ^0 = 0, \end{cases}$$

donc

$$\begin{aligned}\dot{V}_1 =&\omega_1(Z-Z^0)\big(k(X-X^0)-m(Z-Z^0)\big)+\omega_2(X+Y-X^0)\big(-(m+k)(X-X^0)-(m+\alpha)Y\big)\\&+\omega_3(V_a-V_{a0})\big(\mu Y-\mu_0(V_a-V_{a0})\big)+\omega_4\beta XY-\omega_4 f(Y)\big((m+\alpha)Y+\pi YV_a\big)\\&+\omega_5\big((X-X^0)+(Z-Z^0)+Y\big)\big(-m(X-X^0)-m(Z-Z^0)-(m+\alpha)Y\big)\\=&-\omega_5 m(Z-Z^0)^2-\omega_3\mu_0(V_a-V_{a0})^2-\big(\omega_2(m+k)+\omega_5 d\big)(X-X^0)^2-\omega_5(m+\alpha)Y^2\\&+(\omega_1 k-2\omega_5 m)(Z-Z^0)(X-X^0)+\big(\omega_4\beta-\omega_2(2d+k+\alpha)-\omega_5(2m+\alpha)\big)Y(X-X^0)\\&-\big[\omega_1 m(Z-Z^0)^2+\omega_5(2m+\alpha)Y(Z-Z^0)+\omega_2(m+\alpha)Y^2\big]+\big(\omega_3\mu-\omega_4\pi f(Y)\big)YV_a\\&-Y\big(\omega_3\mu V_{a0}+\omega_4 f(Y)(d+\alpha)-\beta\omega_4 X^0\big)\end{aligned}$$

Soit

$$\begin{aligned}\omega_1&=\frac{1}{m},\\ \omega_5&=\frac{\omega_1 k}{2m},\\ \omega_2&=\Big(\frac{\omega_5(2m+\alpha)}{2}\Big)^2\frac{1}{m+\alpha},\\ \omega_4&=\frac{\omega_2(2m+k+\alpha)+\omega_5(2m+\alpha)}{\beta},\\ \omega_3&=\frac{\omega_4\pi}{\mu}.\end{aligned}$$

Alors

$$\begin{aligned}\dot{V}_1\le&-\omega_5 m(Z-Z^0)^2-\omega_3\mu_0(V_a-V_{a0})^2-(\omega_2(m+k)+\omega_5 m)(X-X^0)^2-\omega_5(m+\alpha)Y^2\\&-\Big[(Z-Z^0)^2+2\frac{\omega_5(2m+\alpha)}{2}Y(Z-Z^0)+\Big(\frac{\omega_5(2m+\alpha)}{2}Y\Big)^2\Big]+\omega_4\pi(1-f(Y))YV_a\\&-\omega_4 Y(\pi V_{a0}+f(Y)(d+\alpha)-\beta X^0)\end{aligned}$$

On a $f(Y(t))\ge 1$ pour tout $t\ge 0$, donc

$$\begin{aligned}\dot{V}_1\le&-\omega_5 m(Z-Z^0)^2-\omega_3\mu_0(V_a-V_{a0})^2-(\omega_2(m+k)+\omega_5 m)(X-X^0)^2-\omega_5(m+\alpha)Y^2\\&-\Big(Z-Z^0+\frac{\omega_5(2m+\alpha)}{2}Y\Big)^2-\omega_4 Y(\pi V_{a0}+m+\alpha-\beta\frac{A}{m+k})\end{aligned}$$

donc

$$\begin{aligned}\dot{V}_1\le&-\omega_5 m(Z-Z^0)^2-\omega_3\mu_0(V_a-V_{a0})^2-(\omega_2(m+k)+\omega_5 m)(X-X^0)^2-\omega_5(m+\alpha)Y^2\\&-\omega_4(m+\alpha+\pi V_{a0})Y\Big(1-\mathscr{R}_p\Big)\end{aligned}$$

ainsi , si $\mathscr{R}_p\le 1$ alors V_1 est une fonction de Lyapunov pour le point d'équilibre sans virus E^0, d'où, par le théorème asymptotique de Lyapunov [10], E^0 est globalement asymptotiquement stable.
Pour la stabilité du point d'équilibre virus-épidémie E^*, nous renvoyons le lecteur au (Corollaire 4.4.4) dans la section (4.4.3). ■

4.4 Étude stochastique

4.4.1 Existence et unicité d'une solution positive

Pour étudier le comportement dynamique du système (4.1.3), la première question est de savoir si une solution $(X(t),Y(t),Z(t),V_a(t))$ existe, et si elle est unique. En plus, du fait

que $X(t)$, $Y(t)$, $Z(t)$ et $V_a(t)$ représentent des quantités positives, une telle solution doit être positive presque sûrement.

Théorème 4.4.1 *Soit* $(X(0),Y(0),Z(0),V_a(0)) \in \mathbb{R}^4_+$, *alors il existe une unique solution positive de* (4.1.3) *sur* $[0;+\infty[$, *cette solution reste dans* $\mathbb{R}^4_+$ *avec probablité* 1.

Preuve
Puisque les coefficients du système (4.1.3) vérifie la condition de Lipschitz local alors, pour tout $(X(0),Y(0),Z(0),V_a(0)) \in \mathbb{R}^4_+$ il existe $(X(t),Y(t),Z(t),V_a(t))$ où $t \in [0,\tau_e)$, [11]. Nous allons montrer que $\tau_e = +\infty$ presque sûrement. Pour cela , on considère le temps d'arrêt :

$$\tau_\infty = \inf\{t \in [0,\tau_e) : X(t) \le 0 \text{ ou } Y(t) \le 0 \text{ ou } Z(t) \le 0 \text{ ou } V_a(t) \le 0\}$$

Dans tout ce qui suit on convient que $\inf \emptyset = \infty$, où $\emptyset$ désigne l'ensemble vide. On a $\tau_\infty \le \tau_e$, si on démontre que $\tau_\infty = \infty$ p.s. alors $\tau_e = \infty$ p.s. c'est à dire $(X(t),Y(t),Z(t),V_a(t)) \in \mathbb{R}^4_+$ p.s.
Supposons par absurde que ce n'est pas le cas , il existe alors deux constantes $T > 0$ et $\epsilon \in (0,1)$ telles que $P(\tau_\infty \le T) \ge \epsilon$. On considère la fonction V, qui est de classe C^2, définie pour $(X,Y,Z,V_a) \in \mathbb{R}^4_+$ par $V(X,Y,Z,V_a) = \ln(XYZV_a)$. On pose $\Omega = (\tau_\infty \le T)$. En utilisant la formule d'Itô on obtient, pour tout $\omega \in \Omega$ et $t \in [0,\tau_\infty(\omega))$,

$$dV(X,Y,Z,V_a) = \mathscr{L}V(X,Y,Z,V_a)\,dt - 3\sigma_1\,dB_1 + \sigma_2\left(\frac{X-Y}{f(Y)}\right)dB_2$$

où

$$\begin{aligned}\mathscr{L}V(X,Y,Z,V_a) &= \frac{1}{X}\Big(A - \frac{\beta XY}{f(Y)} - mX - kX + \pi YV_a\Big) - \frac{\sigma_1^2}{2} - \frac{\sigma_2^2 Y^2}{2f^2(Y)} \\ &\quad + \frac{1}{Y}\Big(\frac{\beta XY}{f(Y)} - mY - \alpha Y - \pi YV_a\Big) - \frac{\sigma_1^2}{2} - \frac{\sigma_2^2 X^2}{2f^2(Y)} \\ &\quad + \frac{1}{Z}(kX - mZ) - \frac{\sigma_1^2}{2} + \Big(\frac{1}{V_a}\Big)(\mu Y - \mu_0(V_a - V_{a0})) \\ &\ge -3m - k - \alpha - \mu_0 - \frac{3\sigma_1^2}{2} - \frac{\beta Y}{f(Y)} - \frac{\sigma_2^2}{2}\Big(\frac{Y^2+X^2}{f^2(Y)}\Big) - \pi V_a\end{aligned}$$

On sait que f est positive et vérifie $f(0) = 1$ et $f'(Y) \ge 0$ pour tout $Y > 0$, donc

$$\mathscr{L}V(X,Y,Z,V_a) \ge -3m - k - \alpha - \mu_0 - \frac{3\sigma_1^2}{2} - \beta Y - \frac{\sigma_2^2}{2}\Big(Y^2+X^2\Big) - \pi V_a$$

Par conséquent :

$$dV(X,Y,Z,V_a) \ge h(X,Y,V_a)\,dt - 3\sigma_1\,dB_1 + \sigma_2\Big(\frac{X-Y}{f(Y)}\Big)dB_2$$

où

$$h(X,Y,V_a) = \Big(-3m - k - \alpha - \mu_0 - \frac{3\sigma_1^2}{2} - \beta Y - \frac{\sigma_2^2}{2}\Big(Y^2+X^2\Big)\Big) - \pi V_a\Big)$$

Ainsi

$$\begin{aligned}V(X,Y,Z,V_a) &\ge V(X(0),Y(0),Z(0),V_a(0)) + \int_0^t h(X(s),Y(s),V_a(s))\,ds \\ &\quad - 3\sigma_1 B_1(t) + \int_0^t \sigma_2\Big(\frac{X(s)-Y(s)}{f(Y(s))}\Big)dB_2(s)\end{aligned} \tag{4.4.1}$$

Notons que pour $\omega \in \Omega$, il y a au moins un des $X(\tau_\infty,\omega), Y(\tau_\infty,\omega), Z(\tau_\infty,\omega)$, ou $V_a(\tau_\infty,\omega)$ qui est nul, ainsi

$$\lim_{t\to\tau_\infty} \mathrm{V}(\mathrm{X}(t),\mathrm{Y}(t),\mathrm{Z}(t),\mathrm{V}_a(t)) = -\infty$$

On fait tendre $t \to \infty$, dans (4.4.1) on aboutit à la contradiction :

$$-\infty \geq \mathrm{V}(\mathrm{X}(0),\mathrm{Y}(0),\mathrm{Z}(0),\mathrm{V}_a(0)) + \int_0^{\tau_\infty} h(\mathrm{X}(s),\mathrm{Y}(s),\mathrm{V}_a(s))\,ds - 3\sigma_1 \mathrm{B}_1(\tau_\infty) + \int_0^{\tau_\infty} \sigma_2\Big(\frac{\mathrm{X}-\mathrm{Y}}{f(\mathrm{Y})}\Big)\,d\mathrm{B}_2(s) > -\infty$$

Donc $\tau_\infty = \infty$ p.s. Ce qui complète la preuve du (Théorème 4.4.1). ■

4.4.2 Extinction

L'un des principaux intérêts de l'épidémiologie est de savoir comment contrôler la dynamique de la maladie afin qu'elle soit éliminée à long terme. Dans cette section, nous établirons des conditions suffisantes pour l'extinction des virus dans le modèle stochastique (4.1.3).

Lemme 4.4.1 *Soit* $(\mathrm{X}(t),\mathrm{Y}(t),\mathrm{Z}(t),\mathrm{V}_a(t))$ *la solution du système* (4.1.3)*, pour une certaine condition initiale* $(\mathrm{X}(0),\mathrm{Y}(0),\mathrm{Z}(0),\mathrm{V}_a(0)) \in \mathbb{R}^4_+$*. Alors :*

$$\lim_{t\to\infty} \frac{\mathrm{X}(t)+\mathrm{Y}(t)}{t} = 0 \quad p.s.$$

Preuve :
On pose $v(t) = \mathrm{X}(t) + \mathrm{Y}(t)$, et $\Phi(v) = (1+v)^p$, où $p > 0$ est une constante à déterminer ultérieurement. Par la formule d'Itô on obtient

$$d\Phi(v(t)) = \mathscr{L}\Phi(v)\,dt + p(1+v)^{p-1}(-\sigma_1 \mathrm{X}\,d\mathrm{B}_1 - \sigma_1 \mathrm{Y}\,d\mathrm{B}_1)$$

où

$$\begin{aligned}
\mathscr{L}\Phi(v) &= p(1+v)^{p-1}[\mathrm{A} - mv - k\mathrm{X} - \alpha\mathrm{Y}] + \frac{p(p-1)}{2}(1+v)^{p-2}\sigma_1^2 v^2 \\
&= p(1+v)^{p-2}\Big\{(1+v)(\mathrm{A} - mv - k\mathrm{X} - \alpha\mathrm{Y}) + \frac{(p-1)}{2}\sigma_1^2 v^2\Big\} \\
&\leq p(1+v)^{p-2}\Big\{(1+v)(\mathrm{A} - mv) + \frac{(p-1)}{2}\sigma_1^2 v^2\Big\} \\
&= p(1+v)^{p-2}\Big\{-\Big[m - \frac{(p-1)}{2}\sigma_1^2\Big]v^2 + (\mathrm{A}-m)\,v + \mathrm{A}\Big\}.
\end{aligned}$$

Soit $p > 0$ tel que $m - \dfrac{p-1}{2}\sigma_1^2 := \lambda > 0$, alors

$$\mathscr{L}\Phi(v) \leq p(1+v)^{p-2}\Big\{-\lambda v^2 + (\mathrm{A}-m)\,v + \mathrm{A}\Big\} \tag{4.4.2}$$

ainsi

$$d\Phi(v) \leq p(1+v)^{p-2}\Big\{-\lambda v^2 + (\mathrm{A}-m)\,v + \mathrm{A}\Big\}dt - p\sigma_1 v(1+v)^{p-1}d\mathrm{B}_1$$

Soit $0 < k < p\lambda$, on a

$$d(e^{kt}\Phi(v(t))) = \mathscr{L}(e^{kt}\Phi(v))\,dt - p\sigma_1 e^{kt} v(1+v)^{p-1}d\mathrm{B}_1$$

donc

$$\mathrm{E}(e^{kt}\Phi(v(t)) = \Phi(v(0)) + \mathrm{E}\int_0^t \mathscr{L}(e^{ks}\Phi(v(s))\,ds \tag{4.4.3}$$

où

$$\begin{aligned}\mathscr{L}(e^{kt}\Phi(v(t))) &= ke^{kt}\Phi(v(t)) + e^{kt}\mathrm{L}\Phi(v(t))\\ &\le pe^{kt}(1+v)^{p-2}\Big\{\frac{k}{p}(1+v)^2 - \lambda v^2 + (\mathrm{A}-m)v + \mathrm{A}\Big\}\\ &= pe^{kt}(1+v)^{p-2}\Big\{-(\lambda - \frac{k}{p})v^2 + (\mathrm{A}-m+\frac{2k}{p})v + \mathrm{A} + \frac{k}{p}\Big\}\\ &\le pe^{kt}\mathrm{C}\end{aligned}$$

ici

$$\mathrm{C} = \sup_{v\in\mathbb{R}_+}\Big\{(1+v)^{p-2}\Big(-(\lambda-\frac{k}{p})v^2 + (\mathrm{A}-m+\frac{2k}{p})v + \mathrm{A} + \frac{k}{p}\Big)\Big\}$$

donc de (4.4.3) on obtient :

$$\mathrm{E}(e^{kt}(1+v)^p) \le (1+v(0))^p + \frac{p\mathrm{C}}{k}e^{kt}$$

ainsi

$$\limsup_{t\to\infty}\mathrm{E}((1+v)^p) \le \frac{p\mathrm{C}}{k} =: \mathrm{C}_0, \quad \text{p.s.}$$

de plus v est continue ce qui implique l'existence d'une constante $\mathrm{M}>0$ telle que

$$\mathrm{E}((1+v(t))^p) \le \mathrm{M}, \qquad t \ge 0 \tag{4.4.4}$$

Par (4.4.4), nous pouvons procéder comme dans [15] pour compléter la preuve. ■

Lemme 4.4.2 *Pour toute condition initiale* $(\mathrm{X}(0),\mathrm{Y}(0),\mathrm{Z}(0),\mathrm{V}_a(0)) \in \mathbb{R}_+^4$, *la solution* $(\mathrm{X}(t),\mathrm{Y}(t),\mathrm{Z}(t),\mathrm{V}_a(t))$ *du système* (4.1.3) *vérifie :*

$$\lim_{t\to\infty}\frac{\int_0^t \mathrm{X}(s)d\mathrm{B}_1(s)}{t} = 0, \quad \lim_{t\to\infty}\frac{\int_0^t \mathrm{Y}(s)d\mathrm{B}_1(s)}{t} = 0, \quad \lim_{t\to\infty}\frac{\int_0^t \frac{\mathrm{X}(s)}{f(\mathrm{Y}(s))}d\mathrm{B}_2(s)}{t} = 0 \quad p.s. \tag{4.4.5}$$

Preuve :

On pose $\mathrm{M}_1 = \displaystyle\int_0^t \frac{\mathrm{X}(s)}{f(\mathrm{Y}(s))}d\mathrm{B}_2(s)$ et soit $p>2$. En utilisant l'inégalité de Burkholder-Davis-Gundy [11] et (4.4.4), on a

$$\mathrm{E}\Big[\sup_{0\le s\le t}|\mathrm{M}_1(s)|^p\Big] \le \mathrm{C}_p\mathrm{E}\Big[\int_0^t \frac{\mathrm{X}^2(s)}{f^2(\mathrm{Y}(s))}ds\Big]^{\frac{p}{2}} \le \mathrm{C}_p t^{\frac{p}{2}}\mathrm{E}\Big[\sup_{0\le s\le t}\frac{\mathrm{X}^p(s)}{f^p(\mathrm{Y}(s))}\Big] \le \mathrm{M}_p\mathrm{C}_p t^{\frac{p}{2}}$$

Soit ϵ une constante strictement positive. D'aprés l'inégalité de Chebyshev on a

$$\mathrm{P}\Big\{\omega : \sup_{k\delta\le t\le(k+1)\delta}|\mathrm{M}_1(t)|^p > (k\delta)^{1+\epsilon+\frac{p}{2}}\Big\} \le \frac{\mathrm{M}_p\mathrm{C}_p((k+1)\delta)^{\frac{p}{2}}}{(k\delta)^{1+\epsilon+\frac{p}{2}}} \le \frac{2^{\frac{p}{2}}\mathrm{M}_p\mathrm{C}_p}{(k\delta)^{1+\epsilon}}$$

Une application de l'inégalité des martingales de Doob, et le lemme de Borel-Cantelli [11] donne, pour presque tout $\omega\in\Omega$ et pour tout k (sauf, éventuellement, un nombre fini) :

$$\sup_{k\delta\le t\le(k+1)\delta}|\mathrm{M}_1(t)|^p \le (k\delta)^{1+\epsilon+\frac{p}{2}} \tag{4.4.6}$$

Donc, pour presque tout $\omega\in\Omega$, il existe un entier $k_0(\omega)$ tel que, pour tout $k\ge k_0$, on a (4.4.6). Ainsi, si $k\ge k_0$ et $k\delta\le t\le(k+1)\delta$, on obtient

$$\frac{\ln|\mathrm{M}_1(t)|^p}{\ln t} \le \frac{(1+\epsilon+\frac{p}{2})\ln(k\delta)}{(\ln k\delta)} \le 1+\epsilon+\frac{p}{2}, \quad \text{p.s.}$$

Par conséquent

$$\limsup_{t\to+\infty}\frac{\ln|\mathrm{M}_1(t)|}{\ln t}\leq\frac{1+\epsilon+\frac{p}{2}}{p},\quad\text{p.s.}$$

En faisant tendre $\epsilon\to 0$, on a

$$\limsup_{t\to+\infty}\frac{\ln|\mathrm{M}_1(t)|}{\ln t}\leq\frac{1}{p}+\frac{1}{2},\quad\text{p.s.}$$

Donc pour δ, telle que $0<\delta<\frac{1}{2}-\frac{1}{p}$, il existe une constante $\mathrm{K}(\omega)>0$ et un ensemble Ω_δ, tels que $\mathrm{P}(\Omega_\delta)\geq 1-\delta$ et pour tout $t\geq\mathrm{K}(\omega)$, $\omega\in\Omega_\delta$,

$$\ln|\mathrm{M}_1(t)|\leq\Big(\frac{1}{2}+\frac{1}{p}+\delta\Big)\ln t$$

donc

$$\limsup_{t\to+\infty}\frac{|\mathrm{M}_1(t)|}{t}\leq\limsup_{t\to+\infty}\frac{t^{\frac{1}{2}+\frac{1}{p}+\delta}}{t}=0\quad\text{p.s.}$$

ainsi du fait que $\liminf_{t\to+\infty}\frac{|\mathrm{M}_1(t)|}{t}\geq 0$, on a

$$\lim_{t\to+\infty}\frac{|\mathrm{M}_1(t)|}{t}=0,\quad\text{p.s.}$$

donc

$$\lim_{t\to+\infty}\frac{\mathrm{M}_1(t)}{t}=\lim_{t\to+\infty}\frac{\int_0^t\frac{\mathrm{X}(s)}{f(\mathrm{Y}(s))}d\mathrm{B}_2(s)}{t}=0,\quad\text{p.s.}$$

Prenant $f=1$ et en utilisant les mêmes arguments, nous pouvons montrer que

$$\lim_{t\to\infty}\frac{\int_0^t\mathrm{X}(s)d\mathrm{B}_1(s)}{t}=0\quad\text{et}\quad\lim_{t\to\infty}\frac{\int_0^t\mathrm{Y}(s)d\mathrm{B}_1(s)}{t}=0,\quad\text{p.s.}$$

ce qui complète la preuve du (Lemme 4.4.2) ■

Théorème 4.4.2 *Soit* $(\mathrm{X}(t),\mathrm{Y}(t),\mathrm{Z}(t),\mathrm{V}_a(t))$ *la solution du système* (4.1.3) *avec la condition initiale* $(\mathrm{X}(0),\mathrm{Y}(0),\mathrm{Z}(0),\mathrm{V}_a(0))$, *alors :*

$$\lim_{t\to\infty}\frac{\ln\mathrm{Y}}{t}\leq-\left(m+\alpha+\frac{\sigma_1^2}{2}-\frac{\beta^2}{2\sigma_2^2}\right)\ \ p.s.$$

On suppose que $\beta^2<2\sigma_2^2(m+\alpha+\frac{\sigma_1^2}{2})$, *alors* $\mathrm{Y}(t)$ *tends vers zéro exponentiellement p.s.*

Preuve :
Par la formule d'Itô appliquée à (4.1.3) on obtient

$$d\ln\mathrm{Y}(t)=\Big(\frac{\beta\mathrm{X}}{f(\mathrm{Y})}-m-\alpha-\pi\mathrm{V}_a-\frac{\sigma_1^2}{2}-\frac{\sigma_2^2\mathrm{X}^2}{2f^2(\mathrm{Y})}\Big)dt-\sigma_1 d\mathrm{B}_1+\sigma_2\frac{\mathrm{X}}{f(\mathrm{Y})}d\mathrm{B}_2$$

donc

$$\ln Y \leq \ln Y(0) + \int_0^t \Big(\frac{\beta X(s)}{f(Y(s))} - \frac{\sigma_2^2 X^2(s)}{2f^2(Y(s))} - \pi V_a(s) \Big) ds - (m + \alpha + \frac{\sigma_1^2}{2}) t - \sigma_1 B_1(t) + \sigma_2 M_1(t)$$

où

$$M_1(t) = \int_0^t \frac{X(s)}{f(Y(s))} dB_2(s)$$

donc

$$\begin{aligned} \ln Y(t) &\leq \ln Y(0) - \frac{\sigma_2^2}{2} \int_0^t \Big(\frac{X(s)}{f(Y(s))} - \frac{\beta}{\sigma_2^2} \Big)^2 ds + \frac{\beta^2}{2\sigma_2^2} t - \Big(m + \alpha + \frac{\sigma_1^2}{2} \Big) t - \sigma_1 B_1(t) + \sigma_2 M_1(t) \\ &\leq \ln Y(0) - (m + \alpha + \frac{\sigma_1^2}{2} - \frac{\beta^2}{2\sigma_2^2}) t - \sigma_1 B_1(t) + \sigma_2 M_1(t) \end{aligned} \tag{4.4.7}$$

par conséquent, en divisant les deux membres de (4.4.7) par t, on a

$$\frac{\ln Y}{t} \leq \frac{\ln Y(0)}{t} - (m + \alpha + \frac{\sigma_1^2}{2} - \frac{\beta^2}{2\sigma_2^2}) - \frac{\sigma_1 B_1(t)}{t} + \frac{\sigma_2 M_1(t)}{t} \tag{4.4.8}$$

En utilisant la loi forte des grands nombres [11], on obtient $\lim_{t\to\infty} \frac{\sigma_1 B_1(t)}{t} = 0$ p.s. et par le (lemme 4.4.2), on a

$$\lim_{t\to\infty} \frac{\sigma_2 M_1(t)}{t} = 0, \text{ p.s.}$$

Par passage au limite supérieure dans les deux membres de (4.4.8) et la condition $\beta^2 < 2\sigma_2^2(m + \alpha + \frac{\sigma_1^2}{2})$, on obtient

$$\limsup_{t\to\infty} \frac{\ln Y}{t} \leq -(m + \alpha + \frac{\sigma_1^2}{2} - \frac{\beta^2}{2\sigma_2^2}) < 0, \text{ p.s.}$$

donc $\lim_{t\to\infty} Y(t) = 0$, p.s. ce qui complète la preuve du Théorème 4.4.2. ■

Remarque 1 *Le Théorème 4.4.2 montre que le nombre de noeuds infectés* $Y(t)$ *disparaitra, presque sûrement, si* $\beta^2 < 2\sigma_2^2 \left(m + \alpha + \frac{\sigma_1^2}{2} \right)$. *et cela se manifeste, par exemple, pour de grandes perturbations des bruits blancs.*

4.4.3 Distribution stationnaire et récurrence positive

Le théorème suivant étudie la stabilité dans un sens stochastique. Il donne une condition suffisante pour l'existence d'une distribution asymptotiquement invariante pour la solution du modèle (4.1.3). La preuve est basée sur le Lemme 4.2.1.

Théorème 4.4.3 *Considérons le système stochastique* (4.1.3) *avec une condition initiale positive, on suppose que* $\mathscr{R}_p > 1$ *et que*

$$0 < \gamma < \min(\gamma_1 X^{*^2}, \gamma_2 Y^{*^2}, \gamma_3 Z^{*^2}, \gamma_4 V_a^{*^2}) \tag{4.4.9}$$

où

$$\begin{aligned}
\gamma_1 &= a_2(m+k-2\sigma_1^2) + a_5(m-4\sigma_1^2) - a_4\sigma_2^2 Y^* \\
\gamma_2 &= a_5(m+\alpha-4\sigma_1^2) - 2a_2\sigma_1^2 \\
\gamma_3 &= a_5(m-4\sigma_1^2) - a_1\sigma_1^2 \\
\gamma_4 &= a_3\mu_0 \\
\gamma &= 2a_2\sigma_1^2(X^{*^2}+Y^{*^2}) + a_1\sigma_1^2 Z^{*^2} + a_4\sigma_2^2 Y^* X^{*^2} + a_4\frac{\sigma_1^2 Y^*}{2} + 4a_5\sigma_1^2(X^{*^2}+Y^{*^2}+Z^{*^2})
\end{aligned} \tag{4.4.10}$$

et

$$\begin{aligned}
a_1 &= \frac{1}{m}, \qquad a_5 = \frac{k}{2m^2}, \qquad a_2 = \frac{(2m+\alpha)^2}{4(m+\alpha)}a_5^2, \\
a_4 &= \frac{\Big(a_5(2m+\alpha) + a_2(\alpha+2m+k)\Big)f(Y^*)}{\beta} \\
a_3 &= \frac{\pi}{\mu}a_4
\end{aligned} \tag{4.4.11}$$

Alors la solution (X,Y,Z,V_a) *est récurrente positive et admet donc une distribution stationnaire ergodique unique.*

Remarque 2 *La condition* (4.4.9) *peut être vérifié pour des* σ_1 *and* σ_2 *suffisamment petits. En fait, nous avons*

$$\begin{aligned}
\lim_{\sigma_1,\sigma_2\to 0}\gamma_1 &= a_2(m+k) + a_5 m > 0 \\
\lim_{\sigma_1,\sigma_2\to 0}\gamma_2 &= (a_2+a_5)(m+\alpha) > 0 \\
\lim_{\sigma_1,\sigma_2\to 0}\gamma_3 &= d(a_1+a_5) > 0
\end{aligned}$$

et

$$\lim_{\sigma_1,\sigma_2\to 0}\gamma = 0$$

De plus, nous définissons les paramètres suivants

$$\begin{aligned}
\gamma_5 &= a_5(2m+\alpha) + a_2(\alpha+2m+k) - a_4\frac{\beta}{f(Y^*)} \\
\gamma_6 &= 2a_5 m - k a_1 \\
\gamma_7 &= -\mu a_3 + a_4\pi
\end{aligned}$$

en remplaçant a_1, a_2, a_3, a_4 *et* a_5 *dans* γ_5, γ_6 *et* γ_7*, on a clairement :* $\gamma_5 = \gamma_6 = \gamma_7 = 0$.

Preuve
On considère la fonction de Lyapunov V définie pour $(X,Y,Z,V_a) \in \mathbb{R}_+^4$ par

$$V(X,Y,Z,V_a) = a_1V_1(Z) + a_2V_2(X,Y) + a_3V_3(V_a) + a_4V_4(Y) + a_5V_5(X,Y,Z) \tag{4.4.12}$$

où V_1, V_2, V_3, V_4 et V_5 sont les fonctions positives définies pour $(X,Y,Z,V_a) \in \mathbb{R}_+^4$ par :

$$\begin{aligned}
V_1(Z) &= \frac{1}{2}(Z-Z^*)^2, \qquad V_2(X,Y) = \frac{1}{2}(X+Y-X^*-Y^*)^2, \qquad V_3(V_a) = \frac{1}{2}(V_a-V_a^*)^2 \\
V_4(Y) &= Y - Y^* - Y^*\ln\frac{Y}{Y^*}, \qquad V_5(X,Y,Z) = \frac{1}{2}(X+Y+Z-X^*-Y^*-Z^*)^2
\end{aligned}$$

où a_1, a_2, a_3, a_4 et a_5 sont définies dans (4.4.11). En appliquant l'opérateur différentiel $\mathscr{L}$ à V_1, on obtient

$$\mathscr{L}V_1(Z) = (Z-Z^*)(kX - mZ) + \frac{\sigma_1^2}{2}Z^2$$

Au point d'équilibre $E^*(X^*, Y^*, Z^*, V_a^*)$, on a $kX^* - mZ^* = 0$ donc

$$\mathscr{L}V_1(Z) = (Z-Z^*)(k(X-X^*) - m(Z-Z^*)) + \frac{\sigma_1^2}{2}((Z-Z^*)+Z^*)^2$$

Une application de l'inégalité $(x+y)^2 \le 2(x^2+y^2)$ valable pour tout $(x,y) \in \mathbb{R}^2$, donne

$$\mathscr{L}V_1(Z) \le -(m-\sigma_1^2)(Z-Z^*)^2 + k(X-X^*)(Z-Z^*) + \sigma_1^2 Z^{*^2} \tag{4.4.13}$$

Pour la fonction V_2, on a

$$\mathscr{L}V_2(X,Y) = (X+Y-X^*-Y^*)(A - mX - kX - mY - \alpha Y) + \frac{\sigma_1^2}{2}(X+Y)^2$$

Au point d'équilibre E^* on a $A - mX^* - kX^* - mY^* - \alpha Y^* = 0$, donc

$$\begin{aligned}\mathscr{L}V_2(X,Y) \le & (X+Y-X^*-Y^*)\Big(-(m+k)(X-X^*) - (m+\alpha)(Y-Y^*)\Big) + \sigma_1^2(X^2+Y^2) \\ \le & -(m+k)(X-X^*)^2 - (m+\alpha)(Y-Y^*)^2 - (2m+k+\alpha)(X-X^*)(Y-Y^*) \\ & + \sigma_1^2((X-X^*)+X^*)^2 + \sigma_1^2((Y-Y^*)+Y^*)^2\end{aligned}$$

Par conséquent

$$\begin{aligned}\mathscr{L}V_2(X,Y) \le & -(m+k-2\sigma_1^2)(X-X^*)^2 - (m+\alpha \\ & -2\sigma_1^2)(Y-Y^*)^2 - (2m+k+\alpha)(X-X^*)(Y-Y^*) + 2\sigma_1^2 X^{*^2} + 2\sigma_1^2 Y^{*^2}\end{aligned} \tag{4.4.14}$$

Maintenant, nous calculons $\mathscr{L}V_3$

$$\mathscr{L}V_3(V_a) = (V_a - V_a^*)(\mu Y - \mu_0(V_a - V_{a0}))$$

Au point d'équilibre E^*, on a $\mu Y^* - \mu_0(V_a^* - V_{a0}) = 0$, donc

$$\mathscr{L}V_3(V_a) = (V_a - V_a^*)(\mu(Y-Y^*) - \mu_0(V_a - V_a^*))$$

ainsi

$$\mathscr{L}V_3(V_a) = -\mu_0(V_a - V_a^*)^2 + \mu(V_a - V_a^*)(Y-Y^*) \tag{4.4.15}$$

Pour $\mathscr{L}V_4$, on a

$$\begin{aligned}\mathscr{L}V_4(Y) &= \Big(1 - \frac{Y^*}{Y}\Big)\Big(\frac{\beta XY}{f(Y)} - mY - \alpha Y - \pi Y V_a\Big) + \frac{Y^*}{2}\Big(\sigma_1^2 + \sigma_2^2\frac{X^2}{f^2(Y)}\Big) \\ &\le \Big(Y - Y^*\Big)\Big(\frac{\beta X}{f(Y)} - m - \alpha - \pi V_a\Big) + \frac{Y^*}{2}\Big(\sigma_1^2 + \sigma_2^2\frac{X^2}{f^2(Y)}\Big)\end{aligned}$$

Au point d'équilibre E^* on a $\frac{\beta X^*}{f(Y^*)} - m - \alpha - \pi V_a^* = 0$, donc

$$\mathscr{L}V_4(Y) \le \Big(Y-Y^*\Big)\Big(\frac{\beta X}{f(Y)} - \frac{\beta X^*}{f(Y^*)} - \pi(V_a - V_a^*)\Big) + \frac{Y^*}{2}\Big(\sigma_1^2 + \sigma_2^2\frac{X^2}{f^2(Y)}\Big)$$

La fonction f est strictement croissante et vérifie $f(Y) \ge 1$, donc

$$\begin{aligned}\mathscr{L}V_4(Y) &\le \Big(Y-Y^*\Big)\Big(\beta X\Big(\frac{1}{f(Y)} - \frac{1}{f(Y^*)}\Big) + \frac{\beta}{f(Y^*)}(X-X^*) - \pi(V_a - V_a^*)\Big) + \frac{Y^*}{2}\Big(\sigma_1^2 + \sigma_2^2\frac{X^2}{f^2(Y)}\Big) \\ &\le \Big(Y-Y^*\Big)\Big(\frac{\beta}{f(Y^*)}(X-X^*) - \pi(V_a - V_a^*)\Big) + Y^*\sigma_2^2(X-X^*)^2 + Y^*\sigma_2^2 X^{*^2} + \frac{\sigma_1^2 Y^*}{2}\end{aligned}$$

ainsi

$$\begin{aligned}\mathscr{L}V_4(Y) \leq & Y^*\sigma_2^2(X-X^*)^2 + \frac{\beta}{f(Y^*)}(X-X^*)(Y-Y^*) \\ & -\pi(V_a - V_a^*)(Y-Y^*) + \sigma_2^2 Y^* X^{*^2} + \frac{\sigma_1^2 Y^*}{2}\end{aligned} \tag{4.4.16}$$

Ensuite, nous calculons $\mathscr{L}V_5$

$$\mathscr{L}V_5(X,Y,Z) = (X-X^*+Y-Y^*+Z-Z^*)(A - mX - mY - \alpha Y - mZ) + \frac{\sigma_1^2}{2}(X+Y+Z)^2$$

Au point d'équilibre E^* on a $A - mX^* - mY^* - \alpha Y^* - mZ^* = 0$. En utilisant l'inégalité $(x+y+z)^2 \leq 4(x^2+y^2+z^2)$ valable pour tout $(x,y,z) \in \mathbb{R}^3$ on obtient

$$\begin{aligned}\mathscr{L}V_5(X,Y,Z) \leq & (X-X^*+Y-Y^*+Z-Z^*)(-m(X-X^*) - (m+\alpha)(Y-Y^*) - m(Z-Z^*)) \\ & + 2\sigma_1^2(X^2+Y^2+Z^2) \\ \leq & -m(X-X^*)^2 - (m+\alpha)(Y-Y^*)^2 - m(Z-Z^*)^2 - (2m+\alpha)(X-X^*)(Y-Y^*) \\ & - 2m(X-X^*)(Z-Z^*) - (2m+\alpha)(Y-Y^*)(Z-Z^*) \\ & + 4\sigma_1^2((X-X^*)^2 + (Y-Y^*)^2 + (Z-Z^*)^2) + 4\sigma_1^2(X^{*^2} + Y^{*^2} + Z^{*^2})\end{aligned}$$

Ainsi

$$\begin{aligned}\mathscr{L}V_5(X,Y,Z) \leq & -(m-4\sigma_1^2)(X-X^*)^2 - (m+\alpha-4\sigma_1^2)(Y-Y^*)^2 - (m-4\sigma_1^2)(Z-Z^*)^2 \\ & - (2m+\alpha)(X-X^*)(Y-Y^*) - 2m(X-X^*)(Z-Z^*) \\ & - (2m+\alpha)(Y-Y^*)(Z-Z^*) + 4\sigma_1^2(X^{*^2} + Y^{*^2} + Z^{*^2})\end{aligned} \tag{4.4.17}$$

En combinant (4.4.13), (4.4.14), (4.4.15), (4.4.16) et (4.4.17) et en multipliant par les coefficients a_1, a_2, a_3, a_4 et a_5 de (4.4.12) déterminés dans (4.4.11), on obtient

$$\begin{aligned}\mathscr{L}V(X,Y,Z,V_a) \leq & -\gamma_1(X-X^*)^2 - \gamma_2(Y-Y^*)^2 - \gamma_3(Z-Z^*)^2 - \gamma_4(V-V_a^*)^2 \\ & - \gamma_5(X-X^*)(Y-Y^*) - \gamma_6(X-X^*)(Z-Z^*) - \gamma_7(V-V_a^*)(Y-Y^*) \\ & - [a_1 m(Z-Z^*)^2 + a_2(m+\alpha)(Y-Y^*)^2 + a_5(2m+\alpha)(Y-Y^*)(Z-Z^*)] + \gamma \\ \leq & -\gamma_1(X-X^*)^2 - \gamma_2(Y-Y^*)^2 - \gamma_3(Z-Z^*)^2 - \gamma_4(V-V_a^*)^2 \\ & - ((Z-Z^*) + a_5\frac{2m+\alpha}{2}(Y-Y^*))^2 + \gamma\end{aligned}$$

Ce qui donne

$$\begin{aligned}\mathscr{L}V(X,Y,Z,V_a) \leq & -\gamma_1(X-X^*)^2 - \gamma_2(Y-Y^*)^2 - \gamma_3(Z-Z^*)^2 - \gamma_4(V-V_a^*)^2 + \gamma \\ = & -\gamma_1(X-X^*)^2 - \gamma_2(Y-Y^*)^2 - \gamma_3(Z-Z^*)^2 - \gamma_4(V-V_a^*)^2 + \gamma' + \gamma - \gamma'\end{aligned}$$

où

$$0 < \gamma < \gamma' < \min(\gamma_1 X^{*^2}, \gamma_2 Y^{*^2}, \gamma_3 Z^{*^2}, \gamma_4 V_a^{*^2})$$

et en prenant en considération (4.4.9), l'ellipsoïde

$$-\gamma_1(X-X^*)^2 - \gamma_2(Y-Y^*)^2 - \gamma_3(Z-Z^*)^2 - \gamma_4(V-V_a^*)^2 + \gamma' \geq 0$$

est inclus dans $\mathbb{R}^4_+$. Nous pouvons prendre n'importe quel voisinage U de l'ellipsoïde avec $\bar{U} \subset \mathbb{R}^4_+$, où $\bar{U}$ est l'adhérance de U. Ainsi $\mathscr{L}V(X,Y,Z,V_a) \leq -(\gamma' - \gamma)$ pour tout $(X,Y,Z,V_a) \in \mathbb{R}^4_+ \setminus U$. cela implique que la condition (B2) du (Lemme 4.2.1) est satisfaite.
Il reste à vérifier la condition (B1) du même lemme. La matrice de diffusion associée au

système (4.1.3) est donnée par :

$$M(X,Y,Z) = \begin{bmatrix} \sigma_1^2 X^2 + \sigma_2^2 \frac{X^2Y^2}{f^2(Y)} & \sigma_1^2 XY - \sigma_2^2 \frac{X^2Y^2}{f^2(Y)} & \sigma_1^2 XZ & 0 \\ \sigma_1^2 XY - \sigma_2^2 \frac{X^2Y^2}{f^2(Y)} & \sigma_1^2 Y^2 + \sigma_2^2 \frac{X^2Y^2}{f^2(Y)} & \sigma_1^2 YZ & 0 \\ \sigma_1^2 XZ & \sigma_1^2 YZ & \sigma_1^2 Z^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

Puisque U est un ouvert borné, qui est inclus dans $\mathbb{R}^4_+$, alors pour tout $(X,Y,Z,V_a) \in U$

$$a_{33}(X,Y,Z,V_a) = \sigma_1^2 Z^2 \geq \min_{(X,Y,Z,V_a)\in \bar{U}} \sigma_1^2 Z^2 > \nu$$

où ν est une constante strictement positive, la condition (B1) est remplie. par conséquent, nous avons établi les conditions (B1) et (B2) du (Lemme 4.2.1). Ce qui permet de conclure. ■

Remarque 3 *Le Théorème 4.4.3 traite le comportement asymptotique de la solution de (4.1.3). Dans le cas où $\mathscr{R}_p > 1$ et pour des bruits d'environnement suffisamment petits, les solutions $X(t), Y(t), V(t)$ et $V_a(t)$ fluctue autour des valeurs du point d'équilibre E^*.*

Corollaire 4.4.4 *En prenant $\sigma_1 = \sigma_2 = 0$; si $\mathscr{R}_p > 1$, on peut facilement suivre la même démonstration ci-dessous pour montrer la stabilité du point d'équilibre virus-endémique E^*.*

4.5 Discussions et simulaions numériques

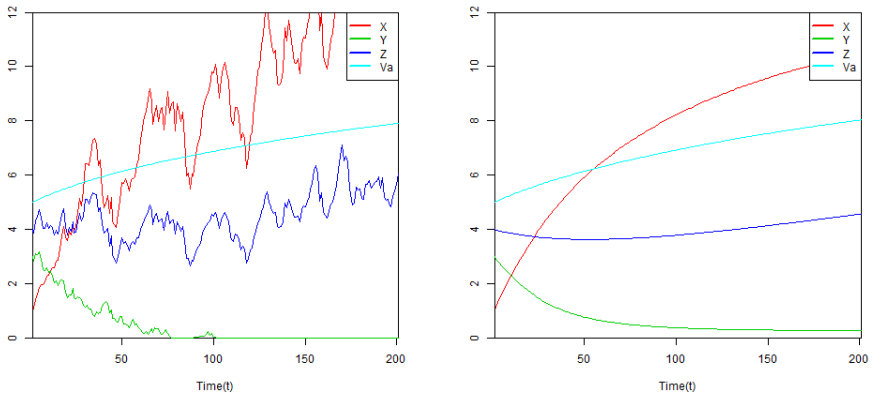
Dans cette section, nous présentons quelques simulations numériques pour soutenir nos résultats théoriques.
Tout au long des simulations numériques suivantes, nous choisissons $f(Y) = 1 + 2Y^2$.
Nous utilisons la méthode de Milstein [3, 7].

Exemple 1 *Dans les deux systèmes (4.1.2) et (4.1.3) nous choisissons les paramètres suivantes :* $A = 10$, $\beta = 0,45$, $m = 0,5$, $k = 0,3$, $\pi = 0,4$, $\alpha = 0,4$, $\mu = 0,35$, $\mu_0 = 0,4$, $V_{a0} = 10$, $\sigma_1 = 0,7$ *et* $\sigma_2 = 0,8$

En utilisant les paramètres ci-dessus, nous avons $\mathscr{R}_p = 1,15 > 1$, ce qui implique, d'aprés le Théorème 4.3.2, que le modèle (4.1.2), se stabilise à l'état d'équilibre E^*. Fig. 4.1 (b) illustre ce cas.
$\beta^2 = 0,2 < 2\sigma_2^2(m+\alpha+\frac{\sigma_1^2}{2}) = 1,47$, ($\lim_{t\to\infty} \frac{\ln Y}{t} \leq -0,99$ a.s.). Le Théorème 4.4.2 montre que le virus disparaît du resaux sous de grandes perturbations de bruit blanc. La simulation numérique dans Fig.1 (a) supporte ce résultat, $Y(t)$ représenté par la couleur verte tend vers zéro presque sûrement.

Exemple 2 *Dans les deux systèmes (4.1.2) et (4.1.3) nous choisissons les paramètres suivantes :* $A = 1$, $\beta = 3$, $m = 0,5$, $k = 0,3$, $\pi = 0,4$, $\alpha = 0,4$, $\mu = 0,35$, $\mu_0 = 0,4$, $V_{a0} = 0,5$, $\sigma_1 = 0,08$ *et* $\sigma_2 = 0,08$

Dans l'Exemple 2, les paramètres sont choisis pour vérifier les conditions du Théorème 4.4.3. Ainsi, il existe une distribution stationnaire ergodique unique pour le système (4.1.3). Les simulations suivantes illustrent ces résultats.



(a) Modèle stochastique (b) Modèle déterminste

FIGURE 4.1 – Simulation numérique d'un chemin de la solution $X(t);Y(t);Z(t);V_a(t)$ pour les modèles : stochastique (a) et déterministe (b) pour les paramètres de l' Exemple 1, et $(X(0);Y(0);Z(0);V_a(0)) = (2;4;3;5)$

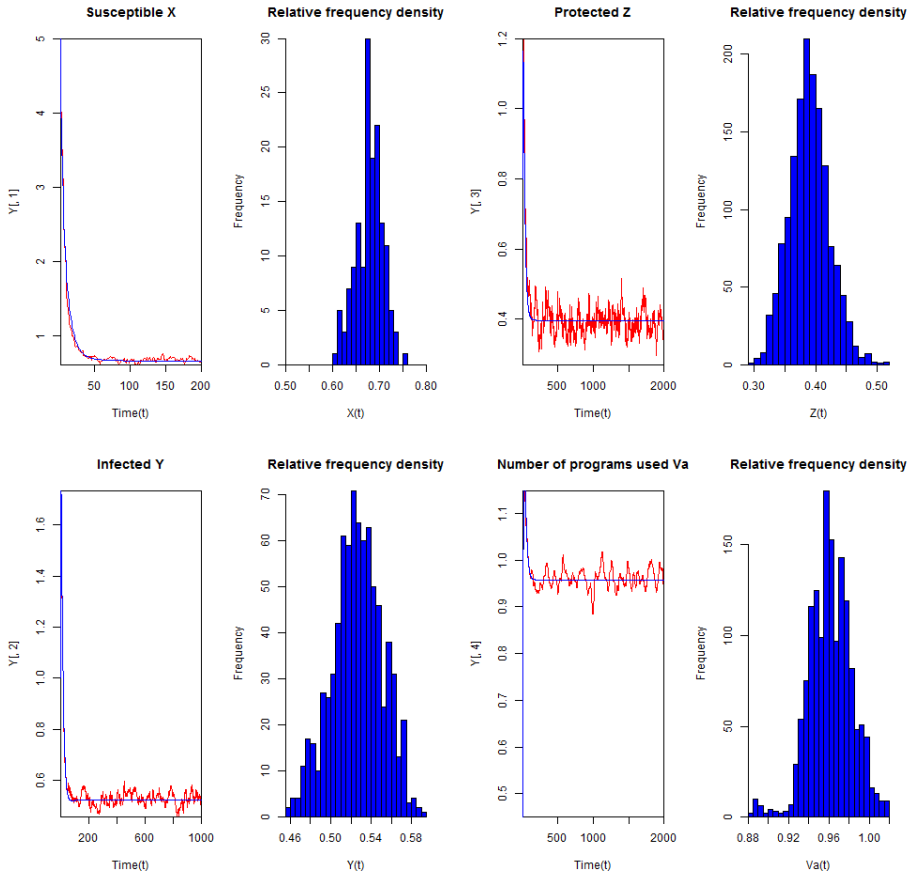


FIGURE 4.2 – La solution du modèle stochastique et ses histogrammes avec les paramètres de l'exemple 2, et les valeurs initiales $(X(0);Y(0);Z(0);V_a(0)) = (5;1;0,8;0,45)$

4.6 Conclusion

L'introdution des effets stochastiques donne d'autres options dans l'analyse et l'étude ses systèmes dynamiques. Dans ce chapitre, nous avons étudié la stabilité d'un modèle déterministe alimenté par un système de programmes antivirus, et avec un taux d'incidence non-linéaire. Nous avons, ensuite, considéré une version stochastique de ce système avec des bruits introduits dans le taux auquel les nœuds se plantent pour des raisons autres que les attaques de virus , et le taux de transition β. Nous avons d'abord prouvé l'existence et la positivité d'une solution globale unique de ce système. Ensuite, nous avons étudié l'extinction des virus en présence d'un programme antivirus, nous avons prouvé que, sous de grandes intensités σ_1 et σ_2, le nombre de nœuds infectés $Y(t)$ tend vers zéro exponentiellement presque sûrement Fig.4.1, ainsi la maladie s'éteint avec probabilité un. Nous avons également prouvé que le système (4.1.3) est ergodique si $\mathscr{R}_p > 1$ et si les fluctuations sont assez faibles. Des simulations numériques dans Fig. 4.2 ont été effectuées pour illustrer ce résultat théorique.

4.7 Références

[1] Zhang C, Zhao Y, Wu Y, and Deng S. A stochastic dynamic model of computer viruses. *Discrete Dynamics in Nature and Society*, 2012, 2012. 48

[2] V Capasso and G Serio. A generalization of the kermack-mckendrick deterministic epidemic model. *Mathematical Biosciences*, 42 :41–46, 2008. 48, 49

[3] M Carletti, K Burrage, and P M Burrage. Numerical simulation of stochastic ordinary diffrential equations in biomathematical modelling. *Mathematics and Computers in Simulation*, 64(2) :271–277, 2004. 61

[4] Xiao D and Ruan S. Global analysis of an epidemic model with nonmonotone incidence rate. *Mathematical Biosciences*, 208 :419–429, 2007. 48, 49

[5] O Diekmann, J.A.P Heesterbeek, and J.A.J Metz. On the definition and the computation of he basic reproduction ratio $\mathscr{R}_0$ in models for infectious diseases in heterogeneous populations. *J. Math. Biol.*, 28 :365–382, 1990. 50

[6] Youness El Ansari, Ali El Myr, and Omari Lahcen. Deterministic and stochastic study for an infected computer network model powered by a system of antivirus programs. *Discrete Dynamics in Nature and Society*, 2017 :13 Pages, 2013. 47

[7] D.J Higham. An algorithmic introduction to numerical simulation of stochastic diffrential equations. *SIAM Review*, 43(3) :525–546, 2004. 61

[8] Amador J. The stochastic sira model for computer viruses. *Applied Mathematics and Computation*, 232 :1112–1124, 2014. 48

[9] D Li, J Cui, and S Liu. The evolutionary dynamics of stochastic epidemic model with nonlinear incidence rate. *Society for Mathematical Biology*, 2015. 50

[10] A.M Lyapunov. The general problem of the stability of motion. *Taylor and Francis, London*, 1992. 51, 52

[11] X Mao. Stochastic differential equations and applications. *Horwood,Chichester*, 1997. 49, 53, 55, 57

[12] B.K Mishra and N Jha. Seiqrs model for the transmission of malicious objects in computer network. *Appl. Math. Model.*, 34 :710–715, 2010. 48

[13] M.E.J Newman, S Forrest, and J Balthrop. Email networks and the spread of computer viruses. *Phy. Rev.*, 66 :035101–035104, 2002. 48

[14] J.B Shukla, G Singh, P Shukla, and A Triphati. Modeling and analysis of the effects of antivirus software on an infected computer network. *Appl. Math. Comp.*, 227 :11–18, 2014. 48

[15] Zhao Y and Jiang D. The threshold of a stochastic sis epidemic model with vaccination. *Applied Mathematics and Computation*, 243 :718–727, 2014. 48, 55

[16] H Yuan and G Chen. Network virus-epidemic model with the point-to-group information propagation. *Appl. Math. Comp.*, 206 :357–367, 2008. 48

Chapitre 5

Un modèle SIS avec immigration : Étude stochastique et estimation des paramètres

« **Abstract :** *This chapter aims to study the dynamic behavior of a stochastic* SIS *(Susceptible-Infected-Susceptible) epidemic model with varying population size and constant flow of new members which a specified fraction is infective. We use the Markov semigroup theory to investigate the ergodicity of the solution [27], namely, we show that a stationary distribution for the solution is always exists for all values of the parameters of this model. On another hand, In this work, two techniques of parameter estimation based on the Euler-maximum likelihood are used to estimate some influential parameters of a stochastic* SIS *epidemic model of transmission of HIV/AIDS. This latter is alimented by a constant flow of new members of whom a fraction is infective. First, we detail the first estimation technique. The next section concerns to desribe the second technique. Afterward, we study the consistency and convergence of these estimators. We finish by a case study of HIV/AIDS in Morocco, in which we compare the efficiency of each technique depending on the obtained results, data and simulations.* »

Key words : Stochastic SIS model, Markov semi-groups, Euler-Maximum likelihood estimator, Consistency, Unbiased estimator, Convergence, standard deviation, Gaussian estimation.

Sommaire

5.1 Introduction **66**
5.2 Étude stochastique du modèle général SIS **68**
5.2.1 Permanence stochastique 68
5.2.2 Distribution stationnaire 70
5.2.3 Bilan 77
5.3 Estimateur d'Euler-maximum de vraisemblance direct **78**
5.4 Estimateur d'Euler-maximum de vraisemblance indirect **79**
5.5 Convergence des estimateurs **83**
5.6 Étude de cas : le SIDA au Maroc **85**
5.7 Conclusion **87**
5.8 Références **87**

5.1 Introduction

L'estimation des paramètres dans les équations différentielles stochastiques (EDS) est un problème non trivial. En raison de son importance dans de nombreux domaines de l'ingénierie et des sciences, notamment en épidémiologie, plusieurs méthodes et techniques sont décrites dans la littérature afin de traiter ce problème (voir par exemple [1, 2, 3, 4]). La plupart des articles réalisés dans ce domaine présentent plusieurs méthodes d'estimation des paramètres pour les modèles stochastiques unidimensionnels [5, 6] ou pour les modèles bidimensionnels à taille de population constante [7].

Afin d'étudier les effets de l'immigration des nouveaux individus infectés provenant de l'extérieur d'une population sur la dynamique d'une maladie transmissible, telle qu'une maladie bactérienne (par exemple, la méningite et les pneumonies) ou une maladie transmissible sexuellement, telle que le SIDA, F. Brauer et P. van den Driessche [8] ont proposé le modèle déterministe suivant :

$$\begin{cases} dS_t = \big((1-p)A - \beta S_t I_t - \mu S_t + \gamma I_t\big)\,dt, \\ dI_t = \big(pA + \beta S_t I_t - (\mu+\gamma+\alpha) I_t\big)\,dt, \end{cases} \tag{5.1.1}$$

Dans ce modèle, S_t indique le nombre d'individus susceptibles d'avoir une infection dans la population au moment t et I_t est le nombre d'individus infectés au moment t. Les paramètres positifs du modèle sont présentés en donnant les hypothèses démographiques et épidémiologiques suivantes :

1. Il existe un flux constant A de nouveaux individus dans la population par unité de temps, où une fraction p, $0 \le p \le 1$, de A est infectante.
2. Le taux de mortalité naturelle $\mu > 0$ est constant.
3. Il existe une fraction $\gamma \ge 0$ des infectés qui devient susceptible.
4. Il existe une fraction $\alpha \ge 0$ des infectés qui décède à cause de la maladie.
5. β est le taux de transition de S à I résultant du contact entre les infectés et les susceptibles.

L'infection dans ce modèle ne peut pas être éliminée de la population en raison du flux constant des nouveaux infectés $p\Lambda$. De ce fait, le point d'équilibre sans maladie n'existe pas. De plus, puisque le nombre d'infectifs récupérés γI revient dans la classe des susceptibles, la maladie ne confère aucune immunité. Pour $p > 0$, Brauer et al. [8] ont prouvé dans le cas où $\beta > 0$, l'existence d'un unique équilibre endémique positif (I^*, N^*), globalement et localement asymptotiquement stable. En conséquence, pour $p > 0$, la maladie reste endémique.
Cependant, l'existence d'un seuil $\mathscr{R}_0$ (nombre de reproduction de base) nécessite de tendre p vers zéro. Dans ce cas, nous avons $\mathscr{R}_0 = \frac{\beta\Lambda}{\mu(\mu+\gamma+\alpha)}$, et si $\mathscr{R}_0 < 1$, I^* tend vers zéro.

Dans ce chapitre, on considère le cas où la constante du taux de mortalité naturelle par habitant μ est sujette à des perturbations en prenant le modèle stochastique SIS suivant :

$$\begin{cases} dS_t = \big((1-p)A - \beta S_t I_t - \mu S_t + \gamma I_t\big)\,dt - \sigma S_t\,dB_t, \\ dI_t = \big(pA + \beta S_t I_t - (\mu+\gamma+\alpha) I_t\big)\,dt - \sigma I_t\,dB_t, \end{cases} \tag{5.1.2}$$

En fait, la technique de perturbation des paramètres est utilisée ici pour construire ce modèle, le paramètre μ dans les deux équations de (5.1.1) est remplacé par $\mu + \sigma\dot{B}(t)$, où $B(t)$ est un mouvement brownien unidimensionnel et σ est l'intensité de la perturbation.

Le choix du bruit blanc $(B_t)_{t\geq 0}$ convient ici (voir par exemple, Steele 1985 [9], Vasseur et Yodzis 2004 [10]).
L'incubation du SIDA est la période entre l'infection initiale par le VIH et l'apparition des symptômes de la maladie. Cette période varie avec l'âge d'infection et sa médiane est estimée à dix ans. Cependant, certaines études (voir par exemple, [11]) indiquent que l'espérance de vie des personnes séropositives après le début du traitement antirétroviral (ARV) s'est améliorée avec le temps et peut actuellement atteindre 43,3 ans [intervalle de confiance de 95% (CI) 42,5 à 44,2 ans], en outre, la grande majorité des nouveaux séropositifs est issue d'adultes. Pour ces raisons et compte tenu de la facilité d'accès au traitement ARV dans le monde entier, nous pouvons prédire que le taux de personnes infectées qui meurent de l'infection a tendance à diminuer rapidement avec le temps. En conséquence, pour modéliser la propagation du VIH dans une population de taille variable et en présence d'un effet d'immigration, nous utilisons (dans ce chapitre) le EDS (5.1.2) en prenant le cas où aucun décès lié à l'infection n'est enregistré parmi les individus infectés, ce qui impose de prendre $\alpha = 0$. On obtient alors l'EDS suivant :

$$\begin{cases} dS_t = \big((1-p)A - \beta S_t I_t - \mu S_t + \gamma I_t\big)\,dt - \sigma S_t dB_t, \\ dI_t = \big(pA + \beta S_t I_t - (\mu+\gamma) I_t\big)\,dt - \sigma I_t dB_t, \end{cases} \tag{5.1.3}$$

Puisque la maladie modélisée par (5.1.3) ne confère aucune immunité, l'équation de la taille totale de la population $N(t)$ est obtenue en faisant la somme des deux équations du modèle (5.1.3) :

$$dN_t = (A - \mu N_t)\,dt - \sigma N_t dB_t \tag{5.1.4}$$

avec la condition initiale $N_0 = S_0 + I_0$. On peut voir que ce modèle décrit un cas particulier du processus de réversion moyenne [12], avec un taux de réversion μ, niveau de réversion moyen $\dfrac{A}{\mu}$ et de volatilité σ. Il convient de noter qu'il existe de nombreuses autres représentations des modèles de réversion moyenne, comme le modèle d'Ornstein-Uhlenbeck, le modèle CIR, proposé par Cox et *al.* [13] et le modèle CKLS (voir Chan et *al.* [14]).
L'objectif ce chapitre est de réaliser une étude stochastique du modèle SIS (5.1.2) qui, d'une part, a une matrice de diffusion dégénérée ; d'autre part, il prend en compte un cas démographique, à savoir la possibilité que de nouvelles personnes infectées viennent de l'extérieur de la population. C'est en fait très intéressant car il prend en compte le phénomène de l'immigration (en augmentation constante dans le monde entier) dans l'étude de la propagation d'une maladie.
Pour valider le modèle (5.1.2), nous pouvons évidemment utiliser la même méthode que dans [15, 16] pour prouver l'existence et l'unicité d'une solution positive $(S(t), I(t))$ avec probabilité un, pour toute valeur initiale positive $(S(0), I(0))$.

Ce chapitre est organisé comme suit : Dans la section (5.2), nous montrerons la permanence stochastique et bornitude stochastique du modèle (5.1.2) pour toutes les valeurs de ses paramètres. Dans la même section, en se basant sur la théorie des semi-groupes, nous étudierons l'ergodicité de la solution du modèle (5.1.2).
Dans les deux dernières sections nous utiliserons deux techniques d'estimation de paramètres, basées sur l'approximation d'Euler, pour estimer certains paramètres déterminants du modèle (5.1.3). Nous étudierons la consistance et la convergence de ces estimateurs. Nous terminons par une étude de cas sur le VIH/SIDA au Maroc, dans laquelle nous comparons l'efficacité de chaque technique en fonction des résultats obtenus, des données et des simulations.

5.2 Étude stochastique du modèle général SIS

5.2.1 Permanence stochastique

Définition 5.2.1 Bornitude stochastique [17]. *La solution* $X(t)$ *du modèle* (5.1.2) *est dite stochastiquement bornée si, pour tout* $\epsilon \in (0,1)$, *il existe une constante* $\rho = \rho(\epsilon)$, *strictement positive, telle que, pour toute valeur initiale* $X(0) = X_0 \in \mathbb{R}^2_+$, *la solution* $X(t)$ *du modèle* (5.1.2) *ait la propriété suivante :*

$$\limsup_{t\to+\infty} \mathbb{P}\{|X(t)| > \rho\} < \epsilon$$

Définition 5.2.2 Permanence stochastique [18, 19]. *Le modèle* (5.1.2) *est dit stochastiquement permanent si pour tout* $\epsilon \in (0,1)$, *il existe une paire de constantes strictement positives* $\rho = \rho(\epsilon)$ *et* $\chi = \chi(\epsilon)$, *telle que, pour toute valeur initiale* $X_0 \in \mathbb{R}+^2$, *la solution* $X(t)$ *du modèle* (5.1.2) *ait la propriété suivante :*

$$\liminf_{t\to+\infty} \mathbb{P}\{|X(t)| \le \rho\} \ge 1-\epsilon \quad et \quad \liminf_{t\to+\infty} \mathbb{P}\{|X(t)| \ge \chi\} \ge 1-\epsilon.$$

Théorème 5.2.3 *La solution de modèle* (5.1.2) *est stochastiquement bornée et stochastiquement permanente pour toute valeur initiale* $(S_0, I_0) \in \mathbb{R}^2_+$.

Preuve :
Soient $X(t) = (S(t), I(t))$ et $N = S + I$. On pose $V(X(t)) = N(t) + \dfrac{1}{N(t)}$. Par la formule d'Itô on a :

$$\begin{aligned}
\mathscr{L}V(X(t)) &= (A - dN - \alpha I) - \frac{A - dN - \alpha I}{N^2} + \frac{\sigma^2}{N} \\
&\le -d(N + \frac{1}{N}) + \frac{2d}{N} + A - \frac{A}{N^2} + \frac{\alpha I}{N^2} + \frac{\sigma^2}{N} \\
&\le -d(N + \frac{1}{N}) + \frac{2d}{N} + A - \frac{A}{N^2} + \frac{\alpha + \sigma^2}{N} \\
&\le -dV(S,I) + C, \qquad (5.2.1)
\end{aligned}$$

où

$$\begin{aligned}
C &= \sup_{N\epsilon\mathbb{R}_+} \left\{ A - \frac{A}{N^2} + \frac{2d + \alpha + \sigma^2}{N} \right\} \\
&= \frac{4A^2 + (2d + \alpha + \sigma^2)^2}{4A}
\end{aligned}$$

Par une deuxiéme application de la formule d'Itô et (5.2.1), on obtient :

$$\begin{aligned}
E(e^{dt}V(t)) &= E(V(0)) + E\Big[\int_0^t e^{ds}\big(dV(s) + LV(s)\big)ds\Big] \\
&\le E(V(0)) + CE\Big[\int_0^t e^{ds}ds\Big] \\
&\le E(V(0)) + \frac{C}{d}\Big(e^{dt} - 1\Big)., \qquad (5.2.2)
\end{aligned}$$

Il s'ensuit que :

$$\begin{aligned} \mathrm{E}(\mathrm{V}(t)) &\leq e^{-dt}\mathrm{E}(\mathrm{V}(0)) + \frac{\mathrm{C}}{d}\left(1 - e^{-dt}\right) \\ &\leq \mathrm{E}(\mathrm{V}(0)) + \frac{\mathrm{C}}{d} = \mathrm{H}. \end{aligned} \tag{5.2.3}$$

Soit φ une constante strictement positive suffisamment grande pour que $\frac{\mathrm{H}}{\varphi} < 1$. Par l'inégalité de Chebyshev nous obtenons :

$$\mathrm{P}\left\{\mathrm{N} + \frac{1}{\mathrm{N}} > \varphi\right\} \leq \frac{1}{\varphi}\mathrm{E}\left(\mathrm{N} + \frac{1}{\mathrm{N}}\right) \leq \frac{\mathrm{H}}{\varphi} = \epsilon$$

cela implique que :

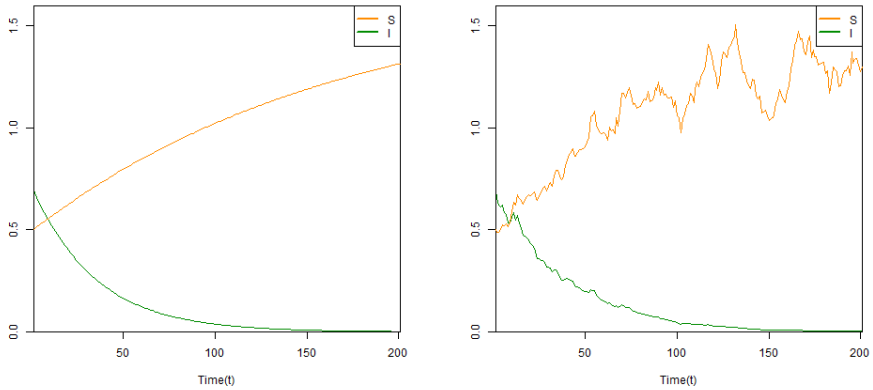
$$1 - \epsilon \leq \mathrm{P}\left\{\mathrm{N} + \frac{1}{\mathrm{N}} \leq \varphi\right\} \leq \mathrm{P}\left\{\frac{1}{\varphi} \leq \mathrm{N} \leq \varphi\right\}$$

Vu que $\mathrm{N}^2 \leq 2|\mathrm{X}|^2 \leq 2\mathrm{N}^2$, on a ainsi :

$$\mathrm{P}\left\{\frac{1}{\sqrt{2}\varphi} \leq \frac{\mathrm{N}(t)}{\sqrt{2}} \leq |\mathrm{X}(t)| \leq \mathrm{N}(t) \leq \varphi\right\} \geq 1 - \epsilon, \tag{5.2.4}$$

par la définition 1 et la définition 2, les solutions du modèle (5.1.2) sont stochastiquement bornées et stochastiquement permanentes. ■

Remarque 4 *En utilisant les paramètres de la Figure 5.1 ci-dessous, nous avons* $\mathscr{R}_0 = 0.0027 << 1$ *(p est choisi très petit). Les simulations illustrent le fait que le niveau de la maladie diminue progressivement au fil du temps (nombre de cas infectés* $\mathrm{I}(t)$*,, représenté par la ligne verte, tend vers une petite valeur). Ce qui suggère que si* $p \to 0$ *alors la maladie disparaîtra à long terme. Nous laissons la vérification théorique de ce résultat à un futur travail.*



(a) Système déterministe (b) Système stochastique

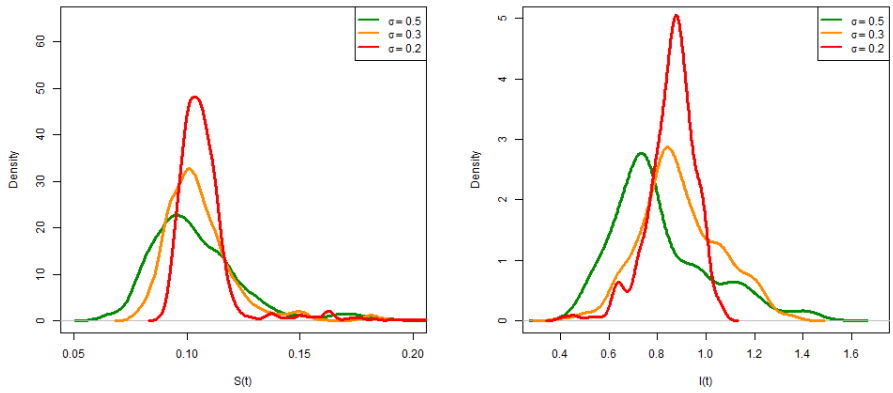
FIGURE 5.1 – Simulation numérique d'un chemin $\big(\mathrm{S}(t), \mathrm{I}(t)\big)$ de la solution des modèles (5.1.1) (a) et (5.1.2) (b) pour $(\mathrm{S}(0), \mathrm{I}(0)) = (0,5, 0,7)$. Nous choisissons les paramètres dans les systèmes (5.1.1) et (5.1.2) comme suit : : $p = 0.001$, $\mathrm{A} = 1$, $\beta = 0.01$, $\mu = 1.5$, $\gamma = 0.9$, $\alpha = 0.5$ et $\sigma = 0.35$.

5.2.2 Distribution stationnaire

Le résultat principal de cette sous-section est le théorème suivant qui fournit une condition suffisante pour l'existence d'une distribution stationnaire du système (5.1.2) et de sa stabilité asymptotique.

Théorème 5.2.4 *Soit* $(S(t), I(t))$ *la solution du système* (5.1.2)*, alors pour tout* $t > 0$ *la distribution de* $(S(t), I(t))$ *a une densité* $u(t,x,y)$*, et il existe une unique densité* $u_*(x,y)$ *telle que :*

$$\lim_{t\to\infty} \iint_{\mathbb{R}^2} \left| u(t,x,y) - u_*(x,y) \right| dxdy = 0.$$



(a) $\sigma = 0,035$ (b) $\sigma = 0,35$

FIGURE 5.2 – Simulation numérique de la fonction de densité de la distribution stationnaire invariante du système (5.1.2) pour différentes valeurs de σ et pour $(S(0), I(0)) = (0.5, 0.4)$. Nous choisissons les paramètres dans le système (5.1.2) comme suit : $p = 0.8$, $A = 10$, $\beta = 3$, $\mu = 1.5$, $\gamma = 0.2$, $\alpha = 0.5$.

Tout d'abord, nous introduisons un semi-groupe de Markov à noyau associé au système (5.1.2). On considère l'espace $(\mathbb{R}^2_+, \mathscr{B}(\mathbb{R}^2_+), m)$ où $\mathscr{B}(\mathbb{R}^2_+)$ est la tribu des boréliens de $\mathbb{R}^2_+$, et m est la mesure de Lebesgue. On note $\mathscr{P}(t, x_0, y_0, \bullet)$ la fonction probabilité de transition du processus (S_t, I_t), c-à-d :

$$\mathscr{P}(t, x_0, y_0, A) = \mathbb{P}\big((S_t, I_t) \in A | S_0 = x_0, I_0 = y_0\big)$$

Dans le lemme 5.2.1 ci-dessous, nous allons prouver que pour chaque point $(x_0, y_0) \in \mathbb{R}^2_+$ et $t > 0$ la mesure $\mathscr{P}(t, x_0, y_0, \bullet)$ est absolument continue par rapport à la mesure de Lebesgue.
On note par $\mathscr{K}(t, x, y; x_0, y_0)$ la densité de $\mathscr{P}(t, x_0, y_0, \bullet)$. Pour tout $t \geq 0$ on définit l'opérateur $P(t)$:

$$P(t) f(x,y) = \int_{\mathbb{R}^2_+} \mathscr{K}(t, x, y; u, v) f(u, v) dm(u, v)$$

pour tout $f \in D$, où D est l'ensemble des densités sur $\mathbb{R}^2_+$ (voir Préliminaires). Par conséquent $\{P(t)\}_{t\geq 0}$ est un semi-groupe de Markov. La stabilité asymptotique du semi-groupe $\{P(t)\}_{t\geq 0}$ implique la convergence dans L^1 des densités de (S_t, I_t) vers la densité invariante. La preuve du Théorème 5.2.4 est basée sur la stratégie suivante développée dans [20] :

— Dans le lemme 5.2.1, en utilisant le théorème de Hörmander [21], nous montrons que la fonction de transition du processus (S_t, I_t) est absolument continue.

— Dans le lemme 5.2.2 , nous prouvons que la densité de la fonction de transition est positive sur un ensemble Γ.

— Dans le lemme 5.2.3, nous montrons que l'ensemble Γ est un *"attracteur"*.

— Dans le lemme 5.2.4, nous montrons que le semi-groupe de Markov satisfait l'alternative de Foguel, selon le Théorème 2.

— Dans le lemme 5.2.5, nous excluons le "sweeping" en montrant qu'il existe une fonction Khasminskii.

Lemme 5.2.1 *Pour tout point $(x_0, y_0) \in \mathbb{R}^2_+$, la fonction probabilité de transition $\mathscr{P}(t, x, y; x_0, y_0)$ a une densité continue $\mathscr{K}(t, x, y; x_0, y_0) \in \mathscr{C}^\infty(\mathbb{R}_+, \mathbb{R}^2_+, \mathbb{R}^2_+)$.*

Preuve :
Soient $a(x)$ et $b(x)$ deux champs de vecteurs sur $\mathbb{R}^n$, le crochet de Lie $[a, b]$ est le champ de vecteur défini par :

$$[a,b]_j(x) = \sum_{i=1}^{n} \Big(a_i \frac{\partial b_j}{\partial x_i} - b_i \frac{\partial a_j}{\partial x_i} \Big), \quad j = 1, \dots, n$$

Soient

$$a(x,y) = \begin{bmatrix} (1-p)\Lambda - \beta xy - \mu x + \gamma y \\ \\ p\Lambda + \beta xy - (\mu + \gamma + \alpha) y \end{bmatrix} \quad \text{et} \quad b(x,y) = \begin{bmatrix} -\sigma x \\ \\ -\sigma y \end{bmatrix} \quad \text{pour } (x,y) \in \mathbb{R}^2$$

alors, on a :

$$[a,b](x,y) = \begin{bmatrix} -\sigma(1-p)\Lambda - \sigma\beta xy \\ \\ -\sigma p\Lambda + \sigma\beta xy \end{bmatrix} \quad \text{et} \quad \big[[a,b],b\big](x,y) = \begin{bmatrix} \sigma^2(1-p)\Lambda - \sigma^2\beta xy \\ \\ \sigma^2 p\Lambda + \sigma^2\beta xy \end{bmatrix}$$

On pose

$$\delta_1(x,y) = \begin{vmatrix} -\sigma(1-p)\Lambda - \sigma\beta xy & -\sigma x \\ \\ -\sigma p\Lambda + \sigma\beta xy & -\sigma y \end{vmatrix} \quad \text{et} \quad \delta_2(x,y) = \begin{vmatrix} \sigma^2(1-p)\Lambda - \sigma^2\beta xy & -\sigma x \\ \\ \sigma^2 p\Lambda + \sigma^2\beta xy & -\sigma y \end{vmatrix}$$

Puisque les deux déterminants δ_1 et δ_2 ne s'annulent pas simultanément, les vecteurs $b(x,y)$, $[a,b](x,y)$ et $\big[[a,b],b\big](x,y)$ engendrent $\mathbb{R}^2$ pour tout $(x,y) \in \mathbb{R}^2_+$. D'aprés le théorème de Hörmander [21, Théorème 8], la mesure $\mathscr{P}(t, x_0, y_0, \bullet)$ admet alors une densité $\mathscr{K}(t, x, y; x_0, y_0) \in \mathscr{C}^\infty(\mathbb{R}_+, \mathbb{R}^2_+, \mathbb{R}^2_+)$. ■

Afin de vérifier la positivité de $\mathscr{K}$, nous décrivons, ci-dessous, la méthode que nous allons utiliser et qui est basée sur le théorème de support [22, 23].
On note $X(t) = \ln S(t)$ et $Y(t) = \ln I(t)$. Par la formule d'Itô, le système (5.1.2) devient :

$$\begin{cases} dX(t) = f_1(X,Y)\,dt - \sigma\, dB, \\ \\ dY(t) = f_2(X,Y)\,dt - \sigma\, dB, \end{cases} \tag{5.2.5}$$

où

$$f_1(x,y) = -(\mu + \frac{1}{2}\sigma^2) + (1-p)\Lambda e^{-x} - \beta e^{y} + \gamma e^{y-x}$$

et

$$f_2(x,y) = p\Lambda e^{-y} - (\mu+\gamma+\alpha+\frac{1}{2}\sigma^2) + \beta e^x.$$

On fixe un point $(x_0,y_0) \in \mathbb{R}^2_+$ et une fonction $\phi \in L^2([0,T],\mathbb{R})$ et on considère le système suivant :

$$\begin{cases} dx_\phi(t) = -\sigma\phi(t) + f_1(x_\phi(t), y_\phi(t)) \\ dy_\phi(t) = -\sigma\phi(t) + f_2(x_\phi(t), y_\phi(t)) \\ x_\phi(0) = x_0 \\ y_\phi(0) = y_0 \end{cases} \tag{5.2.6}$$

Soit $D_{x_0,y_0;\phi}$ la dérivée de Fréchet de la fonction $h \mapsto x_{\phi+h}(T)$ de $L^2([0,T];\mathbb{R})$ à $\mathbb{R}$. Si, pour un certain $\phi \in L^2([0,T];\mathbb{R})$, la dérivée $D_{x_0,y_0;\phi}$ est de rang 2, alors $\mathscr{K}(T,x,y;x_0,y_0) > 0$ pour $x = x_\phi(T)$ et $y = y_\phi(T)$. La dérivée $D_{x_0,y_0;\phi}$ peut être trouvée au moyen de la méthode de perturbation pour les équations différentielles ordinaires. À savoir : soient $A(t) = Jf(x_\phi(t), y_\phi(t))$ où Jf est le jacobien de $f = \begin{bmatrix} f_1 \\ f_2 \end{bmatrix}$ et, pour $T \geq t \geq t_0 \geq 0$, $Q(t,t_0)$ la fonction matricielle définie par $Q(t_0,t_0) = I_2$, $\frac{\partial Q(t,t_0)}{\partial t} = A(t)Q(t,t_0)$ et $B = \begin{bmatrix} -\sigma \\ -\sigma \end{bmatrix}$, alors :

$$D_{x_0,y_0;\phi}h = \int_0^T Q(T,s)Bh(s)\,ds. \tag{5.2.7}$$

Enfin, notons que :

$$f_2(x,y) - f_1(x,y) = -\frac{\gamma+\alpha}{2} + \frac{a(z)(e^x)^2 - b(z)e^x + c(z)}{e^x},$$

où

$$\begin{aligned} z &= y - x, \\ a(z) &= \beta e^z + \beta > 0, \\ b(z) &= \frac{\gamma+\alpha}{2} + \gamma e^z > 0, \\ c(z) &= \Lambda\Big(pe^{-z} - (1-p)\Big). \end{aligned}$$

Donc si $c(z) < 0$ (c-à-d $x + \log(\frac{p}{1-p}) < y$), il existe x^* tel que :

$$f_2(x^*,y) - f_1(x^*,y) \leq -\frac{\gamma+\alpha}{2} \tag{5.2.8}$$

On pose :

$$\Gamma(C) = \{(x,y) \in \mathbb{R}^2_+, x + C < y\} \text{ and } \Gamma = \Gamma(C_0),$$

où C_0 est le plus grand nombre tel que $f_2(x,y) - f_1(x,y) \geq 0$ pour tout $(x,y) \notin \Gamma(C)$.

Lemme 5.2.2 *Pour tout* $(x_0,y_0) \in \Gamma$ *et pour presque tout* $(x,y) \in \Gamma$, *il existe* $T > 0$ *tel que :*

$$\mathscr{K}(T,x,y;x_0,y_0) > 0.$$

Preuve :
Étape 1
Premièrement, nous allons vérifier que le rang de $D_{x_0,y_0;\phi}$ est 2.
Soient $\epsilon \in (0,T)$ et $h = \mathbf{1}_{[T-\epsilon,T]}$.
Puisque

$$Q(T,s) = I_2 - A(T)(T-s) + o(T-s),$$

d'aprés (5.2.7) on a :

$$D_{x_0,y_0;\phi} h = \epsilon B - \frac{1}{2}\epsilon^2 A(T)B + o(\epsilon^2).$$

Et vu que

$$B = \begin{bmatrix} -\sigma \\ \\ -\sigma \end{bmatrix} \quad \text{et} \quad A(T)B = \begin{bmatrix} \sigma((1-p)\Lambda + \gamma e^{y-x}) \\ \\ -\sigma\beta e^{x} + \sigma p \Lambda e^{-y} \end{bmatrix}$$

alors B et A(T)B sont linéairement indépendants pour tout $(x,y) \in \mathbb{R}^2 \setminus U$, où

$$U = \left\{(x,y) \in \mathbb{R}^2 : \quad \det\left(B, A(T)B\right) = 0\right\}.$$

Notons que $m(U) = 0$ et, par conséquent, $D_{x_0,y_0;\phi}$ est de rang 2 pour presque tout $(x,y) \in \mathbb{R}^2$.

Dans les étapes suivantes, on va prouver que, pour deux points $(x_0,y_0) \in \Gamma$ et $(x_1,y_1) \in \Gamma$, il existe une fonction ϕ et $T > 0$ tels que la solution du système (5.2.6) satisfait $x_\phi(T) = x_1$ et $y_\phi(T) = y_1$.
En utilisant le changement de variable $z_\phi = y_\phi - x_\phi$ le système (5.2.6) devient :

$$\begin{cases} x'_\phi = -\sigma\phi(t) + g_1(x_{\phi(t)}, z_{\phi(t)}), \\ z'_\phi = g_2(x_{\phi(t)}, z_{\phi(t)}) \end{cases} \tag{5.2.9}$$

où

$$\begin{aligned} g_2(x,z) &= f_2(x,x+z) - f_1(x,x+z) \\ &= -(\gamma+\alpha) + p\Lambda e^{-(x+z)} + \beta e^{x} - (1-p)\Lambda e^{-x} \\ &\quad + \beta e^{x+z} - \gamma e^{z} \end{aligned}$$

et

$$\begin{aligned} g_1(x,z) &= f_1(x,x+z), \\ &= -(\mu + \frac{1}{2}\sigma^2) + (1-p)\Lambda e^{-x} - \beta e^{x+z} + \gamma e^{z}. \end{aligned}$$

Étape 2
Fixons z_0 et z_1 tels que $z_0 \neq z_1$ et $\min(z_0,z_1) > C_0$. On va montrer qu'il existe ϕ, T et une solution (x_ϕ, z_ϕ) du système (5.2.9) et une constante x^* tels que :

$$z_\phi(0) = z_0, \;\; z_\phi(T) = z_1 \text{ et } x_\phi(T) = x^*. \tag{5.2.10}$$

Pour cela, on distingue deux cas.

Premier cas : $z_0 < z_1$
Pour tous $z \in [z_0, z_1]$ et $x \in \mathbb{R}$, on a :

$$g_2(x,z) > -(\gamma+\alpha) + \beta e^{x} - (1-p)\Lambda e^{-x} - \gamma e^{z_1} \tag{5.2.11}$$

Soit x^* suffisamment grand pour que :

$$-(\gamma+\alpha) + \beta e^{x^*} - (1-p)\Lambda e^{-x^*} - \gamma e^{z_1} > 0 \tag{5.2.12}$$

et soit $z(t)$ la solution de :

$$\begin{cases} \dot{z}(t) = g_2(x^*, z(t)) \\ \\ z(0) = z_0 \end{cases}$$

dans l'intervalle maximal $[0, \tau)$. En prenant ϕ définie par $\phi(t) = \dfrac{1}{\sigma} g_1(x^*, z(t))$, alors $(x_{\phi(t)}, z_{\phi(t)})$ est une solution de (5.3.5).
Il existe $\tau_1 > 0$ tel que :

$$z(\tau_1) > z_1 \text{ ou } z(\tau_1) < z_0. \tag{5.2.13}$$

En effet, si ce n'est pas le cas, $z(t)$ sera bornée et $\tau = \infty$, donc par (5.2.11) et (5.2.12) on aura :

$$\dot{z}(t) \geq -(\gamma+\alpha) + \beta e^{x*} - (1-p)\Lambda e^{-x^*} - \gamma e^{z_1} > 0$$

ainsi $\lim\limits_{t\to\infty} z(t) = \infty$ ce qui contredit le fait que $z(t)$ est bornée.
De (5.2,13) on déduit qu'il existe $T \in (0, \tau)$ tel que $z_\phi(T) = z_1$.

Deuxième cas : si $z_1 < z_0$
D'aprés (5.2.8), il existe x^* tel que :

$$g_2(x^*, z) \leq \frac{-(\gamma+\alpha)}{2}, \text{ pour tout } z \in [z_1, z_0]$$

Ainsi, (5.2.10) s'ensuit par un argument similaire à celui utilisé dans le premier cas.
Notons que, dans cette étape, il existe une infinité de valeurs de x^*.

Étape 3
Fixons x_0, $x_1 \in \mathbb{R}$ tels que $x_0 \neq x_1$. On distingue deux cas.

Premier cas : si $x_0 < x_1$
Soit $L > 0$ suffisamment grand pour que $x_1 < x_0 + \frac{L}{2}$ et soit A_0, $A_1 > A_0$ et $\epsilon > 0$.
On pose

$$m = \max\left\{|g_1(x,z)| + |g_2(x,z)| \ : \ (x,z) \in [x_0, x_0+L] \times [A_0, A_1]\right\}$$

et

$$\tau_0 = \epsilon m^{-1}, \quad \phi = \frac{-3\sigma^{-1}\epsilon^{-1} m L}{4}.$$

Choisissons ϵ tel que :

$$\epsilon < \frac{L}{4} \quad \text{et} \quad \epsilon < \frac{A_1 - A_0}{4},$$

alors on a :

$$\frac{3\epsilon^{-1}m\mathrm{L}}{4} - m \leq |\sigma\phi| - |g_1(x_\phi, z_\phi)| \leq -\sigma\phi + g_1(x_\phi, z_\phi),$$

ce qui implique que :

$$\tau_0(-\sigma\phi + g_1(x_\phi, z_\phi)) \geq \frac{3\mathrm{L}}{4} - \epsilon \geq \frac{\mathrm{L}}{2},$$

donc, pour chaque $z_0 \in [\mathrm{A}+\epsilon, \mathrm{A}_1 - \epsilon]$, la solution du système (5.3.5) avec $x_\phi(0) = x_0$ et $z_\phi(0) = z_0$ a les propriétés suivantes :

$$z_\phi(t) \in \left[z_0 - \epsilon, z_0 + \epsilon\right] \text{ pour } t \leq \tau_0 \quad \text{et} \quad x_\phi(\tau_0) \in \left(x_0 + \frac{\mathrm{L}}{2}, x_0 + \mathrm{L}\right)$$

Ainsi, pour $z_1 \in \left[\mathrm{A}_0 + 2\epsilon, \mathrm{A}_1 - 2\epsilon\right]$, il existe $z_0 \in \left[z_1 - \epsilon, z_1 + \epsilon\right]$ et $\mathrm{T} \in (0, \tau_0)$ tels que :

$$x_\phi(\mathrm{T}) = x_1 \text{ et } z_\phi(\mathrm{T}) = z_1.$$

Deuxième cas 2 : si $x_1 < x_0$
Soit $\mathrm{L} > 0$ suffisamment grand pour que $x_0 - \frac{\mathrm{L}}{2} < x_1$.
Le même raisonnement utilisé dans le premier cas fonctionne pour $x_1 \in \left(x_0 - \frac{\mathrm{L}}{2}, x_0\right)$.

Étape 4
Maintenant, nous affirmons que pour tout (x_0, y_0) et (x_1, y_1) dans Γ, il existe une fonction de contrôle ϕ et $\mathrm{T} > 0$ tels que $x_\phi(0) = x_0$, $y_\phi(0) = y_0$, $x_\phi(\mathrm{T}) = x_1$ et $y_\phi(\mathrm{T}) = y_1$.
Soit $\epsilon > 0$ suffisamment petit pour que

$$(x_0, y_0 - \epsilon) \in \Gamma \quad \text{et} \quad (x_1, y_1 - \epsilon) \in \Gamma$$

On pose $z_i = y_i - x_i$, $i = 1, 2$. Sans perte de généralité, nous supposons que $z_0 \leq z_1$.
D'aprés l'étape 2, il existe $x^* > 0$, $\mathrm{T}_1 > 0$, et ϕ_1 tels que

$$z_{\phi_1}(0) = z_0 - \epsilon, \ z_{\phi_1}(\mathrm{T}_1) = z_1 + \epsilon \quad \text{et} \quad x_{\phi_1}(t) = x^*. \tag{5.2.14}$$

Notons qu'on peut choisir $x^* \neq x_0$ et $x^* \neq x_1$.
D'aprés l'étape 3, il existe $z_0^* \in \left(z_0 - \frac{\epsilon}{2}, z_0 + \frac{\epsilon}{2}\right)$, $\mathrm{T}_2 > 0$ et ϕ_2 tels que :

$$x_{\phi_2}(0) = x_0, \ x_{\phi_2}(\mathrm{T}_2) = x^*, \ z_{\phi_2}(0) = z_0 \ \text{ et } \ z_{\phi_2}(\mathrm{T}_2) = z_0^*. \tag{5.2.15}$$

En utilisant un argument similaire à l'étape 3, il existe $z^* \in \left(z_1 - \frac{\epsilon}{2}, z_1 + \frac{\epsilon}{2}\right)$, $\mathrm{T}_3 > 0$ et $\tilde{\phi}_3$ tels que la solution du système suivant :

$$\begin{cases} x'_{\tilde{\phi}} = \sigma\tilde{\phi}(t) - g_1(x_{\tilde{\phi}}(t), z_{\tilde{\phi}}(t)) \\ \\ z'_{\tilde{\phi}} = -g_2(x_{\tilde{\phi}(t)}, z_{\tilde{\phi}(t)}) \end{cases}$$

vérifie

$$x_{\tilde{\phi}_3}(0) = x_1, \ x_{\tilde{\phi}_3}(\mathrm{T}_3) = x^*, \ z_{\tilde{\phi}_3}(0) = z_1 \ \text{ et } \ z_{\tilde{\phi}_3}(\mathrm{T}_3) = z^*$$

Soient $x_{\phi_3}(t) = x_{\tilde{\phi}_3}(\mathrm{T}_3 - t)$ et $z_{\phi_3}(t) = z_{\tilde{\phi}_3}(\mathrm{T}_3 - t)$, alors $(x_{\phi_3}(t), z_{\phi_3}(t))$ est la solution de (5.3.5) qui vérifie

$$x_{\phi_3}(0) = x^*, \ x_{\phi_3}(\mathrm{T}_3) = x_1, \ z_{\phi_2}(0) = z^* \ \text{ et } \ z_{\phi_2}(\mathrm{T}_3) = z_1. \tag{5.2.16}$$

Puisqu'on a :

$$z_0^* \in \left(z_0 - \frac{\epsilon}{2}, z_0 + \frac{\epsilon}{2}\right) \quad \text{et} \quad z^* \in \left(z_1 - \frac{\epsilon}{2}, z_1 + \frac{\epsilon}{2}\right)$$

alors $z_0^* = z_{\phi_1}(\tau_1)$ et $z^* = z_{\phi_1}(\tau_2)$, où $\tau_1, \tau_2 \in (0, T_1)$. Sans perte de généralité, nous supposons que $\tau_1 \leq \tau_2$.
Soit alors

$$\phi(t) = \begin{cases} \phi_2(t) & \text{si} \quad 0 \leq t \leq T_2 \\ \phi_1(t - T_2 + \tau_1) & \text{si} \quad T_2 < t \leq T_2 + \tau_2 - \tau_1 \\ \phi_3(t - T_2 - \tau_2 + \tau_1) & \text{si} \quad T_2 + \tau_2 - \tau_1 < t \leq T \end{cases}$$

où $T = T_2 + \tau_2 - \tau_1 + T_3$. Par (5.2.14), (5.2.15) et (5.2.16) on a :

$$x_\phi(0) = x_0,\ z_\phi(0) = z_0,\ x_\phi(T) = x_1 \quad \text{et} \quad z_\phi(T) = z_1.$$

D'aprés l'étape 1, on a $\mathcal{K}(T, x_0, y_0, x_1, y_1) > 0$. Ce qui complète la preuve. ■

Le lemme suivant peut être démontré en utilisant la méthode qui est donnée dans la preuve du lemme 3 dans [20]. Nous omettons donc la preuve ici.

Lemme 5.2.3 *Pour toute densité f on a :*

$$\lim_{t\to\infty} \iint_\Gamma P(t) f(x,y)\, dx\, dy = 1.$$

Remarque 5 *Dans le* Théorème 5.2.4 *le support de la densité u_* est l'ensemble* Γ.

Le support d'une fonction mesurable f désigne, simplement, l'ensemble :

$$\text{supp}(f) = \left\{(x,y) \in \mathbb{R}_+^2 \ :\ f(x,y) \neq 0\right\}.$$

Lemme 5.2.4 *Le semi-groupe $\{P(t)\}_{t\geq 0}$ est asymptotiquement stable ou ""sweeping" par rapport aux ensembles compacts.*

Preuve :
D'aprés le lemme 5.2.1 , $\{P(t)\}_{t\geq 0}$ est un semi-groupe de Markov à noyau $\mathcal{K}(t, x, y; x_0, y_0)$ continu en $t \geq 0$ et, par le lemme 5.2.2, pour toute dentité f, on a :

$$\int_0^\infty P(t) f\, dt > 0 \quad p.s. \tag{5.2.17}$$

Du lemme 5.2.3, il suffit de considérer la restriction $\{P(t)\}_{t\geq 0}$ sur l'espace $L^1(\Gamma)$. De (5.2.17), l'alternative de Foguel s' en suit. ■

Lemme 5.2.5 *Le semi-groupe $\{P(t)\}_{t\geq 0}$ est asymptotiquement stable.*

Prueve :
On va chercher une fonction strictement positive V, telle que :

$$\sup_{(S,I)\in\mathbb{R}_+^2\setminus\Delta_\rho} \mathcal{L}V(S,I) \leq -1 \text{ pour un certain } \rho > 0$$

où

$$\Delta_\rho = \left(\frac{1}{\rho}, \rho\right) \times \left(\frac{1}{\rho}, \rho\right).$$

Soit $V = \frac{1}{S} + c(I+S) - \log I$, où $c > 1$ est une constante qui sera déterminée ultérieurement. On a :

$$\mathscr{L}V(S,I) = -\frac{(1-p)\Lambda}{S^2} + \frac{\beta I}{S} + \frac{\mu}{S} - \frac{\gamma I}{S^2} + \frac{\sigma^2}{S} + c(p\Lambda - (S+I)\mu - \alpha I) - \frac{p\Lambda}{I} - \beta S + \mu + \gamma + \alpha + \frac{\sigma^2}{2}$$

En utilisant l'inégalité $\frac{1}{S} \leq \frac{\epsilon}{S^2} + \frac{1}{4\epsilon}$, pour un certain $\epsilon > 0$, on a :

$$\begin{aligned}\mathscr{L}V(S,I) \leq & -\frac{(1-p)\Lambda - \epsilon(\sigma^2+\mu)}{S^2} - \frac{(\gamma - \epsilon\beta)I}{S^2} - I(c\alpha - \frac{\beta}{4\epsilon}) - \mu(S+I) - \beta S - \frac{p\Lambda}{I} + \frac{\mu+\sigma^2}{4\epsilon} \\ & + \mu + \gamma + \alpha + \frac{\sigma^2}{2}\end{aligned}$$

On prend $\epsilon < \min\left(\frac{\gamma}{\beta}, \frac{(1-p)\Lambda}{\sigma^2+\mu}\right)$ et $c > \max\left(1, \frac{\beta}{4\epsilon\alpha}\right)$, on obtient :

$$\lim_{I\to 0^+} \mathscr{L}V(S,I) = \lim_{S\to 0^+} \mathscr{L}V(S,I)) = -\infty$$

et

$$\lim_{I\to +\infty} \mathscr{L}V(S,I) = \lim_{S\to +\infty} \mathscr{L}V(S,I) = -\infty$$

par conséquent , pour ρ assez grand nous avons :

$$\sup_{(S,I)\in\mathbb{R}^2_+\setminus\Delta_\rho} \mathscr{L}V(S,I) \leq -1.$$

Nous avons ainsi trouvé une fonction de Khasminskii V qui permet d'exclure le"sweeping" de $\{P(t)\}_{t\geq 0}$. D'aprés le lemme 5.2.4 le semi-groupe $\{P(t)\}_{t\geq 0}$ est alors asymptotiquement stable. ■

5.2.3 Bilan

Cette section présente une étude stochastique pour un modèle SIS décrivant la dynamique d'une maladie transmissible dans une population présentant un flux positif d'infectés $p\Lambda$. Dans ce cas, il est impossible d'avoir un point d'équilibre sans maladie. Nous avons prouvé que, indépendamment des valeurs de ses paramètres, la solution du modèle (5.1.2) est stochastiquement bornée et stochastiquement permanente. La matrice de diffusion du modèle (5.1.2) est dégénérée et l'utilisation de la théorie des semi-groupes décrite dans [21, 20, 24, 25, 26] est ainsi appropriée pour étudier l'existence d'une distribution stationnaire. Nous avons prouvé que le semi-groupe $\{\mathscr{P}(t)\}_{t\geq 0}$ connecté au système (5.1.2) est asymptotiquement stable pour toutes valeurs des paramètres de ce système ; ce qui garantit l'existence d'une distribution stationnaire unique.

Dans le cas particulier où $\alpha = 0$ les résultats obtenus dans [27] peuvent être résumés ainsi :

Théorème 5.2.5 *On suppose que* $(S(0), I(0)) \in \mathbb{R}^2_+$, *il existe alors une solution unique du système* (5.1.3) *sur* $t \geq 0$. *Cette solution reste dans* $\mathbb{R}^2_+$ *avec probabilité 1.*

Théorème 5.2.6 *La solution du modèle* (5.1.3) *est stochastiquement bornée et stochastiquement permanente pour toute valeur initiale* $(S_0, I_0) \in \mathbb{R}^2_+$.

Théorème 5.2.7 *Pour toute valeur initiale positive* $(S(0), I(0))$, *la variable* $I(t)$ *du modèle* (5.1.3) *est p.s. persistante en moyenne, plus précisément,*

$$\liminf_{t\to+\infty} \frac{1}{t}\int_0^t I_s ds \geq \frac{pA}{\mu+\gamma} \quad p.s.$$

Théorème 5.2.8 *Soit* $(S(t), I(t))$ *la solution du système* (5.1.3). *Alors, pour tout* $t > 0$, *la distribution de* $(S(t), I(t))$ *a une densité* $u(t,x,y)$ *et il existe une densité* $u_*(x,y)$ *unique telle que :*

$$\lim_{t\to\infty} \iint_{\mathbb{R}^2} \left| u(t,x,y) - u_*(x,y) \right| dxdy = 0.$$

Une description de l'estimateur d'Euler-maximum de vraisemblance est donnée dans la section (2.8.2) (voir chapitre 2).

5.3 Estimateur d'Euler-maximum de vraisemblance direct

On pose $\theta = \begin{bmatrix} A \\ \mu \\ \sigma^2 \end{bmatrix}$. Le maximum de vraissemblance de θ n'est pas réalisable car il est difficile de trouver la fonction de vraisemblance correspondante. Un schéma d'approximation sera appliqué ici pour obtenir l'estimateur de θ.
Rappelons que l'approximation numérique, du système (5.1.4), par le schéma d'Euler est :

$$N(t_i) = N(t_{i-1}) + \left(A - \mu N(t_{i-1})\right)\Delta_i + N(t_{i-1})\xi_{t_i}, \quad 0 \leq i \leq K$$

où $(t_i)_{0\leq i\leq K}$ est une subdivision de $[0,T]$, $N_i = N(t_i)$, $\Delta_i = t_i - t_{i-1}$ et $\xi_{t_i} \sim N(0, \sigma^2\Delta_i)$, $0 \leq i \leq K$, Définissons la nouvelle variable :

$$Y_i = \frac{N_i - N_{i-1} - (A - \mu N_{i-2})\Delta}{N_{i-1}} = \xi_i,$$

où le pas $\Delta = \Delta_i$ est constant.
Notons que Y_i, $i = 1, 2, ..., K$, sont des variables aléatoires iid qui suivent toutes la loi $N(0, \sigma^2\Delta)$.
La fonction densité de Y_i s'écrit :

$$f(Y_i, \theta) = \frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi\Delta}}.\exp\left[\frac{-1}{2\sigma^2\Delta}\left(\frac{N_i - N_{i-1} - \left(A - \mu N_{i-1}\right)\Delta}{N_{i-1}}\right)^2\right], \quad 0 \leq i \leq K$$

ainsi :

$$\log L(\theta) = -\frac{K}{2}\log(2\pi\sigma^2\Delta) - \frac{1}{2\sigma^2\Delta}\sum_{i=1}^{K}\left(\frac{N_i - N_{i-1} - \left(A - \mu N_{i-1}\right)\Delta}{N_{i-1}}\right)^2$$

Les dérivées partielles correspondantes par rapport à A, d et σ^2 sont :

$$\frac{\partial \log L(\theta)}{\partial \mu} = -\frac{1}{\sigma^2}\sum_{i=1}^{K}\left(\frac{N_i - N_{i-1} - \left(A - \mu N_{i-1}\right)\Delta}{N_{i-1}}\right)$$

$$\frac{\partial \log L(\theta)}{\partial A} = \frac{1}{\sigma^2}\sum_{i=1}^{K}\left(\frac{N_i - N_{i-1} - \left(A - \mu N_{i-1}\right)\Delta}{N_{i-1}^2}\right)$$

$$\frac{\partial \log L(\theta)}{\partial \sigma^2} = -\frac{K}{2\sigma^2} + \frac{1}{2\Delta(\sigma^2)^2}\sum_{i=1}^{K}\left(\frac{N_i - N_{i-1} - \left(A - \mu N_{i-1}\right)\Delta}{N_{i-1}}\right)^2$$

L'estimateur $\hat{\theta}$ de θ vérifie $\hat{\theta} = \arg\max_{\theta}(\log(L))$, en résolvant ce problème, nous avons trouvé les estimateurs $\hat{\mu}$, $\hat{A}$ et $\hat{\sigma^2}$ de d, A et σ^2 :

$$\hat{\mu} = \frac{-Y(Y-Z)+W(K-X)}{\Delta\left(KW-Y^2\right)}$$
$$\hat{A} = \frac{KZ-YX}{\Delta\left(KW-Y^2\right)}$$
$$\hat{\sigma^2} = \frac{1}{K}\sum_{i=1}^{K}\left(\frac{N_i - N_{i-1} - \left(\hat{A}-\hat{\mu}N_{i-1}\right)\Delta}{N_{i-1}}\right)^2$$

où

$$X = \sum_{i=1}^{K}\frac{N_i}{N_{i-1}}, \quad Y = \sum_{i=1}^{K}\frac{1}{N_{i-1}}, \quad Z = \sum_{i=1}^{K}\frac{N_i}{N_{i-1}^2}, \quad W = \sum_{i=1}^{K}\frac{1}{N_{i-1}^2}$$

Dans la section suivante, l'estimation d'Euler-maximum de vraisemblance est utilisée différemment pour établir des formes explicites pour les estimateurs des paramètres A, μ et σ du modèle (5.1.3).

5.4 Estimateur d'Euler-maximum de vraisemblance indirect

Soit $r(t) = E(N(t))$. De (5.1.4) on obtient :

$$N(t) = N(0) + \int_0^t \left(A - \mu N(s)\right) ds - \sigma \int_0^t N(s) dB_s.$$

En passant à l'espérance et en utilisant le théorème de Fubini, on déduit :

$$E(N(t)) = E(N(0)) + \int_0^t \left(A - \mu E(N(s))\right) ds - \sigma E\left(\int_0^t N(s) dB_s\right).$$

Selon (Mao, [28]), on a $E\left(\int_0^t N(s) dB(s)\right) = 0$. On obtient donc l'équation différentielle ordinaire suivante :

$$\dot{r}(t) = A - \mu r(t), \tag{5.4.1}$$

qui admet la solution suivante:

$$r(t) = r(0)e^{-\mu t} + \frac{A}{\mu}.$$

Substituons $\frac{A}{\mu}$ par $r(t) + \frac{\dot{r}(t)}{\mu}$ dans (5.1.4), on obtient:

$$dN(t) = \mu\left(r(t) + \frac{\dot{r}(t)}{\mu} - N(t)\right) dt - \sigma N(t) dB_t. \tag{5.4.2}$$

Pour une subdivision $(t_i)_{0\le i\le K}$ de $[0,T]$, on peut obtenir une observation discrète $(N_i)_{i=1...K}$ de $N(t)$, avec $N_i = N(t_i)$). Soit $r_i = r(t_i)$ et $\dot{r}_i = \dot{r}(t_i)$, $i = 1,2,...,K$. On suppose que $\Delta =$

$t_i - t_{i-1}$ est constant pout tout $i = 1, ..., K$. En appliquant le schéma d'Euler-Maruyama à l'équation (5.4.2), on a :

$$N_i = N_{i-1} + \left(\mu r_{i-1} + \dot{r}_{i-1} - \mu N_{i-1}\right)\Delta + N_{i-1}\xi_i, \quad 0 \leq i \leq K$$

où $\xi_i = B_{t_i} - B_{t_{i-1}} \sim N(0, \sigma^2\Delta)$. Notons que

$$\xi_i = \frac{N_i - N_{i-1} - \left(\mu(r_{i-1} - N_{i-1}) + \dot{r}_{i-1}\right)\Delta}{N_{i-1}}, \quad 0 \leq i \leq K \tag{5.3.3}$$

et que ξ_i, $i = 1, 2, ..., K$, sont des variables aléatoires indépendantes. Ainsi la fonction densité de chaque ξ_i est donnée par :

$$f(\xi_i, \theta) = \frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi\Delta}}.\exp\left[\frac{-1}{2\sigma^2\Delta}\left(\frac{N_i - N_{i-1} - \left(\mu(r_{i-1} - N_{i-1}) + \dot{r}_{i-1}\right)\Delta}{N_{i-1}}\right)^2\right].$$

Puisque les variables $\xi_i, i = 1, 2, ..., K$ sont indépendantes, la fonction de densité conjointe est :

$$f(\xi_1, \xi_2, ..., \xi_K) = \prod_{i=1}^{K} f(\xi_i, \theta).$$

ainsi la fonction de vraissemblance est donnée par:

$$L(\theta, \xi_i) = \left(\frac{1}{2\pi\sigma^2\Delta}\right)^{\frac{K}{2}} \exp\left[\frac{-1}{2\sigma^2\Delta}\sum_{i=1}^{K}\left(\frac{N_i - N_{i-1} - \left(\mu(r_{i-1} - N_{i-1}) + \dot{r}_{i-1}\right)\Delta}{N_{i-1}}\right)^2\right],$$

par conséquent :

$$\log L(\theta, \xi_i) = \frac{-K}{2}\log(2\pi\sigma^2\Delta)\left[\frac{-1}{2\sigma^2\Delta}\sum_{i=1}^{K}\left(\frac{N_i - N_{i-1} - \left(\mu(r_{i-1} - N_{i-1}) + \dot{r}_{i-1}\right)\Delta}{N_{i-1}}\right)^2\right].$$

Les maximums de vraissemblance $\hat{\mu}$ et $\hat{\sigma}$ pour les paramètres μ et σ vérifient :

$$\hat{\mu} = \underset{\mu}{\arg\max}(\log L(\theta, \xi_i)) \quad \text{et} \quad \hat{\sigma} = \underset{\sigma}{\arg\max}(\log L(\theta, \xi_i))$$

c-à-d :

$$\frac{\partial \log L(\theta, \xi_i)}{\partial \mu} = \frac{\partial \log L(\theta, \xi_i)}{\partial \sigma} = 0.$$

Aprés résolution de ce problème on a trouvé les estimateurs $\hat{\mu}$ et $\hat{\sigma}$ de μ et σ respectivement :

$$\hat{\mu} = \frac{\sum_{i=1}^{K}\left(\left(N_i - N_{i-1} - \dot{r}_{i-1}\Delta\right)\left(r_{i-1} - N_{i-1}\right)/N_{i-1}^2\right)}{\sum_{i=1}^{K}\left[\left(r_{i-1} - N_{i-1}\right)/N_{i-1}\right]^2\Delta} \tag{5.4.3}$$

et

$$\hat{\sigma} = \sqrt{\frac{1}{K\Delta}\sum_{i=1}^{K}\left(\frac{N_i - N_{i-1} - \left[\hat{\mu}\left(r_{i-1} - N_{i-1}\right) + \dot{r}_{i-1}\right]\Delta}{N_{i-1}}\right)^2} \tag{5.4.4}$$

De l'équation (5.4.1) on a :

$$A = \dot{r}(t) + \mu r(t),$$

ainsi l'estimateur de A est donné par :

$$\hat{A} = \frac{1}{T}\sum_{i=1}^{K} \dot{r}_i + \frac{1}{K}\hat{\mu}\sum_{i=1}^{K} r_i = \bar{\dot{r}} + \hat{\mu}\bar{r} \tag{5.4.5}$$

Il reste à estimer $(r_i)_{i=1...K}$ et $(\dot{r}_i)_{i=1...K}$ à partir de l'observation $N = (N_0, N_1, ...N_K)$. Pour cela, nous renvoyons à Tifenbach [29]. La valeur attendue $r(t)$ peut être approchée en prenant une convolution du chemin échantillon $N = (N_0, N_1, ...N_K)$ du processus $N(t)$:

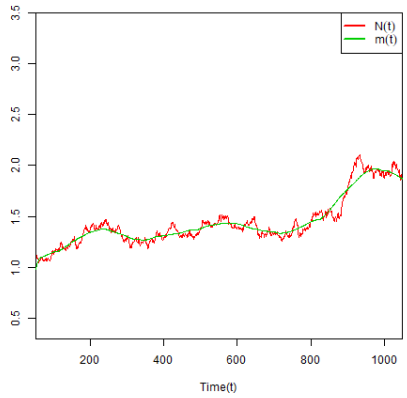
$$r_i = \sum_{j=-M}^{M} c_j N_{i-j}, \quad i = 0, ..., K \tag{5.4.6}$$

où $c_j, j = -M, ..., M$ sont les poids de la convolution. Il y a plusieures exemples de convolutions, la moyenne notée c_t^1, reste la plus courante, dans laquelle tous les poids sont constants ($c_j = \frac{1}{2M+1}, j = -M, ..., M$) et la convolution c_t^2, où les poids sont donnés par $c_j = \frac{(2M-|j|)}{M(3M+1)}, j = -M, ..., M$.
Les simulations suivantes montrent le comportement dynamique du processus $N(t)$ par rapport à sa valeur attendue dans deux cas : la convolution moyenne (fig. 1a, 2a et 3a) et la convolution avec c_j^2 (fig. 1b, 2b et 3b). Une simple vue de ces simulations montre que la valeur attendue avec la convolution c^2 peut être plus proche de $r(t) = E(N(t))$ que la valeur attendue avec c^1.
Pour une approximation de la dérivée $\dot{r}(t)$ de $r(t)$, nous pouvons utiliser la règle des trois points qui est une technique de dérivée numérique basée sur la formule de Taylor :

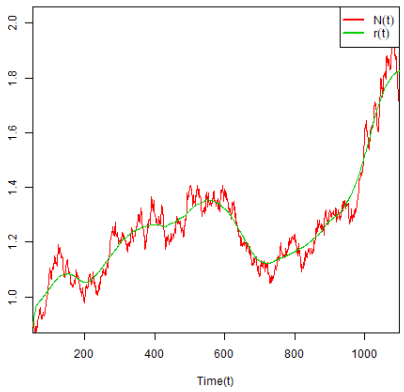
$$\dot{r}_i = \frac{2r_{i+1} - 3r_i + r_{i-1}}{\Delta}, \quad \text{pour } i = 1, 2, ..., K-1 \tag{5.4.7}$$

pour $i = 0$ ou $i = K$, la dérivée est donnée par:

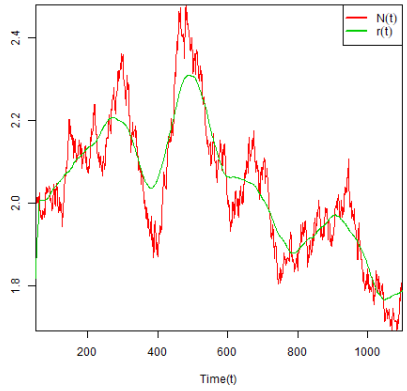
$$\dot{r}_0 = \frac{r_1 - r_0}{\Delta} \text{ et } \dot{r}_K = \frac{r_K - r_{K-1}}{\Delta} \tag{5.4.8}$$



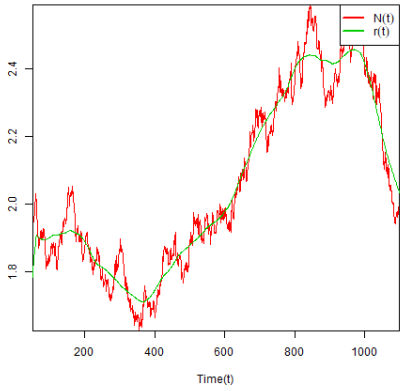
(a) fig. 1a



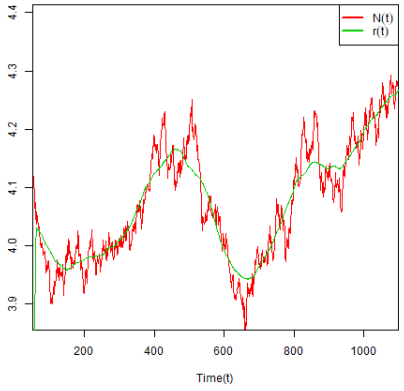
(b) fig. 1b



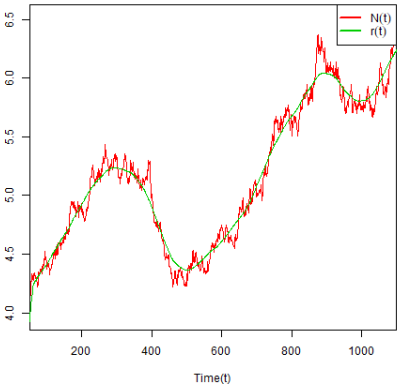
(c) fig. 2a



(d) fig. 2b



(e) fig. 3a



(f) fig. 3b

FIGURE 5.3 – Comportement dynamique de $N(t)$ et $r(t)$ pour les deux convolutions c^1 et c^2 et pour des ensembles aléatoires de paramètres et de conditions initiales. Pour (a1) et (b1) : $A = 2, \mu = 1, \sigma = 0,4, N_0 = 1$, avec, la convolution c_1 pour (a1) et c_2 pour (b1). Pour (a2) et (b2) : $A = 2,5, \mu = 1,5, \sigma = 0,3, N_0 = 2$, avec, la convolution c_1 pour (a2) et c_2 pour (b2). Pour (a3) et (b3) : $A = 3, \mu = 0,7, \sigma = 0,1, N_0 = 4$, avec , la convolution c_1 pour (a3) et c_2 pour (b3). $K = 1200$ dans toutes les simulations.

5.5 Convergence des estimateurs

Le théorème suivant traite la consistance et la convergence asymptotique des estimateurs $\hat{\mu}, \hat{\sigma}$ et $\hat{A}$.

Théorème 5.5.1 *Si la condition* (5.5.7) *est vérifiée, les estimateurs* $\hat{\mu}, \hat{\sigma}$ *et* $\hat{A}$, *sont consistants quand* $T \to \infty$. *Et on a :*

$$\sqrt{T}(\hat{\mu} - \mu) \to_d N(0, \sigma^2) \quad quand\, T \to \infty \tag{5.5.1}$$

$$\sqrt{T/\Delta}\,(\hat{\sigma} - \sigma) \to_d N\Big(0, \frac{\sigma^2}{2}\Big) \quad quand\, T \to \infty \tag{5.5.2}$$

$$\sqrt{T}(\hat{A} - A) \to_d N\big(0, (\bar{r}\sigma)^2\big) \quad quand\, T \to \infty \tag{5.5.3}$$

Preuve :
Pour étudier le comportement asymptotique des deux estimateurs de $\hat{\theta}$ ci-dessus, nous vérifions si les hypothèses 1 à 7 du Théorème 2.8.2 sont remplies.
La fonction drift et la fonction de diffusion sont, respectivement, $a(x) = A - \mu x$ et $b(x) = \sigma x$. La première hypothèse (A.1) est clairement vérifiée.
Tous les paramètres A, μ et σ sont positifs et $N(t) > 0$ pour tout $t \geq 0$, l'hypothèse (A.4) est alors vérifiée dans $\mathscr{D} = (0, \infty)$.
Soit $X_t = N_t^{-1}$, par la formule d'Itô on a :

$$dX_t = \big(-AX_t^2 + (\mu + \sigma^2)X_t\big)\,dt + \sigma X_t\, dB_t$$

donc $a^{-1}(x) = -Ax^2 + (\mu + \sigma^2)x$.
Soit f la fonction a ou l'une de ses dérivées, par rapport à x ou $\theta' \in (A, \mu, \sigma)$, ou b ou l'une de ses dérivées, par rapport à x ou $\theta' \in (A, \mu, \sigma)$, ou a^{-1}.
J. Minsoo [30] précise que la vérification de l'hypothèse (A.2) pour les termes de f est suffisante pour conclure que l'hypothèse (A.2) est vérifiée pour f. Dans [27] on a montré que :

$$\lim_{t \to +\infty} \frac{N_t}{t} = 0, \text{ p.s}$$

et on peut facilement voir que :

$$\lim_{T \to +\infty} \frac{\sup_{t \in [0,T]} |N_t|}{T^2} = 0, \text{ p.s}$$

ce qui donne :

$$\sup_{t \in [0,T]} |N_t| = o_p(T^2), \text{ p.s} \tag{5.5.4}$$

ainsi, on peut prendre $\kappa_f(x) = x^2$.
En outre, Rudnicki [20] a montré que $\lim_{t \to +\infty} X_t = 0$ p.s, donc $\lim_{t \to +\infty} \frac{X_t}{t} = 0$ p.s, donc :

$$\lim_{T \to +\infty} \frac{\sup_{t \in [0,T]} |X_t|}{T^2} = 0, \text{ p.s}$$

et

$$\lim_{T\to+\infty} \frac{\sup_{t\in[0,T]} |X_t^2|}{T^4} = 0, \text{ p.s}$$

par conséquent :

$$\sup_{t\in[0,T]} |X_t| = o_p(T^2), \text{ p.s} \tag{5.5.5}$$

ainsi, on peut prendre $\kappa_f(x) = x^2$. De mme, on a :

$$\sup_{t\in[0,T]} |X_t^2| = o_p(T^4), \text{ p.s} \tag{5.5.6}$$

on peut prendre alors $\kappa_f(x) = x^4$.
Pour $p > 0$, les dérivées d'ordre p (par rapport à x ou $\theta' \in (A, \mu, \sigma)$) de a et b sont nulles. De (5.5.4), (5.5.5) et (5.5.6), on déduit que l'hypothèse (A.2) est vérifiée pour a et tous ses dérivés et pour b et tous ses dérivés et pour a^{-1} dans $\mathscr{D} = (0, \infty)$.
L'hypothèse (A.3) peut être clairement vérifiée en prenant $\omega_A = \omega_\mu = \omega_\sigma = 1/T$.
Soient κ_1 et κ_2 une combinaison de la fonction asymptotique de (A.2), il suffit de vérifier l'hypothèse (A.5) avec le plus grand ordre de k_f, qui est 4. Ainsi, (A.5) est vérifié si

$$\Delta^{1/4} T^{4\times 5} = \Delta^{1/4} T^{20} \to 0, \text{ quand } T \to \infty \text{ et } \Delta \to 0. \tag{5.5.7}$$

En pratique, nous pouvons toujours nous assurer que cette condition est vérifiée.
Pour l'hypothèse (A.6), on remarque que pour toute fonction asymptotique κ de (A.2) et pour tout $\theta' \in (A, \mu, \sigma)$ $\dfrac{\kappa_{\theta'}(T)}{\kappa(T)}$ tend vers 0 ou 1 quand $T \to \infty$. Ainsi :

$$T^{-\epsilon} \frac{\kappa_{\theta'}(T)}{\kappa(T)} \to 0, \quad \text{pour tout } \epsilon > 0.$$

quand $T \to \infty$, où $\kappa_{\theta'}$ est la dérivée de κ par rapport à θ'.
Il reste à vérifier l'hypothèse (A.7). Il est évident de voir que pour tout $\theta, \theta_0 \in \mathbb{R}_+$, $\kappa(T, \theta)$ et $\kappa(T, \theta_0)$ ont le même ordre indépendamment de l'ensemble $\mathscr{N}_{T,\Delta} = \{\theta :| \nu'(\theta - \theta_0) | \leq 1\}$ avec ν satisfaisant $\nu\omega^{-1} \to 0$, ainsi :

$$\sup_{\theta\in\mathscr{N}_{T,\Delta}} \left| \frac{\kappa(T, \theta_0)}{\kappa(T, \theta)} \right| \to 1 \quad \text{quand } T \to \infty$$

Toutes les hypothèses 1 à 7 sont vérifiées, d'aprés le Théorème 2.8.2 on a :

$$\hat{\mu} - \mu \approx \frac{\int_0^T \frac{1}{\sigma} dB_t}{\int_0^T \frac{1}{\sigma^2} dt} \approx \frac{\frac{1}{\sigma} B_T}{\frac{1}{\sigma^2} T} \approx \sigma \frac{B_T}{T}, \text{ quand } T \to \infty \tag{5.5.8}$$

on sait que B_T est normalement distribué avec une moyenne nulle et une variance égale à T, donc :

$$\sqrt{T}(\hat{\mu} - \mu) \to_d N(0, \sigma^2), \text{ quand } T \to \infty \tag{5.5.9}$$

Et on a aussi :

$$\hat{\sigma} - \sigma \approx \sqrt{\frac{\Delta}{2}} \frac{\int_0^T \frac{N_t}{\sigma N_T} dV_t}{\int_0^T \frac{N_t^2}{\sigma^2 N_t^2} dt} \approx \sqrt{\frac{\Delta}{2}} \frac{\sigma V_T}{T}, \text{ quand } T \to \infty \tag{5.5.10}$$

Donc :

$$\sqrt{\frac{T}{\Delta}}(\hat{\sigma}-\sigma) \to_d N\Big(0,\frac{\sigma^2}{2}\Big), \text{ quand } T\to\infty$$

D'aprés l'équation (5.4.5) on a :

$$\hat{A} = \bar{\dot{r}} + \hat{\mu}\bar{r}$$

donc :

$$\hat{A} - A = \bar{\dot{r}} + \hat{\mu}\bar{r} - \dot{r}(t) - \mu r(t)$$

$r(t)$ continue, selon le théorème des valeurs intermédiaires, il existe $\tau \in (0,T)$ tel que $r(\tau) = \bar{r}$. Notons que pour ce même τ on a $\bar{\dot{r}} - \dot{r}(\tau) = 0$. Ainsi :

$$\hat{A} - A = \bar{\dot{r}} - \dot{r}(\tau) + \bar{r}(\hat{\mu}-\mu) = \bar{r}(\hat{\mu}-\mu)$$

Donc :

$$\frac{1}{T}(\hat{A}-A) \approx \frac{\bar{r}}{T}(\hat{\mu}-\mu) \approx \frac{\sigma\bar{r}}{T^2}B_T, \text{ as } T\to\infty \tag{5.5.11}$$

D'aprés (5.5.8), on a :

$$\frac{1}{T}(\hat{A}-A) \to_d N\big(0,(\bar{r}\sigma)^2\big) \quad \text{quand } T\to\infty$$

les équations (5.5.8), (5.5.10) et (5.5.11), ainsi que $\lim_{t\to\infty}\frac{B_t}{t} = 0$ (voir : La loi forte des grands nombres (Mao, [28])) affirme la consistance des estimateurs $\hat{\mu}, \hat{\sigma}$ et $\hat{A}$ quand $T\to\infty$.

Remarque 6 *On a* $E(\hat{\theta}) \to \theta$ *quand* $T\to\infty$. *Les estimateurs* $\hat{\mu}, \hat{\sigma}$ *et* $\hat{A}$ *sont asymptotiquement sans biais.*

5.6 Étude de cas : le SIDA au Maroc

Le tableau (Tableaux 5.1) présente la dynamique du VIH/SIDA au Maroc entre 1986 et 2014. Cette base de données est obtenue en se référant à des statistiques et données de la haute commission marocaine de planification HCP [31] et du ministère de la Santé publique avec le soutien de l'ONUSIDA [32]. En se basant sur ces données et sur la bonne raison que les estimateurs sont consistants et asymptotiquement sans biais, nous pouvons simuler les deux techniques ci-dessus pour estimer les paramètres μ, σ et A. Nous résumons les résultats dans le tableau (Tableaux 5.2).

Ces résultats révèlent que, pour les deux estimateurs, les estimations pour chaque paramètre sont proches, avec une préférence principale pour l'estimateur E-MV indirect (pour chaque estimation de paramètre, les écarts types de l'estimateur E-MV indirect , soit pour c_t^1, soit pour c_t^2, sont plus proches de zéro que l'estimateur E-MV direct). Pour tous les estimateurs, le taux de mortalité naturelle estimé $\hat{\mu}$ est (selon les données de la Banque mondiale [33]) très proche du taux réel $\mu = 0.0145$. En outre, les résultats obtenus ont montré que le flux annuel de nouveaux individus dans la population était presque identique pour tous les estimateurs, une fraction p de cette valeur étant infectante. Une simple vue du nombre d'individus infectés par rapport aux individus sensibles peut montrer que cette fraction est clairement très petite, mais elle est considérable. En conséquence, l'immigration affecte légèrement l'évolution du SIDA au Maroc. L'intensité de perturbation du paramètre μ ne dépasse pas la valeur $0,127$ dans les deux estimateurs. Cette valeur relativement faible explique à quel point le caractère aléatoire peut affecter le taux de mortalité naturelle au Maroc. La stabilité de la maladie est garantie par le Théorème 5.2.4.

TABLEAU 5.1 – Evolution des personnes prédisposées au SIDA et des personnes infectées par le SIDA dans la population active sexuelle durant la période de 1986 à 2014.

Année(t)	S(t)	I(t)	N(t)
1986	10741840	145	10741985
1987	11031650	326	11031976
1988	11327176	551	11327727
1989	11629750	831	11630581
1990	11940106	1176	11941282
1991	12256252	1597	12257849
1992	12580404	2121	12582525
1993	12914674	2762	12917436
1994	13259076	3528	13262604
1995	13612534	4416	13616950
1996	13975394	5497	13980891
1997	14342946	6773	14349719
1998	14700834	8272	14709106
1999	15030004	10048	15040052
2000	15299530	12068	15311598
2001	15534066	14208	15548274
2002	15743746	16368	15760114
2003	15942988	18506	15961494
2004	16139624	20576	16160200
2005	16334864	22524	16357388
2006	16528246	24414	16552660
2007	16715348	26234	16741582
2008	16894294	28008	16922302
2009	17067916	29700	17097616
2010	17242432	31365	17273797
2011	17410406	32867	17443273
2012	17569800	34095	17603895
2013	17717800	35292	17753092
2014	17853318	36455	17889773

TABLEAU 5.2 – Simulation d'estimateurs pour la première et la deuxième technique à l'aide de la base de données VIH du Maroc au tableau 5.1

Méthodes	Seconde technique		Première technique
	c^1	c^2	
$\hat{\mu}$	0.01514	0.01561	0.0162
SD	0.0243	0.0179	0.0243
$\hat{\sigma}$	0.1156912	0.123263	0.12626
SD	0.0231	0.0121	0.0254
$\hat{A}$	190387,94	192341,94	195643,94
SD	0.112	0.091	0.095

5.7 Conclusion

Ce chapitre s'intéresse à la modélisation mathématique et à l'estimation des paramètres de la dynamique de transmission du virus VIH au Maroc en tenant compte de l'effet de l'immigration . Pour des raisons comparatives, nous avons utilisé deux estimateurs pour estimer trois paramètres du modèle construit.
Ces estimateurs sont très crédibles, en raison de leur consistance et de leur normalité asymptotique montrées dans le Théorème 5.5.1.
Nous avons appliqué les résultats obtenus dans une étude de cas sur la propagation du SIDA au Maroc. Les deux estimations de chaque paramètre sont proches, mais une comparaison qui dépend de l'écart type a donné la priorité au premier estimateur. Il reste encore à estimer les autres paramètres (étude en cours) . Aussi, pour répondre à certaines questions comme : la maladie a-t-elle tendance à croître ou à faiblir ? Compte tenu de l'effet de l'immigration des personnes infectées, de quel degré le taux de contact estimé $\hat{\beta}$ entre les personnes sensibles et les personnes infectées affecte l'évolution du SIDA au Maroc ?

5.8 Références

[1] R. Sandhu, M. Khalil, A. Sarkara, and D. Poirelc, "Bayesian model selection for nonlinear aeroelastic systems using wind-tunnel data," *Comput. Methods Appl. Mech. Eng.*, vol. 282, pp. 161–183, 2014. 66

[2] T. Ritto and L. Nunes, "Bayesian model selection of hyperelastic models for simple and pure shear at large deformations," *Comput Struct*, vol. 156, pp. 101–109, 2015. 66

[3] K. Yenkie and U. Diwekar, "The "no sampling parameter estimation (nspe)" algorithm for stochastic differential equations," *Chemical Engineering Research and Design*, vol. 129, pp. 376–383, 2018. 66

[4] E. Lindström, "Estimating parameters in diffusion processes using an approximate maximum likelihood approach," *Ann Oper Res*, vol. 151, pp. 269–288, 2007. 66

[5] M. Mariani, M. A. Bhuiyan, and O. Tweneboah, "Estimation of stochastic volatility by using ornstein-uhlenbeck type models," *Physica A*, vol. 491, pp. 167–176, 2018. 66

[6] G. Durham and A. Gallant, "Numerical techniques for maximum likelihood estimation of continuous-time diffusion processes," *Journal of Business and Economic Statistics*, vol. 20, no. 3, pp. 297–316, 2002. 66

[7] D. G. X. M. J. Pan, A Gray, "Parameter estimation for the stochastic sis epidemic model," *Stat Inference Stoch Process Springer Science+Business Media Dordrecht*, 2014. 66

[8] F. Brauer and P. v. d. Driessche, "Models for transmission of disease with immigration of infectives," *Mathematical Biosciences*, vol. 2018, p. 171, 2001. 66

[9] J. H. Steele, "A comparison of terrestrial and marine ecological systems," *Nature*, vol. 313, no. 6001, p. 355, 1985. 67

[10] D. A. Vasseur and P. Yodzis, "The color of environmental noise," *Ecology*, vol. 85, pp. 1146–1152, 2004. 67

[11] S. Teeraananchai, S. Kerr, J. Amin, K. Ruxrungtham, and M. Law, "Life expectancy of hiv-positive people after starting combination antiretroviral therapy : a meta-analysis," *HIV Medicine*, vol. 18, no. 4. 67

[12] D. Pilipovic, "Energy risk : Valuing and managing energy derivatives," *McGraw-Hill, New York, NY, USA*, 2007. 67

[13] J. C. Cox, J. Ingersoll, and S. Ross, "A theory of the term structure of interest rates," *Econometrica*, vol. 53, no. 2, pp. 385–407, 1985. 67

[14] K. C. Chan, G. A. Karolyi, F. A. Longstaff, and A. B. Sanders, "An empirical comparison of alternative models of the short-term interest rate," *The Journal of Finance*, vol. 47, no. 3, pp. 1209–1227, 1992. 67

[15] P. Georgescu and H. Zhang, "A lyapunov functional for a siri model with nonlinear incidence of infection and relapse," *Applied Mathematics and Computation*, vol. 219, no. 16, pp. 8496–8507, 2013. 67

[16] A. Lahrouz, L. Omari, and D. Kiouach, "Global analysis of a deterministic and stochastic nonlinear sirs epidemic model," *Nonlinear Anal. Model. Control*, vol. 16, pp. 59–76, 2011. 67

[17] B. Arifah and X. Mao, "Stochastic delay lotka-volterra model," *Math. Anal. Appl.*, vol. 292(2), p. 364, 2004. 68

[18] D. Jiang, N. Shi, and X. Li, "Global stability and stochastic permanence of a non-autonomous logistic equation with random perturbation," *J. Math. Anal. Appl.*, vol. 340, p. 588, 200B. 68

[19] X. Li and X. Mao, "Population dynamical behavior of non-autonomous lotka volterra competitive system with random perturbation," *Discret. Contin. Dyn. Syst.*, vol. 24, p. 523, 2009. 68

[20] R. Rudnicki, "Long-time behaviour of a stochastic prey-predator model," *Stochastic Processes and their application*, vol. 108, no. 93, 2003. 70, 76, 77, 83

[21] R. Rudnicki, "Markov semigroups and their applications," *Lecture Notes Phys.*, vol. 597, no. 215, 2002. 71, 77

[22] S. Aido, S.and Kusuoka and D. Strook, "On the support of wiener functionals," *Kyoto University, Research Institute for Mathematical Sciences, 1991*. 71

[23] G. Arous and R. Léander, "Décroissance exponentielle du noyau de la chaleur sur la diagonale(ii)," *Probab. and Theory Related Fields, 90 (3), 377, 1991*. 71

[24] R. Rudnicki and K. Pichór, "Influence of stochastic perturbation on prey-predator systems," *Math Biosci., 206,108, 2007*. 77

[25] W. Gua, Y. Cai, Q. Zhang, and W. Weiming, "Stochastic persistence and stationary distribution in an sis epidemic model with media coverage," *Physica A, 492, 2220, 2018*. 77

[26] Y. Ma and Q. Zhang, "Stationary distribution and extinction of a three-species food chain stochastic model," *Transactions of A. Razmadze Mathematical Institute, 172, 251, 2018*. 77

[27] Y. E. Ansari, A. E. Myr, L. Omari, and A. Lahrouz, "The effect of immigration on the persistence and ergodicity of a stochastic sis model for transmission of disease," *Appl. Math. Inf. Sci*, vol. 12, no. 6, pp. 1127–1138, 2018. 65, 77, 83

[28] X. Mao, "Stochastic differential equations and applications," *Horwood. Chichester*, 1997. 79, 85

[29] B. Tifenbach, "Numerical methods for modeling energy spot prices," *University of Calgary*, 2000. 81

[30] J. Minsoo, "Asymptotics for the maximum likelihood estimators of diffusion models," 83

[31] "Haut commissariat au plan. population du maroc selon l'age et le sexe. population-du-maroc-selon-l-age-et-le-sexe/resource/ba4d6e16-5901-42c5-9aff-1e308ca266c8. accessed 2018-03-10.," *http ://www.data.gov.ma/data/en/dataset/*. 85

[32] "Ministère de la santé du maroc. mise en oeuvre de la déclaration politique sur le vih/sida, rapport national 2014.," *http ://www.unaids.org/sites/default/files/country/documents/*. 85

[33] "Maroc data.," *https ://donnees.banquemondiale.org/pays/maroc*. 85

Conclusion et Perspectives

La propagation des maladies transmissibles est un processus dynamique, par conséquent, la compréhension et le contrôle des épidémies passent par une modélisation mathématique que ça soit déterministe, stochastique ou statistique. Dans cette thèse, nous avons construit et analysé de nouveaux modèles, basés essentiellement sur l'approche compartimentale. Les questions de recherche fondamentales et importantes dans ces systèmes sont : l'existence d'une valeur seuil permettant de déterminer si une maladie infectieuse s'éteint, la stabilité locale et globale de l'équilibre sans maladie et des équilibres endémiques, l'existence de solutions périodiques, la persistance et la disparition des maladies, extinction de la maladie, etc. Bien que ces approches et leurs variantes stochastiques aient permis de comprendre plusieurs caractéristiques des maladies infectieuses,l'estimation de certains paramètres est essentielle car la méconnaissance de ces paramètres rend très difficile la confrontation des modèles aux donnéss réelles.

Au sein du chapitre 3, nous avons considéré un système stochastique SIR avec un taux de rechute non linéaire pour modéliser l'influence des individus infectés sur les récupérés. Le seuil $\mathscr{R}_{\mathrm{T}}$ qui détermine le comportement du système considéré est trouvé. Plus précisément , si $\mathscr{R}_{\mathrm{T}} < 1$ la maladie va disparaître de la population avec probabilité un. Tandis que $\mathscr{R}_{\mathrm{T}} > 1$ conduit à la persistance de la maladie avec une distribution stationnaire positive unique. Les simulations numériques ont montré que le phénomène de rechute non linéaire joue un rôle crucial dans la vitesse de l'extinction et la propagation de la maladie.
Dans le chapitre 4 nous avons proposé une extension des modèles épidémiques à l'étude de la propagation des virus informatiques dans un réseau alimenté par un antivirus. Dans un premier temps nous avons étudié la stabilité du système déterministe. Ensuite, nous avons considéré une version stochastique de ce système avec des bruits introduits dans deux paramètres et par le biais du seuil $\mathscr{R}_p$, nous avons établi le comportement asymptotique du modèle. Au sein du chapitre 5, on a étudié un modèle épidémique stochastique avec immigration des infectés. On a utilisé la théorie de semigroupe de markov pour établir que ce modèle admet une distribution stationnaire unique sous certaine conditions. Au sein du même chapitre on s'est intéressé à l'estimation des paramètres . Pour des raisons comparatives, nous avons utilisé deux estimateurs pour estimer trois paramètres du modèle construit.
Ces estimateurs sont crédibles puisqu'on a démontré leur consistance et leur normalité asymptotique.
Nous avons appliqué les résultats obtenus dans une étude de cas sur la propagation du SIDA au Maroc. Les deux estimations de chaque paramètre sont proches, mais une comparaison qui dépend de l'écart type a donné la priorité au premier estimateur.

Perspectives :

Une hypoyhèse essentielle dans tous les modèles étudiés dans cette thèse est que la population est homogène. En réalité, les infectés n'ont pas la même probabilité de rencontrer un susceptible et cette probabilité peut aussi varier dans le temps. On peut écrire des modèles qui prennent mieux en compte la réalité : divers niveaux de mélange, modèles spatiaux, etc.

Dans le chapitre 5, les valeurs estimées des paramètres étaient basées sur des données étalées à une longue période. Pour faire des mesures de contrôle efficaces, il n'est pas possible d'attendre la fin de l'épidémie. Dans plusieurs situation, des estimations sont urgentes pendant l'épidémie et doivent être effectuées au début de sa croissance. Cependant, disposer de moins de données, introduira également le risque de produire des estimations biaisées. Un défi à relever.