République Algérienne Démocratique et Populaire Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique Université Abou Bekr Belkaid Tlemcen



Faculté des Sciences Département de Mathématiques

Mémoire de Master

Systèmes dynamiques et applications à la dynamique de populations

présenté par

KHALDI Zahia

Les systèmes proies prédateurs revisités

Mémoire soutenu le 23 Juin 2014 devant le jury composé de :

M.	Touaoula. M. T.	Pr. Université de Tlemcen	(Président)
M.	Abdellaoui. B	Pr. Université de Tlemcen	(Examinateur)
M.	Miri. S. E-H.	M.C. Université de Tlemcen	(Encadreur)

Dédicaces

C'est avec une très grande émotion et un immense plaisir que je dédie ce modeste travail à :

Mes parents, tous deux ont su m'apprendre le respect, la volonté et tant d'autres valeurs importantes.

Mes adorables filles Wissem et Hadjer.

Mes surs et en particulier Zoubida pour toute son attention envers moi et aussi ma belle sur Naima.

Mes frères particulièrement Abdellwaheb qui m'a aidé et soutenu dans mes études.

A la mémoire de mon beau père Noureddine-Slimani celui qui m'a implanté le courage et l'amour du travail.

A tous les membres de ma famille paternelle et maternelle.

A mes chères amies Fatima Tchouar et Sarra Bouyakoub qui m'ont beaucoup aidé durant ces années d'études sans oublier les bons souvenirs avant le reste du groupe.

Mes collègues de département, je remercie chacun de vous pour le soutien et l'aide qu'il m'a apporté.

Remerciements

E tiens à remercier tout d'abord Monsieur MIRI Sofiane, qui m'a encadré, tout au long de ce mémoire. Je lui apporte aussi toute ma reconnaissance pour son attention, ses conseils et son écoute qui ont été nécessaires pour la bonne réussite de ce travail. J'ai pris un grand plaisir à travailler avec lui.

J'adresse tout particulièrement mes remerciements à Monsieur le Professeur TOUAOULA. M. T, pour tous les efforts déployés pour notre formation pendant les deux années écoulées; aussi je le remercie vivement d'avoir accepté de présider le jury.

Un grand merci aussi à Monsieur le Professeur Abdellaoui pour avoir accepté de faire partie du jury. Je lui témoigne ma profonde reconnaissance pour son aide et son soutien. Je le remercie aussi pour avoir mis à notre disposition, en sa qualité de Directeur du Laboratoire d'Analyse Non-Linéaire et Mathématiques Appliquées, tous les moyens matériels qui ont facilité la réalisation de ce mémoire.

J'exprime également ma gratitude à monsieur le chef de département Monsieur MEBKHOUT Miloud qui a été toujours disponible pour nous, et nous a vraiment aidé dans tous les domaines.

Enfin, je ne saurai oublier de remercier tous mes enseignants du département de Mathématiques, qui m'ont accompagnés et aidés à m'améliorer durant mon cursus de formation.

Tlemcen, Juin 2014.

TABLE DES MATIÈRES

Table des matières

1 INRODUCTION 1 Le système de Lotka-Volterra 1.1 1 1.1.1 2 1.1.2 3 5 1.2.1 6 1.2.2 7 1.2.3 9 1.2.4 11 2 Le modèle proie-prédateur incorporant un refuge POUR LES PROIES 15 Resultats de base 2.1 16 Les points d'équilibre 2.2 16 2.3 17 Etude de la stabilité des points d'équilibre 18 2.4 18 2.4.1 18 2.4.2 19 2.4.3 Existence de cycle limite 2.5 19 Dynamique de la transmission des maladies infec-3 TUEUSES DANS UN ÉCOSYSTÈME PROIE-PRÉDATEUR. 25 3.1 25 Le taux de reproduction de base $R_0 \ldots \ldots \ldots \ldots$ 3.1.1 25 Quelques exemples de modèles épidiomologies 3.2 27

viii

		3.2.1	Le modèle S-I :	27			
		3.2.2	Le modèle S-I-R dans une population fermée	28			
		3.2.3	Les points d'équilibre du modéle S-I-R	29			
		3.2.4	Le nombre de reproduction de base R_0	29			
		3.2.5	Le modèle S-I-R-S (sans naissance-mort)	30			
		3.2.6	Les points d'équilibre du modèle S-I-R-S	30			
		3.2.7	Le nombre de reproduction de base $R_{\rm o}$	30			
		3.2.8	Stabilité des points d'équilibres	30			
		3.2.9	Stabilité du point p_2^* :	31			
	3.3	Prése	Présentation du modèle				
		3.3.1	Les hypothèses du modèle	32			
		3.3.2	Les points d'équilibres	33			
		3.3.3	La nature des points d'équilibre	33			
	3.4	Le ta	ux de reproduction de base $R_0 \ldots \ldots \ldots \ldots$	35			
4	4 Système proie-prédateur avec comportement de trou-						
	PEAU DES PROIES						
	4.1 Introduction						
	4.2	Etude qualitative du système					
		4.2.1	les états d'équilibre	41			
		4.2.2	Etude de la stabilité des points d'équilibre	42			

Bibliographie

47

INRODUCTION

Ce mémoire a pour but de survoler et de décrire l'évolution des systèmes modélisant l'interaction entre populations de proies et de prédateurs, et ceci à travers la présentation de certains modèles, qui à chaque fois incorporent de nouveaux paramètres, comme par exemple la présence d'un refuge pour les proies, la présence d'une infection se transmettant d'une population à l'autre et finalement une stratégie de défense de regroupement en troupeau des proies.

Il est évident que ce mémoire n'a aucune prétention d'innovation, il est la synthèse de certains articles scientifiques plus au moins récents ainsi que de la littérature existente.

Le plus souvent, on ne sait pas calculer les solutions des systèmes considérés, du à leur complexité, par contre on arrive à montrer grâce à une étude qualitative la positivité, l'existence, l'extinction, le comportement asymptotique, la périodicité des solutions.

Nous commencerons, par présenter dans ce premier chapitre, quelques modèles basiques ou classiques, représentant les modèles proies prédateurs.

Ce premier chapitre introductif et essentiellement inspiré de [1] de [8], et des différents cours prodigués en Master Systèmes Dynamiques et Applications.

1.1 Le système de Lotka-Volterra

On considère ici deux éspèces (proie-prédateur)

On suppose que la population de prédateurs se nourrit de celle des proies.

Notons par x(t) la densité de la population des proies, et par y(t) celle des prédateurs dans le milieu.

Le phénomène qui se produit se traduit par le système suivant : En posant : $u \binom{x(t)}{y(t)}$

$$\begin{cases} u'(t) = f(u(t)) \\ u(0) = \begin{pmatrix} x_0 \\ y_0 \end{pmatrix} \end{cases}$$

ou encore

$$\begin{cases} x'(t) = x(a - by) \\ y'(t) = y(-c + dx) \end{cases}$$

avec f est de classe C^1 donc f est localement liptshizienne, alors il existe une unique solution pour toute condition initiale.

avec *a*, *b*, *c*, *d* sont des constantes positives. Les termes (ax) et (-cy) traduisent le comportement de chacune des deux espèces en l'absence de l'autre.

En l'absence de prédateurs la population des proies augmente exponentiellement, par contre les prédateur s'éteignent.

Les termes (-bxy) et (dxy) sont les termes "d'intéraction".

1.1.1 Recherche les états d'équilibres :

$$\begin{cases} x'(t) = 0\\ y'(t) = 0 \end{cases}$$

implique que

$$\begin{cases} x(a-by) = 0\\ y(-c+dx) = 0 \end{cases}$$

alors,

$$\begin{cases} x = 0 & \\ y = 0 & \\ \text{il y a deux états d'équilibre : } (0,0), \left(\frac{c}{d}, \frac{a}{b}\right). \end{cases} \begin{cases} (a - by) = 0 & \\ (-c + dx) = 0 & \\ \end{array}$$

1.1.2 Stabilité des points d'équilibre

La stabilité locale des points fixes, peut être déterminée par la matrice Jacobienne.

$$J(x,y) = \left(\begin{array}{cc} a - by & -bx \\ dy & -c + dx \end{array}\right)$$

Premier point fixe (0,0) :

$$J(0,0) = \left(\begin{array}{cc} a & 0\\ 0 & -c \end{array}\right)$$

alors $\lambda_1 = a$ et $\lambda_2 = -c$, ces valeurs propres sont toujours de signe opposé, donc l'équilibre (0,0) est instable.

Second point fixe $\left(\frac{c}{d}, \frac{a}{b}\right)$:

$$J(\frac{c}{d},\frac{a}{b})) = \begin{pmatrix} 0 & \frac{-bc}{d} \\ \frac{ad}{b} & 0 \end{pmatrix}$$
$$\det J(\frac{c}{d},\frac{a}{b}) = ac \ge 0.$$

$$trJ(\frac{c}{d},\frac{a}{b})=0;$$

donc λ_1 et λ_2 sont purement imaginaires, la linéarisation ne nous permet pas de conclure.

On prévoit un centre, pour cela on cherche une intégrale première telle que

so it $H : \mathbb{R}^2 \to \mathbb{R}$, $\forall x, y \ge 0$ et H(x(t), y(t)) = cste.

On effectue le calcul formel suivant :

$$\frac{x'}{y'} = \frac{x(a-by)}{y(-c+dx)}$$

Par séparation des variables :

$$\frac{x'(-c+dx)}{x} = \frac{y'(a-by)}{y}$$
$$-c\frac{x'}{x} + dx = a\frac{y'}{y} - by'$$

ce qui donne :

$$-c\ln(x) + dx - a\ln(y) + by = cste$$

On pose :

$$H(x(t), y(t)) = -c\ln(x) + dx - a\ln(y) + by$$

est une intégrale première si :

$$\frac{\partial H(x(t), y(t))}{\partial t} = 0$$

on a :

$$\frac{\partial H(x(t), y(t))}{\partial t} = \frac{\partial H}{\partial x} \frac{\partial x}{\partial t} + c \frac{\partial y}{\partial t}$$

= $(-\frac{c}{x} + d)(xa - xby) + (-\frac{a}{y} + b)(-cy + dxy)$
= $-ca + cbyx + dxa - xbyd + ca - dxa - bcy + bdxy$
= 0

Donc H(x(t), y(t)) est bien une intégrale première

$$\nabla H(x(t), y(t)) = \left(\begin{array}{c} \frac{\partial H}{\partial x}, & \frac{\partial H}{\partial y}\end{array}\right)^{\top}$$
$$= \left(\begin{array}{c} -\frac{c}{x} + d, & -\frac{a}{y} + b\end{array}\right)^{\top}$$

on calcule :

$$\nabla H(\frac{c}{d},\frac{a}{b}) = \begin{pmatrix} -d+d, & -b+b \end{pmatrix}$$
$$= \begin{pmatrix} 0 & 0 \end{pmatrix}$$

on calcule la matrice hessienne

$$H(x(t), y(t)) = \begin{pmatrix} \frac{\partial^2 H}{\partial x^2} & \frac{\partial^2 H}{\partial y \partial x} \\ \frac{\partial^2 H}{\partial x \partial y} & \frac{\partial^2 H}{\partial y^2} \end{pmatrix}$$
$$= \begin{pmatrix} -\frac{c}{x^2} & 0 \\ 0 & \frac{a}{y^2} \end{pmatrix}$$

évaluée au point $(\frac{c}{d}, \frac{a}{b})$.

$$H(\frac{c}{d},\frac{a}{b}) = \begin{pmatrix} \frac{d^2}{c} & 0\\ 0 & \frac{b^2}{a} \end{pmatrix}$$

avec

$$H(x(t), y(t)) = H(x^*, y^*) + \frac{1}{2} \frac{\partial^2 H(x^*, y^*)}{\partial x^2} (x - x^*)^2 + \frac{1}{2} \frac{\partial^2 H(x^*, y^*)}{\partial y^2} (y - y^*)^2 + o(h)^2$$

On a

$$H(x(t), y(t)) - H(x^*, y^*) > 0$$

On peut dire que $(\frac{c}{d}, \frac{a}{b})$ est un minimun, il en résulte que les trajectoires sont fermées autour des points d'équilibres, d'où la conservation des centres.

1.2 Différents types de fonctions réponse

Après avoir présenté le modèle de Lotka-Volterra, qui est l'expression la plus basique et donc la moins réaliste de l'interaction entre proies et prédateurs, nous allons à présent s'intéresser à la forme générale des modèles proie-prédateur donnés par

$$\begin{cases} x' = f(x) - h(x, y) \\ y' = g(y) + eh(x, y) \end{cases}$$

la fonction réponse $\Phi(x, y)$ est la sivante :

$$\Phi(x,y) = \frac{h(x,y)}{y}$$

Dans le cas particulier du modéle de Lotka-volterra, la fonction h(x, y) = axy et il vient donc

$$\Phi(x,y) = ax$$

Cependant, il est évident que cette fonction réponse est irréaliste.

En effet Φ est propotionnelle a x, on doit plutot s'attendre à une limitation du nombre de proies tuées par un prédateur même si la densitée des proies est grande.

Les capacités physiologiques d'absorption de proie par un prédateur sont limitées, et même si un grand nombre de proies est disponibles, un prédateur ne pourra pas absorber un nombre de proie supérieur à cette limite, il est plus réaliste de concevoir une fonction réponse présentant un effet de saturation avec la densitée des proies.

1.2.1 Exemple.1

Modèle proie-prédateur de Holling

Extension plus réaliste : $\Phi(x,y) = \frac{ax}{x+D}$

$$\begin{cases} x' = rx(1 - \frac{x}{k}) - \frac{axy}{x+D} \\ y' = -my + \frac{eaxy}{x+D} \end{cases}$$

posons b = ea

Le système précédent devient :

$$\begin{cases} x' = rx(1 - \frac{x}{k}) - \frac{axy}{x+D} \\ y' = -my + \frac{bxy}{x+D} \end{cases}$$

k : capacité limite de la population des proies. Les paramètres *r*, *a*, *m*, *D*, *b* sont positifs. Point d'équilibre : Isoclines zéro sont données par :

$$(x' = 0) \Rightarrow (x = 0 \text{ ou } y = \frac{r}{a}(1 - \frac{x}{k})(x + D))$$

(y' = 0) $\Rightarrow (y = 0 \text{ ou } x = \frac{mD}{b - m} \text{avec } b > m)$

On a deux cas :

1er cas : si $\frac{mD}{b-m} < k$, il y a trois points d'équilibre (0,0), (K,0), (x^*, y^*) .

2 éme cas : si $\frac{mD}{b-m} > k$, il y a deux points d'équilibre (0,0), (K,0).

1.2.2 Stabilité des points d'équilibre

On calcule la matrice Jacobienne

$$J(x,y) = \begin{pmatrix} r - \frac{2rx}{k} - \frac{aDy}{(x+D)^2} & -\frac{ax}{x+D} \\ \frac{bDy}{(x+D)^2} & -m + \frac{bx}{x+D} \end{pmatrix}$$

Le point d'équilibre (0,0)

$$J(0,0) = \left(\begin{array}{cc} r & 0\\ 0 & -m \end{array}\right)$$

les valeurs propres sont donc $\lambda_1 = r$, $\lambda_2 = -m$, qui sont donc de signe opposé, et par suite (0, 0) est un point selle.

Le point d'équilibre (*k*, 0)

$$J(k,0) = \begin{pmatrix} -r & -\frac{ak}{k+D} \\ 0 & -m + \frac{bk}{k+D} \end{pmatrix}$$

si

$$-m + \frac{bk}{k+D} < 0(K < \frac{mD}{b-m})$$

donc trJ(k, 0) est négative. det J(k, 0) > 0alors (k, 0) est un noeud stable.

$$-m + \frac{bK}{K+D} > 0(k > \frac{mD}{b-m})$$

trJ(k,0)>0

$$\det J(k,0)>0$$

alors (k, 0) est un noeud instable.

Le point d'équilibre (x^*, y^*)

$$J(x^*, y^*) = \begin{pmatrix} r - \frac{2rx^*}{k} - \frac{aDy^*}{(x^* + D)^2} & -\frac{ax^*}{x + D} \\ \frac{bDy^*}{(x^* + D)^2} & 0 \end{pmatrix}$$
$$\det J(x^*, y^*) = \frac{ax^*bDy^*}{(x^* + D)^3}$$

$$trJ(x^*, y^*) = r - \frac{2rx^*}{k} - \frac{aDy^*}{(x^* + D)^2}$$

on a :

$$y^* = \frac{r}{a}(1 - \frac{x^*}{k})(x^* + D).....(*)$$

On remplace y^* dans (*)

$$trJ(x^*, y^*) = r - \frac{2rx^*}{k} - \frac{rD}{x^* + D} + \frac{rDx^*}{k(x^* + D)}$$
$$= \frac{rx^*}{k} (\frac{k - D - 2x^*}{x^* + D})$$

On suppose que k > D

$$trJ(x^*, y^*) > 0 \Rightarrow k - D - 2x^* > 0 \Rightarrow x^* < \frac{k - D}{2}(k > D)$$

$$trJ(x^*, y^*) < 0 \Rightarrow x^* > \frac{k - D}{2}$$

on a

$$y = \frac{r}{a}(1 - \frac{x}{k})(x + D)$$

si

on calcule la dérivée de *y* :

$$y'(x) = 1 - 2\frac{x}{k} - \frac{D}{k}$$
$$= 0$$

ce qui implique que

$$2\frac{x}{k} = \frac{k - D}{k}$$

donc on a

$$x^{\hat{}} = \frac{k - D}{2}$$

Le sommet de la parabole qui est isocline verticale.

si $x^* > x^{\hat{}} : trJ(x^*, y^*) > 0$ est donc (x^*, y^*) est stable. si $x^* < x^{\hat{}} : trJ(x^*, y^*) > 0$ est donc (x^*, y^*) est instable.

1.2.3 Exemple.2

Modèle proie-prédateur de Beddington

$$\Phi(x,y) = \frac{ax}{1+bx+cy}$$

$$\begin{cases} x' = rx - \frac{axy}{1+bx+cy} \\ y' = -my + \frac{eaxy}{1+bx+cy} \end{cases}$$

Points d'équilibre : Les isoclines zéro verticales :

$$(x'=0) \Rightarrow (x=0 \text{ ou } y = \frac{r}{a-rc}(1+bx))$$

Les isoclines zéro horizontales :

$$(y'=0) \Rightarrow (y=0 \text{ ou } y = \frac{1}{mc}((ea-mb)x-m))$$

Stabilité des points d'équilibre On considère la matrice Jacobienne

$$J(x,y) = \begin{pmatrix} r - \frac{(ay(1+bx+cy)-baxy)}{(1+bx+cy)^2} & \frac{(ax(1+bx+cy)-caxy)}{(1+bx+cy)^2} \\ \frac{(eay(1+bx+cy)-baxy)}{(1+bx+cy)^2} & -m + \frac{(eax(1+bx+cy)-caxy)}{(1+bx+cy)^2} \end{pmatrix}$$

Le point d'équilibre (0,0)

$$J(0,0) = \left(\begin{array}{cc} r & 0\\ 0 & -m \end{array}\right)$$

Les valeurs propres sont $\lambda_1 = r$ et $\lambda_2 = -m$, de signe opposé, alors (0,0) est un point selle.

Le point d'équilibre (x^*, y^*) :

$$J(x^*, y^*) = \frac{1}{(1+bx^*+cy^*)^2} \begin{pmatrix} abx^*y^* & -ax^*(1+bx^*) \\ eay^*(1+cy^*) & eacy^*x^* \end{pmatrix}$$

on calcule le determinant :

$$\det J(x^*, y^*) = \frac{ea^2y^*x^* + eay^*x^{*2}b + ea^2y^{*2}cx^*}{(1 + bx^* + cy^*)^2} > 0$$

on calcule la trace :

$$trJ(x^*, y^*) = \frac{ay^*x^*(b - ec)}{(1 + bx^* + cy^*)^2}$$

Nous avons tois cas :

si b > ec implique que $trJ(x^*, y^*) > 0$ alors l'équilibre (x^*, y^*) est instable.

si b < ec implique que $trJ(x^*, y^*) < 0$ alors l'équilibre (x^*, y^*) est stable.

si b = ec implique que $trJ(x^*, y^*) = 0$ donc les valeurs propores sont purement imaginaires, on démontre la conservation des centres, pour cela il est possible de construire une intégrale première ; en considérant la fonction :

$$H(x,y) = eax - m\ln(x) + ay - r\ln(y) - bx - cy + \ln(bx + cy)$$

1.2.4 Exemple.3

Modèle de compétition interspécifique

Soit deux populations *x*,*y* en interaction de compétition, bien que cela ne fasse pas partie des systèmes proie-prédateur, nous l'incluons dans cette introcuction, car si si l'on considère des systèmes avec deux populations de prédateurs et une population de proie, ou encore une population de prédateur et deux populations de proies (comme cela sera fait dans le dernier chapitre) il y a souvent apparition de compétition entre les deux populations de même espèce.

$$\begin{cases} x' = r_1 x (1 - \frac{x}{k_1} - \alpha \frac{y}{k_1}) \\ y' = r_2 y (1 - \frac{y}{k_2} - \alpha \frac{x}{k_2}) \end{cases} #.2$$

 r_1 , r_2 Les taux de croissance respectifs des deux populations.

 k_1 , k_2 Les capacités limites de deux populations.

 α , β > 0 caractérisent la force de compétition exercée par une population sur l'autre.

Posons :

$$u = \frac{x}{k_1} \text{ et } v = \frac{y}{k_1}$$

alors,
$$u' = \frac{x'}{k_1} \text{ et } v' = \frac{y'}{k_1}$$

donc on a

$$\begin{cases} k_1 u' = r_1 k_1 u (1 - u - \alpha \frac{k_2}{k_1} v) \\ k_2 v' = r_2 k_2 v (1 - v - \beta \frac{k_1}{k_2} u) \end{cases}$$

on pose : $a = \alpha \frac{k_2}{k_1}, b = \beta \frac{k_1}{k_2}$

$$\begin{cases} u' = \frac{du}{dt} = r_1 u (1 - u - av) \\ v' = \frac{dv}{dt} = r_2 v (1 - v - bu) \end{cases}$$

On effectue aussi le changement de l'échelle du temps, en posant :

 $r = r_1 t$ $dr = r_1 dt$ $\begin{cases} r_1 \frac{du}{dr} = r_1 u (1 - u - av) \\ r_2 \frac{dv}{dr} = r_2 v (1 - v - bu) \end{cases}$

Le système (#.2) devient :

$$\begin{cases} \frac{du}{dr} = u(1 - u - av)\\ \frac{dv}{dr} = rv(1 - v - bu) \end{cases}$$

avec $r = \frac{r_1}{r_2}$

Points d'équilibre

Les isoclines zéro :

$$(\frac{du}{dr} = 0) \Rightarrow (u = 0 \text{ ou } u = 1 - av) \Rightarrow (v = \frac{1}{a}(1 - u))$$

$$(\frac{dv}{dr} = 0) \Rightarrow (v = 0 \text{ ou } v = 1 - bu) \Rightarrow (u = \frac{1}{b}(1 - v))$$

Les étas d'équilibres : si
$$\begin{cases} a < 1, b > 1 \\ et , \\ a > 1, b < 1 \end{cases}$$

ce qui implique qu'on a trois états d'équilibre (0,0),(1,0),(0,1). a < 1,b < 1 et , si

ce qui implique qu'on a quatre points d'équilibre $(0, 0), (1, 0), (0, 1), (u^*, v^*)$.

En plus de l'existence (u^*, v^*) on devra imposer la condition de positivité $u^* > 0$ et $v^* > 0$.

 $u^* > 0$ et $v^* > 0$ si et seulement si $\begin{cases} a < 1, b < 1 \\ et \\ a > 1, b > 1 \end{cases}$ avec $[u^* = \frac{1-a}{1-ba}], [v^* = \frac{1-b}{1-ba}].$

Etude de la stabilité

$$J(u,v) = \begin{pmatrix} 1-2u-av & -au \\ -rbv & r(1-2v-bu) \end{pmatrix}$$

Le point d'équilibre (0,0) :

$$J(0,0) = \left(\begin{array}{cc} 1 & 0\\ 0 & r \end{array}\right)$$

alors $\lambda_1 = 1 > 0$, $\lambda_2 = r > 0$ donc le point d'équilibre (0,0) est instable.

Le point d'équilibre (1,0) :

$$J(1,0) = \left(\begin{array}{cc} -1 & -a \\ 0 & r(1-b) \end{array}\right)$$

 $\det J(1,0) = -r(1-b)$

si b < 1 implique que det J(1,0) < 0 donc le point d'équilibre (1,0) est un point-selle.

si b > 1 implique que det J(1,0) > 0 et trJ(1,0)donc le point d'équilibre (1,0) est un noeud-stable.

Le point d'équilibre (0, 1) :

$$J(0,1) = \left(\begin{array}{cc} 1-a & 0\\ -rb & -r \end{array}\right)$$

si a < 1 implique que det J(0, 1) < 0 donc le point d'équilibre (0, 1) est un point selle.

si a > 1 implique que det J(0,1) > 0 et trJ(0,1) < 0 donc le point d'équilibre (0,1) est un neoud-stable.

Le point d'équilibre (u^*, v^*) : Dans les cas :

$$\begin{cases} a < 1, b < 1 \\ et \\ a > 1, b > 1 \end{cases}$$
$$J(u^*, v^*) = \begin{pmatrix} -u^* & -au^* \\ -rbv^* & -rv^* \end{pmatrix}$$
$$tr J(u^*, v^*) < 0 \\ det J(u^*, v^*) = r(1 - ab)u^*v^* \end{cases}$$

si ab < 1 alors det $J(u^*, v^*) > 0$ implique que (u^*, v^*) est un noeud-stable.

si ab > 1 alors det $J(u^*, v^*) < 0$ implique que (u^*, v^*) est un noeud-stable.

Le modèle proie-prédateur incorporant un refuge pour les proies

Ce chapitre est librement et largement inspiré de l'article [5]

Nous avons vu dans le chapitre 1 une présentation de différents modèles proie-prédateur ainsi qu'une analyse complète de la stabilite des points d'équilibre.

Dans ce deuxième chapitre, nous allons reprendre un modèle, qui prend en compte la présence d'un refuge pour les proies. Ce refuge représente une protection pour les proies qui ne peuvent plus être attrapées par les prédateurs.

Ce système est considéré comme une limitation du nombre du proies dans l'évolution d'un système proie-prédateur ce qui va changer le comportement dynamique de ce système, mais il ne va pas affecter la stabilité des points d'équilbre.

En premier lieu on donne la représentation mathématique du système en fonction du temps, on considère le modèle proie-refuge. Ensuite en étudié la stabilitée locale des points d'équilibre par la méthode Jacobienne qui est basée sur la linéarisation du systéme.

On considére le modéle suivant :

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = \alpha x (1 - \frac{x}{k}) - \frac{\beta (1 - m) y x}{1 + a (1 - m) x}, \\ \frac{dy}{dt} = -\gamma y + \frac{c\beta (1 - m) x y}{1 + a (1 - m) x}, \end{cases}$$
(2.1)

où *x*, *y* représentent les proies et les prédateurs respectivement par unité du temps.

 α , k, γ , β , a, c sont des constantes positives.

 α : représente le taux de croissance de la proie.

k : représente la capacité limite du milieu des proies.

 γ : représente le taux de mortalité par unité de temps.

 $\frac{\beta}{\alpha}$: le nombre maximal des proies que les prédateurs peuvent manger par unité de temps.

 $\frac{1}{a}$: la densité des proies nécéssaires pour atteindre $\frac{1}{2}$ du taux.

c : est un facteur de conversion dénotant le nombre des nouveaux nés du prédateur pour tels captures des proies.

Le terme $\frac{\beta x}{1+ax}$ représente la fonction réponse des prédateurs, c'est en réalité une fonction de Holling type II.

mx l'espace de protection des proies, où $m \in [0, 1]$ =constante.

2.1 RESULTATS DE BASE

Pour assurer l'éxistence et l'unicité des solutions du système (2.1) on cherche la solution dans l'espace

 $R^2 = \{x, y, x > 0, y > 0\}$, alors tous les résultats standards d'existence, d'unicité et de dépendance continue qui par rapport aux conditions initiales sont satisfaits.

2.2 Les points d'équilibre

Maintenant on va étudier l'existence du point d'équilibre du système (2.1). Particulièrement on est intéréssé par le point d'équilibre intérieur au quadrant positif. Puisque le paramètre m de protection est un paramètre du système (2.1) alors l'existence de ce point d'équilibre va certainement dépendre des valeurs prises par le paramètre m

Il y a trois points d'équilbre :

(i)-Le point d'équilibre trivial $p_0(0,0)$.

(ii)-l'équilbre en l'absence des prédateurs (y = 0), $p_1(k, 0)$.

(iii)-Le point d'équilibre $p_2(x^*, y^*)$, où

 $x^* = \frac{\gamma}{(c\beta - \gamma a)(1-m)} \quad , \quad y^* = \frac{\alpha c}{k} \left[\frac{k(c\beta - \gamma a)(1-m) - \gamma}{\{(c\beta - \gamma a)(1-m)\}^2} \right].$

pour que $p_2(x^*, y^*)$ appartienne au quadrant positif il est nécessaire d'avoir :

 $x^* > 0$ qui implique $(c\beta > \gamma a)$.

 $y^* > 0$ qui implique $0 \le m < 1 - \frac{\gamma}{k(c\beta - \gamma a)}$.

2.3 Solutions bornées

Le fait que les solutions du système soient bornées est prouvé dans le théoréme suivant :

Théorème 2.1 *Toutes les solutions du système (2.1) qui commencent dans R*²₊ *sont uniformément bornées.*

Démonstration. On définit la fonction $w = x + \frac{1}{c}y$, par dérivation par rapport au temps.

$$\frac{dw}{dt} = \frac{dx}{dt} + \frac{1}{c}\frac{dy}{dt} = \alpha x(1 - \frac{x}{k}) - \frac{\beta(1 - m)xy}{1 + a(1 - m)x} - \frac{\gamma}{c}y + \frac{\beta(1 - m)x}{1 + a(1 - m)x}$$

Pour tout v > 0 on a

$$\frac{dw}{dt} + vw \leq \frac{k}{4\alpha}(v+\alpha)^2 - \frac{1}{c}(\gamma-v).$$

Maintenant , si on choisit $v < \gamma$, alors la partie droite de l'inégalité est bornée pour tous les $(x, y) \in R^2_+$. Donc on choisit $\mu > 0$, tel que

$$\frac{dw}{dt} + vw < \mu.$$

En utilisant un facteur intégrant dans l'inégalité différentielle précédente, on obtient :

$$0 < w(x,y) < \frac{\mu}{v}(1-e^{-vt}) + w(x(0),y(0))e^{-vt},$$

Donc, lorsque $t \to \infty$ implique que $0 < w < (\frac{\mu}{v})$. On a donc que toutes les solutions du système (2.1) commençant dans R^2_+ restent dans une région β , où $\beta = \{(x, y) \in R^2_+ : w = \frac{\mu}{v} + \varepsilon, \forall \varepsilon > 0\}$.

2.4 Etude de la stabilité des points d'équilibre

On considère la matrice jacobienne :

$$J(x,y) = \begin{pmatrix} \frac{-2\alpha x}{k} + \alpha & \frac{\beta(1-m)x}{1+a(1-m)x} \\ \frac{c\beta(1-m)y[(1+a(1-m)x)-(1+a(1-m)]}{\{[1+a(1-m)x]\}^2} & -\gamma + \frac{c\beta(1-m)x}{1+a(1-m)x} \end{pmatrix}$$

2.4.1 Le point d'équilibre $p_0(0,0)$

$$J(0,0) = \left(\begin{array}{cc} \alpha & 0\\ 0 & -\gamma \end{array}\right)$$

Les valeurs propres sont :

$$\lambda_1 = \alpha e t \lambda_2 = -\gamma$$

ces valeurs propres sont toujours de signe opposé, donc l'équilibre (0,0) est instable.

2.4.2 Le point d'équilibre $p_1(k, 0)$

$$J(k,0) = \begin{pmatrix} -\alpha & \frac{\beta(1-m)k}{1+ak(1-m)} \\ 0 & -\gamma + \frac{c\beta(1-m)k}{1+ak(1-m)} \end{pmatrix}$$

Les valeurs propres de cette matrice sont :

$$\lambda_1 = -\alpha$$
 et $\lambda_2 = -\gamma + \frac{c\beta(1-m)k}{1+ak(1-m)}$

Il y a deux cas :

Si $m > 1 - \frac{\gamma}{k(c\beta - a\gamma)}$ alors le point d'équilibre $p_1(k, 0)$ est un noeud stable.

Si $m \leq 1 - \frac{\gamma}{k(c\beta - a\gamma)}$ alors le point d'équilibre $p_1(k, 0)$ est un noeud instable.

On observe que lorsque p_2 existe, p_1 est instable.

2.4.3 Le point d'équilibre $p_2(x^*, y^*)$

$$J(x^*,y^*) = \begin{pmatrix} X & Y \\ Z & 0 \end{pmatrix}.$$

où $X = \alpha - \frac{2\alpha}{k} \frac{\gamma}{(c\beta - a\gamma)(1 - m)} - \frac{\alpha}{kc\beta(1 - m)} [k(c\beta - a\gamma)(1 - m) - \gamma],$ $Y = -\frac{\gamma}{c},$ $Z = \frac{\alpha}{k\beta(1 - m)} [k(c\beta - a\gamma)(1 - m) - \gamma].$ alors det $J(x^*, y^*) = XY > 0,$ $tr J(x^*, y^*) = X.$

Si $m > 1 - \frac{\gamma}{k(c\beta - \gamma a)} - \frac{cb}{ka(c\beta - \gamma a)}$ alors X < 0 donc $p_2(x^*, y^*)$ est localement asymptotiquement stable.

Si $m < 1 - \frac{\gamma}{k(c\beta - \gamma a)} - \frac{cb}{ka(c\beta - \gamma a)}$ alors X > 0 donc $p_2(x^*, y^*)$ est instable. Si $m = 1 - \frac{\gamma}{k(c\beta - \gamma a)} - \frac{cb}{ka(c\beta - \gamma a)}$ alors X = 0, il existe une solution périodique. (cycle limite au voisinage de $p_2(x^*, y^*)$).

2.5 Existence de cycle limite

Dans les systèmes proie-prédateur l'existence de cycles limites dépend souvent de l'existance et de la stabilité des points d'équilibre positifs. Si le point d'équilibre est asymptotiquement stable alors les cycles limites n'existent pas. Si le point d'équilibre positif existe et est instable, alors on peut espérer l'existence de cycle limite.

On va montrer que le systéme(2.1) a un cycle limite unique lorsque p_2 devient localement instable.

On réecrit le système (2.1) sous la forme :

$$\frac{dx}{dt} = xg(x) - yp(x), \quad x(0) > 0$$

$$\frac{dy}{dt} = y[-\gamma + q(x)], \quad y(0) > 0$$

avec
$$g(x) = \alpha(1 - \frac{x}{k}), \ p(x) = \frac{\beta(1-m)x}{1+a(1-m)x}, \ q(x) = \frac{c\beta(1-m)k}{1+ak(1-m)},$$

Le théorème suivant donne l'existence et l'unicité de cycle limite du système précédent

Théorème 2.2 Supposons dans le système précédent

$$\frac{d}{dx}\left(\frac{xg'(x) + g(x) - xg(x)\frac{p'(x)}{p(x)}}{-\gamma + q(x)}\right) \le 0$$

si $0 \le x < x^*$ ou $0 \le x^* < k$. Alors le système a exactement un seul cycle limite qui est globalement asymptotiquement stable par rapport à l'ensemble $\{(x,y) \mid x > 0, y > 0 \mid p_2(x^*,y^*)\}.$

Ce théorème est démontré dans [6].

En utilisant le théorème précédent, on peut montrer le théorème suivant :

Théorème 2.3 Si $m \leq 1 - \frac{\gamma}{k(c\beta - \gamma a)} - \frac{cb}{ka(c\beta - \gamma a)}$ alors le système (2.1) a exactement un seul cycle limitequi est globalement asymptotiquement stable en respectant l'ensemble $\{(x, y) \mid x > 0, y > 0 \mid p_2(x^*, y^*)\}$.

Démonstration. Il suffit de montrer que :

$$\frac{d}{dx}\left[\frac{x(-\frac{\alpha}{k})+\alpha(1-\frac{x}{k})-\alpha(1-\frac{x}{k})\frac{1}{1+a(1-m)x}}{-\gamma+\frac{c\beta(1-m)x}{1+a(1-m)x}}\right] \leq 0$$

ou encore

$$\frac{d}{dx}\left[\frac{x(2x+\frac{1}{a(1-m)}-k)}{x-\lambda}\right] \ge 0.$$
(2.2)

avec $\lambda = \frac{\gamma}{(c\beta - a\gamma)(1-m)}$

On va montrer (2.2) :

On dérive la formule $\frac{x(2x+\frac{1}{a(\&-m)}-k)}{x-\lambda}$ par rapport a *x* ce qui donne :

$$\begin{aligned} &\frac{(4x + \frac{1}{a(1-m)} - k)(x - \lambda) - x(2x + \frac{1}{a(1-m)} - k)}{(x - \lambda)^2} \\ &= \frac{4x^2 + \frac{1}{a(1-m)}x - kx - 4\lambda x - \frac{\lambda}{a(1-m)} + k\lambda - 2x^2 - \frac{x}{a(1-m)} + kx}{(x - \lambda)^2} \\ &= \frac{2x^2 - 4\lambda x + \lambda(k - \frac{1}{a(1-m)})}{(x - \lambda)^2} \\ &= \frac{x^2 - 2\lambda x + \lambda\left(\frac{k - \frac{1}{a(1-m)}}{2}\right)}{(x - \lambda)^2} \\ &= \frac{(x - \lambda)^2 + \lambda\left(\frac{k - \frac{1}{a(1-m)}}{2}\right) - \lambda^2}{(x - \lambda)^2} \end{aligned}$$

puisque le dénominateur est toujours positif il suffit de montrer que le numérateur est positif, c'est-à-dire

$$\left[(x - \lambda)^2 + \lambda \left(\frac{k - \frac{1}{a(1-m)}}{2} \right) - \lambda^2 \right] \ge 0$$

on a $(x - \lambda)^2 \ge 0$, donc il faut montrer que

$$\lambda\left(\frac{k-\frac{1}{a(1-m)}}{2}\right)-\lambda^2\geq 0$$

ce qui implique que

$$\lambda\left(\frac{k-\frac{1}{a(1-m)}}{2}\right) \ge \lambda^2$$

on divise par le paramétre λ qui est positif pour aboutir à :

$$\left(\frac{k-\frac{1}{a(1-m)}}{2}\right) \geq \lambda$$

On remplace le paramètre λ par sa formule et on obtient :

$$\left(\frac{k-\frac{1}{a(1-m)}}{2}\right) \geq \frac{\gamma}{(c\beta-a\gamma)(1-m)}$$

ce qui revient à :

$$m \le 1 - rac{\gamma}{k(c\beta - a\gamma)(1 - m)} - rac{c\beta}{ka(c\beta - a\gamma)}$$

En combinant tous ces résultat on obtient le théorème suivant :

Théorème 2.4 Si $c\beta > a\gamma$, alors les conditions sur *m* donne l'éxistence et la stabilité du point d'équilibre positif

$$1 - \frac{\gamma}{k(c\beta - a\gamma)(1 - m)} - \frac{c\beta}{ka(c\beta - a\gamma)} < m < 1 - \frac{\gamma}{k(c\beta - a\gamma)},$$

et l'existence d'un cycle limite stable quand

$$m \leq 1 - \frac{\gamma}{k(c\beta - a\gamma)(1 - m)} - \frac{c\beta}{ka(c\beta - a\gamma)}$$



Fig.1.Pour m=0.4,la courbe solution. La population converge vers le point d'équilibre.



Fig.2 .Le portrait de phase du système pour m=0.3.

Dynamique de la transmission des maladies infectueuses dans un écosystème proie-prédateur.

3.1 Rappel sur l'épidémiologie :

l'épidémiologie, qui est l'étude des maladies infectueuses est un domaine important où la modélisation a donné d'importants résultas permettant de trouver différent paramètres, le but de la modélisation en épidémiologie est de prédire l'évolution et la propagation de certaines maladies et de choisir les méthodes et les stratégies pour les éradiquer.

Et donc avant de modéliser, il faut avoir une image complète et réaliste sur la biologie de la maladie. Par exemple :

- La durée de la période d'infecteusitée.

- Immunisation après l'infection.

La deuxième étape est la collecte de données sur les caractéristiques démographiques, épidémiologiques et biologiques de l'infection (taux de transmission) et de la population (taux de naissance, taux de mortalité).

Et finalement la troisième étape consiste dans le choix du modèle.

3.1.1 Le taux de reproduction de base R_0

Définition 3.1 Le taux de reproduction de base, est défini comme étant le nombre moyen de nouveaux cas dinfection, engendrés par un individu infecté (au court de sa période

dinfectiosité). On renvoit le lecteur au papier [4] et les références présents dans sa bibliographie, pour une large description de cette notion et des différentes manières de calculer R_0 .

Si $R_0 < 1$ on peut (en général) intuitivement prévoir que la maladie va disparaitre de la population, par contre si $R_0 > 1$ alors on peut (en général) prévoir que la maladie va se propager dans la population.

Méthode générale pour calculer *R*₀

Une manière de calculer le taux de reproduction de base, voir [9], [4] et leurs références, « dans le cas d'un seul compartiment infecté, R_0 est simplement le produit du taux d'infection et de sa durée moyenne ». Lorsque le modèle est simple, c'est-à - dire un seul compartiment d'infectés, il est souvent possible de trouver une expression exacte de R_0 .

Lorsqu'il existe plusieurs compartiments représentant des individus infectieux, d'autres méthodes sont nécessaires, telle que la méthode nextgeneration matrix (« matrice de la génération suivante »). Dans l'approche de van den Driessche et Watmough à cette méthode, la population est divisée en *n* compartiments $x_1,...,x_n$ dont les *m* premiers représentent les individus infectés. Autrement dit, au lieu de s'intéresser à un seul compartiment d'individus infectés comme précédemment, la méthode considère que les individus infectés sont distribués sur *m* compartiments.

Il faut prendre deux aspects en compte ; premièrement, des individus peuvent avoir été nouvellement infectés, et proviennent ainsi de compartiments autre que les *m* premiers. Deuxièmement, les individus infectés peuvent se déplacer entre les compartiments infectés. Formellement, le taux d'individus nouvellement infectés rejoignant le compartiment *i* est dénoté $F_i(x)$. La différence entre les taux d'individus sortant et entrant dans le compartiment *i* par d'autres moyens que l'infection est noté $V_i(x)$. Déterminer l'évolution d'un compartiment dépend de tous les autres compartiments, ce qui conduit à l'expression du système par deux matrices carrées *F* et *V* de taille $m \times m$, définies par :

$$F = \left[\frac{\partial F_i}{\partial x_j}(x_0)\right]$$
$$V = \left[\frac{\partial V_i}{\partial x_j}(x_0)\right]$$
$$1 \le i, j \le m$$

Alors $R_0 = \rho(-FV^{-1})$ est le rayon spectral de $(-FV^{-1})$.

3.2 Quelques exemples de modèles épidiomologies

3.2.1 Le modèle S-I :

Dans ce modèle l'infection se propage par contact entre les individus, mais dans ce modèle, il n'y a pas de retirés (morts, isolés...)

C'est un modèle où tous les individus susceptibles deviennent infectés. Le modèle

$$S \beta I$$

 $\beta(t)$: est la constante de proportionnalité (taux d'infection, ou de contact) par unité de temps.

Les équations différentielles s'écrivent :

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta S(t)I(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta S(t)I(t) \end{cases}$$
(3.1)

Avec

$$S(0) + I(0) = N$$

on voit que $\frac{d(S(t)+I(t))}{dt} = 0$, ce qui implique que , S(t) + I(t) = constante = N.

Recherche du point d'équilibre de modéle S-I

$$S' = 0$$
 et $I' = 0$

on déduit deux points d'équilibres

$$(S_1^* = S_0 + I_0, I_1^* = 0)et(S_2^* = 0, I_2^* = S_0 + I_0)$$

le point d'équilibre (S_1^*, I_1^*) est le point appelé point "**non endémique**" car il n'y a pas de propagation de l'épidémie , s'il n'y a pas au moins un individu infectieux, quant au deuxième point c'est le point vers lequel la trajectoire va tendre ; donc c'est un équilibre dit "**asymptotique**". (On fera remarquer au lecteur que (0,0) est rejeté, car S + I = N)

3.2.2 Le modèle S-I-R dans une population fermée

Le modèle

$$S \beta I \alpha R$$

 $\beta(t)$: taux d'infection.

 $\alpha(t)$: taux de guérison.

 $1/\alpha$: durée moyenne de la maladie.

D'où le système :

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta S(t)I(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta S(t)I(t) - \alpha(t)I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} = \alpha(t)I(t) \end{cases}$$
(3.2)

avec S(0) + I(0) + R(0) = N

La aussi la taille de la population N est constante car quand on additionne les équations de (3.2) on obtient

$$N'(t) = S'(t) + I'(t) + R'(t) = 0$$

donc N(t) = constante. Ainsi les fonctions positives *S*, *I* et *R* sont majorées par N. Les deux premières équations du système ne faisant pas intervenir R, l'étude de ce système peut se ramener a celle du système suivant :

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta S(t)I(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta S(t)I(t) - \alpha(t)I(t) \end{cases}$$
(3.3)

3.2.3 Les points d'équilibre du modéle S-I-R

So t $\frac{dS(t)}{dt} = S'(t) = 0$ et $\frac{dI(t)}{dt} = I'(t) = 0$

On obtient deux points d'équilibre (N,0) et $(\frac{\alpha}{\beta},0)$. (On fera remarquer au lecteur que (0,0) est rejeté)

3.2.4 Le nombre de reproduction de base R_0

$$F(S,I) = \beta SI$$
$$V(S,I) = -\alpha I$$

on calcule la dérivée de F par rapport à I et V par rapport à I on obtient

$$F(S,I) = \beta S$$
$$V(S,I) = -\alpha$$

On calcule *F* et *V* dans (*N*, 0) on obtient :

$$F(S,I) = \beta N$$
$$V(S,I) = -\alpha$$

donc $R_0 = \rho(-FV^{-1})$ le rayon spectral, soit que

$$R_0 = \frac{\beta N}{\alpha}$$

Si $R_0 < 1$ on a extinction par contre si $R_0 > 1$ on a l'épidémie.

Le modèle S-I-R-S (sans naissance-mort) 3.2.5

Le modèle

$$S \not \land I \not \land R \not \land S$$

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta S(t)I(t) + \delta(t)R(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta S(t)I(t) - \alpha(t)I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} = \alpha(t)I(t) - \delta(t)R(t) \end{cases}$$
(3.4)

$$S(0) + I(0) + R(0) = N$$

N'(t) = S'(t) + I'(t) + R'(t) = 0

Dans ce cas aussi ce système se réduit au système suivant

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = (-\beta S(t) - \delta)I(t) + \delta(t)(N - S(t))\\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta S(t)I(t) - \alpha(t)I(t) \end{cases}$$

avec $0 \le S(t) + I(t) \le N, \forall t \ge 0, S(0) + I(0) + R(0) = N.$

3.2.6 Les points d'équilibre du modèle S-I-R-S

Après calcul de S' = 0 et I' = 0, on déduit la présence de deux points d'équilibres $p_1^*(N,0), p_2^*(\frac{\alpha}{\beta}, \frac{\delta}{\alpha} \frac{\beta N - \alpha}{\alpha})$ p_1^* existe toujours mais p_2^* existe si et seulement $\beta N-\alpha \geq 0$

Le nombre de reproduction de base R_o 3.2.7

Pour calculer le *R*⁰ on reprend la même méthode du modèle précédent. Donc $R_0 = \frac{BN}{\alpha}$.

Stabilité des points d'équilibres 3.2.8

Soit la matrice Jacobienne :

$$J(S,I) = \begin{pmatrix} -\beta I - \delta & -\delta - \beta S \\ \beta I & \beta S - \alpha \end{pmatrix}$$

Stabilité du point p₁^{*} :

$$Jp_1^* = \left(\begin{array}{cc} -\delta & -\delta - \beta N \\ 0 & \beta N - \alpha \end{array}\right)$$

La matrice étant diagonale, les valeurs propres sont $\lambda_1 = -\delta$, $\lambda_2 = \beta N - \alpha$

donc $trace(Jp_1^*) = -\delta + \beta N - \alpha$ et $Det(Jp_1^*) = -\delta(\beta N - \alpha) > 0$ si $(\beta N - \alpha) < 0$

Soit $R_0 = \frac{\beta N}{\alpha}$, alors le point d'équilibre $p_1^*(N, 0)$ est un noeud stable si et seulement $R_0 < 1$, et dans ce cas p_2^* n'existe pas.

3.2.9 Stabilité du point p_2^* :

Nécéssairement $\beta N - \alpha \ge 0$ équivalent à $R_0 > 1$. la matrice Jacobienne au point $p_2^*(\frac{\alpha}{\beta}, \frac{\delta}{\alpha} \frac{\beta N - \alpha}{\alpha})$

$$Jp_1^* = \begin{pmatrix} -(\beta I_2^* + \delta) & -(\alpha + \delta) \\ \beta I_2^* & 0 \end{pmatrix}$$

soit $trace(Jp_2^*) = -(\beta I_2^* + \delta)$ et $Det(Jp_1^*) = \beta(\alpha + \delta)I_2^*$.

Alors $trace(Jp_2^*) < 0$, $Det(Jp_2^*) > 0$ ce qui signifie que p_2^* est localement stable. Mais n'oublions pas que cele signifie aussi que $R_0 > 1$. Mais dans ce cas p_1^* existe toujours et est donc instable.

3.3 Présentation du modèle

Dans cette section on va examiner le cas de la modélisation mathématique de la propagation de la maladie (infection) dans les écosystèmes proie-prédateur. On présentera les hypothèses et les équations du modèle et on décrira les différents paramètres et variables du modéle, et enfin on effectuera l'analyse qualitative de ce dernier. Cette partie est essentiellement inspirée de [2].

3.3.1 Les hypothèses du modèle

On examine l'évolution d'un système proie-prédateur en la présence d'une maladie infectueuse.

On fait les hypothèses suivantes :

- Ho La maladie touche initialement les proies tel que les proie sont considérés comme porteurs de la maladies. Le taux de naissance relatif aux proies infectées reste le même que les proies non infectées.
- H1 La maladie est mortelle pour les prédateurs quand ils sont infectés.
- H2 La maladie se propage dans la population de proies par contact, le taux d'infection est proportionnel à la population infectée et susceptible.
- H3 Les prédateurs ne font aucune différence entre les proies infectées et les proies non infectées.
- H4 Les prédateurs deviennent infectés en consommant des proies infectées. Le taux d'infection des prédateurs est proportionnel au produit des proies infectées et des prédateurs susceptibles.

On considère alors le modèle suivant :

$$\begin{cases} \frac{ds_2}{dt} = -a_1s_2 + b_1s_2s_1 - c_1s_2I_1\\ \frac{ds_1}{dt} = a_2s_1 - b_2s_2s_1 - c_2s_1I_1 + d_2I_1\\ \frac{dI_1}{dt} = a_2I_1 - b_2s_2I_1 + c_2s_1I_1 - d_2I_1 \end{cases}$$
(3.5)

- $s_2(t)$: La taille des prédateurs sucseptibles à l'instant t.
- $s_1(t)$: La taille des proies sucseptibles à l'instant t.
- $I_1(t)$: La taille des proies infectées à l'instant t.

les paramètres $a_1, b_1, c_1, a_2, b_2, c_2, d_2$ sont positifs, avec :

 a_1 : Taux de mortalité des prédateurs par unité de temps.

 b_1 : Nombre de contacts entre les proies susceptibles et les prédateurs susceptibles par unité de temps.

*b*₂ : Nombre de contacts entre les prédateurs sucseptibles et les proies infectées par unité de temps.

 c_1 : Nombre de contacts entre les prédateurs susceptibles et les proies infectées par unité de temps.

 c_2 : Taux de transmission de la maladie entre les proies susceptibles et les proies infectées.

 d_2 : Taux de guérison des proies qui redeviennent encore une fois susceptibles.

 a_2 : Taux de naissance des proies (infectées et non infectées) par unité de temps.

3.3.2 Les points d'équilibres

En calculant les points d'équilibre du système (3.5), on trouve que

 $(s_2^*, s_1^*, I_1^*) = (0, 0, 0)$ et le point endimique $(s_2^*, s_1^*, I_1^*) = (\frac{a_1}{b_2}, \frac{d_2}{c_2}, \frac{-a_1c_2+b_1d_2}{c_1c_2}),$

3.3.3 La nature des points d'équilibre

On calcule la matrice Jacobienne du système (3.5).

$$J(s_2^*, s_1^*, I_1^*) = \begin{pmatrix} -a_1 + b_1 s_1 - c_1 I_1 & b_1 s_2 & -c_1 s_2 \\ -b_2 s_1 & a_2 - b_2 s_2 - c_2 I_1 & -c_2 s_1 + d_2 \\ -b_2 I_1 & c_2 I_1 & a_2 - b_2 s_2 + c_2 s_1 - d_2 \end{pmatrix}$$

Le point d'équilibre (0,0,0) :

On calcule la matrice Jacobienne au point (0,0,0)

$$J(0,0,0) = \left(\begin{array}{rrrr} -a_1 & 0 & 0\\ 0 & a_2 & d_2\\ 0 & 0 & a_2 - d_2 \end{array}\right)$$

On calcule la trace et le détérminant, on trouve que

Trace J =
$$2a_2 - a_1 - d_2$$

det(J) = $a_1a_2d_2 - a_1a_2^2$

En analysant le signe du déterminant dans chacun des cas suivant, on arrive à donner la nature de ce point d'équilibre.

- (i) Si $2a_2 a_1 d_2 < 0$ et $a_1a_2d_2 a_1a_2^2 > 0$ alors le point d'équilibre (0, 0, 0) est assymptotiquement stable.
- (ii) Si $2a_2 a_1 d_2 = 0$ et $a_1a_2d_2 a_1a_2^2 > 0$ alors le point d'équilibre (0,0,0) est stable.
- (iii) Si $2a_2 a_1 d_2 > 0$ ou $a_1a_2d_2 a_1a_2^2 < 0$ alors le point d'équilibre (0, 0, 0) est un piont-selle.
- (iv) Si $-a_1 < 0, a_2 < 0$ et $a_2 d_2 < 0$ le point d'équilibre (0, 0, 0) est un noeud stable.
- (v) Si $-a_1 > 0, a_2 > 0$ et $a_2 d_2 > 0$ le point d'équilibre (0, 0, 0) est un noeud instable.
- (vi) Si $-a_1 < 0, a_2 < 0$ ou $a_2 d_2 > 0, -a_1 > 0, a_2 > 0$ et $a_2 d_2 < 0$ $0, -a_1 > 0, a_2 < 0$ et $a_2 - d_2 > 0$ le point d'équilibre (0, 0, 0) est un point-selle.
- Le point d'équilibre $(\frac{a_1}{b_2}, \frac{d_2}{c_2}, \frac{-a_1c_2+b_1d_2}{c_1c_2})$

On calcule la matrice Jacobienne dans le point $(\frac{a_1}{b_2}, \frac{d_2}{c_2}, \frac{-a_1c_2+b_1d_2}{c_1c_2})$:

$$J(\frac{a_1}{b_2}, \frac{d_2}{c_2}, \frac{-a_1c_2 + b_1d_2}{c_1c_2}) = \begin{pmatrix} -a_1 + b_1\frac{d_2}{c_2} + \frac{a_1c_2 - b_1d_2}{c_2} & a_2\frac{b_1}{b_2} & -c_1\frac{a_2}{b_2} \\ -b_2\frac{d_2}{c_2} & \frac{a_1c_2 - b_1d_2}{c_1} & 0 \\ \frac{b_2a_1c_2 - cd_2}{c_1c_2} & \frac{a_1c_2 - b_1d_2}{c_1} & 0 \end{pmatrix}$$

on a

$$TraceJ = \frac{a_1c_2 - b_1d_2}{c_1}$$

et
$$det(J) = \frac{a_2b_1b_2d_2^2}{c_1} - \frac{c_1a_2}{b_2}(\frac{a_1b_2b_1d_2^2}{c_2^2} - \frac{(a_1b_2c_2 - b_1d_2b_2)(a_1c_2 - b_1d_2)}{c_1^2c_1})$$

et on calcule aussi le descréminateur Δ

$$\Delta = (TraceJ)^2 - 4\det(J)$$

En analysant le signe du déterminant dans chacun des cas suivant, on arrive à donner la nature de ce point d'équilibre.

- (i) Si *TraceJ* < 0 et det(*J*) > 0 alors le point d'équilibre $(\frac{a_1}{b_2}, \frac{d_2}{c_2}, \frac{-a_1c_2+b_1d_2}{c_1c_2})$ est assymptotiquement stable.
- (ii) Si *TraceJ* = 0 et det(*J*) > 0 alors le point d'équilibre $(\frac{a_1}{b_2}, \frac{d_2}{c_2}, \frac{-a_1c_2+b_1d_2}{c_1c_2})$ est stable.
- (iii) Si Trace J > 0 ou det(J) < 0 alors le point d'équilibre $(\frac{a_1}{b_2}, \frac{d_2}{c_2}, \frac{-a_1c_2+b_1d_2}{c_1c_2})$ est instable.
- (iv) Si det(*J*) > 0 et $\Delta \succeq 0$ alors le point d'équilibre $(\frac{a_1}{b_2}, \frac{d_2}{c_2}, \frac{-a_1c_2+b_1d_2}{c_1c_2})$ est un point-selle.
- (v) Si *TraceJ* \neq 0 et $\Delta \geq 0$ alors le point d'équilibre $(\frac{a_1}{b_2}, \frac{d_2}{c_2}, \frac{-a_1c_2+b_1d_2}{c_1c_2})$ est un foyer (stable ou instable).

3.4 Le taux de reproduction de base R_0

Intuitivement on prend $R_0 = \frac{c_2}{d_2} = \frac{1}{s^*}$, et par la remarque suisvante et par l'analyse précédente, nous allons valider ce choix de R_0 ; en effet

Remarque 3.1

- (i) $SiR_0 < 1$, alors il n'y a pas d'équilibre positif (c.-à- d, extinction de la maladie ou de l'infection.)
- (ii) Si $R_0 > 1$, alors il y a un seul point d'équilibre positif $(s_2^*, s_1^*, I_1^*) = (\frac{a_1}{b_2}, \frac{d_2}{c_2}, \frac{-a_1c_2+b_1d_2}{c_1c_2})$, du système (3.5).



Fig.3.La population de prédateur susceptible par unité du temps.



Fig.4.On observe que la population de la proie infectée tend vers l'extinction.

	Chapitre 3.	Dynamique de la	transmission	des maladies	infectueuses	dans un	écosystème
38						proie	-prédateur.

.

Système proie-prédateur avec comportement de troupeau des proies

4.1 INTRODUCTION

Dans les systèmes proie-prédateur, les proies peuvent avoir différent mécanismes de défense pour se protéger des prédateurs, ou encore pour obtenir un avantage dans la concurrence intraspécifique. Dans ce chapitre nous allons analyser la dynamique d'un système proie-prédateur avec deux espèces de proies et une unique population de prédateurs, dans lequel les deux populations de proies sont en compétition pour les mêmes ressources. Il est aussi supposé que l'une des deux populations de proies présente un comportement de troupeau comme mécanisme de défense et l'autre population de proies rejette et diffuse des toxines comme mécanisme de défense.

Dans ce chapitre on reprend les résultats obtenus dans [7].

Pour formuler le modèle mathématique, on propose les hypothèses suivantes :

(1) *X* dénote la densité de la première population de proies.

Y dénote la densité de la deuxième population de proies.

Z dénote la densité de la population des prédateurs.

(2) En l'absence du prédateur les deux densitées des populations de proies croissent d'une manière logistique avec deux capacités (*N*, *K* > 0) et deux taux de croissance (*r*, *r*₁) > 0).

39

En utilisant les hypothèses précédentes on peut considérer le système suivant :

$$\begin{cases} \frac{dX}{dt} = rX(1 - \frac{X}{N}) - a_1\sqrt{X}Y - c_1\sqrt{X}Z\\ \frac{dY}{dt} = r_1Y(1 - \frac{Y}{K}) - e_1a_1\sqrt{X}Y - d_1YZ\\ \frac{dZ}{dt} = \alpha_1c_1\sqrt{X}Z + \alpha_2dYZ - \mu_1Z \end{cases}$$
(4.1)

avec :

 a_1 : le coefficient de l'interaction entre les deux populations de proies X et Y.

 e_1 : représente la quantité de toxine produite par la proie (Y).

 c_1 : taux de prédation de la première espèce de proie.

 d_1 : taux de prédation de la deuxième espèce de proie.

 α_1 : taux de conversion de biomasse de la première proie.

 α_2 : taux de conversion de biomasse de la deuxième proie.

 μ_1 : taux de mortalité des prédateurs.

On explique la présence du terme \sqrt{X} , par le fait que cette population de proies se regroupe en un troupeau en forme de carré, ce qui fait qu'à chaque instant, un seul côté du carré est exposé, et donc l'interaction ne peut se faire qu'avec l'un des côté du rectangle, et du fait que la taille de la population X qui est regroupée en carré, donc $X = \sqrt{X}\sqrt{X}$.

On pose $P = \sqrt{X}$, le modèle (4.1) devient :

$$\begin{cases} \frac{dP}{dt} = \frac{r}{2}P(1-\frac{p^2}{N}) - \frac{a_1}{2}Y - \frac{c_1}{2}Z\\ \frac{dY}{dt} = r_1Y(1-\frac{Y}{k}) - e_1a_1PY - d_1YZ\\ \frac{dZ}{dt} = \alpha_1c_1PZ + \alpha_2d_1YZ - \mu_1Z. \end{cases}$$
(4.2)

On fait le changement de variable suivant :

$$x = \frac{P}{\sqrt{N}}, y = \frac{Y}{K}, z = Z,$$

$$\begin{cases} \frac{dp}{dt} = \sqrt{N}\frac{dx}{dt} = \frac{r}{2}x\sqrt{N}(1-x^2) - \frac{a_1}{2}yk - \frac{c_1}{2}z\\ \frac{dY}{dt} = k\frac{dy}{dt} = r_1yk(1-y) - e_1a_1\sqrt{N}kxy - d_1kyz\\ \frac{dZ}{dt} = \frac{dz}{dt} = \alpha_1c_1\sqrt{N}xz + \alpha_2d_1kyz - \mu_1z. \end{cases}$$

ce qui donne :

$$\frac{dx}{dt} = \frac{r}{2}x(1-x^2) - \frac{a_1k}{2\sqrt{N}}y - \frac{c_1}{2\sqrt{N}}z$$

$$\frac{dy}{dt} = r_1y(1-y) - e_1a_1\sqrt{N}xy - d_1yz$$

$$\frac{dz}{dt} = \alpha_1c_1\sqrt{N}xz + \alpha_2d_1kyz - \mu_1z,$$
(4.3)

on effectue aussi le changement de l'echelle temporelle en posant $\tau = \frac{rt}{2}$, le système (4.3) devient :

$$\begin{cases} \frac{r}{2}\frac{dx}{d\tau} = \frac{r}{2}x(1-x^2) - \frac{a_{1k}}{2\sqrt{N}}y - \frac{c_{1}}{2\sqrt{N}}z\\ \frac{r}{2}\frac{dy}{d\tau} = r_{1}y(1-y) - e_{1}a_{1}\sqrt{N}xy - d_{1}yz\\ \frac{r}{2}\frac{dz}{d\tau} = \alpha_{1}c_{1}\sqrt{N}xz + \alpha_{2}d_{1}kyz - \mu_{1}z, \end{cases}$$

 \Rightarrow

$$\frac{dx}{d\tau} = x(1-x^{2}) - \frac{a_{1}k}{r\sqrt{N}}y - \frac{c_{1}}{r\sqrt{N}}z
\frac{dy}{d\tau} = \frac{2r_{1}}{r}y(1-y) - \frac{-2e_{1}a_{1}\sqrt{N}}{r}xy - \frac{2d_{1}}{r}yz
\frac{dz}{d\tau} = \frac{\alpha_{1}c_{1}\sqrt{N}}{r}xz + \frac{2\alpha_{2}d_{1}k}{r}yz - \frac{2\mu_{1}}{r}z,$$

avec ce changement on obtient de nouveaux paramètres qui sont tous positifs

 $a = \frac{a_1 K}{r \sqrt{N}}, m = \frac{2r_1}{r}, e = \frac{2a_1 e_1 \sqrt{N}}{r}, d = \frac{2d_1}{r}, c = \frac{c_1}{r \sqrt{N}}, \alpha = \frac{2\sqrt{N}\alpha_1 c_1}{r}, \beta = \frac{2K\alpha_2 d_1}{r}, \mu = \frac{2\mu_1}{r}.$

donc le modèle initial (4.2) peut être réecrit comme suit :

$$\begin{cases} \frac{dx}{d\tau} = x(1-x^2) - ay - cz\\ \frac{dy}{d\tau} = my(1-y) - exy - dyz\\ \frac{dz}{d\tau} = \alpha xz + \beta yz - \mu z, \end{cases}$$
(4.4)

4.2 ETUDE QUALITATIVE DU SYSTÈME

4.2.1 les états d'équilibre

Le système (4.4) admet cinq points d'équilibre $E_0(0,0,0)$, $E_1(1,0,0)$, $E_2(\frac{\mu}{\alpha},0,\frac{\mu}{c\alpha}(1-\frac{\mu^2}{\alpha^2}))$, $E_3(x_3,y_3,0)$, $E_*(x_*,y_*,z_*)$.

On remarque que E_0 et E_1 existent toujours mais E_2 existe si la condition $\mu < \alpha$ est satisfaite.

Pour l'existence du point d'équilibre $E_3(x_{3,y_3,0})$, nous pouvons trouver en résolvant les deux équations suivantes :

$$\begin{cases} x_3(1-x_3^2) - ay_3 = 0\\ my_3(1-y_3) - ex_3y_3 = 0 \end{cases}$$

La positivité de y_3 nous donne $x_3 < \frac{m}{e}$.

Maintenant, à partir des deux équations précédentes, nous obtenons :

$$x_3^3 - (1 + \frac{ae}{m})x_3 + a = 0.$$

posons alors

$$f(x) = x_3^3 - (1 + \frac{ae}{m})x_3 + a$$

Par conséquent, nous avons f(0) = a, qui est positive et $f(\frac{m}{e}) = \frac{m^3}{e^3} - (1 + \frac{ae}{m})\frac{m}{e} = a = \frac{m^3}{e^3} - \frac{m}{e}$ qui est négative si $\frac{m}{e} < 1$. Alors, en appliquant le théorème des valeurs intermidières l'équation f(x) = 0 a une solution positive dans $(0, \frac{m}{e})$ et une autre solution x = 1 pour $\frac{m}{e} = 1$.

4.2.2 Etude de la stabilité des points d'équilibre

Pour étudier le point d'équilibre il faut calculer la matrice jacobienne alors

$$J(x,y,z) = \begin{pmatrix} 1-3x^2 & -a & -c \\ -ey & m-2my-ex-dz & -dy \\ \alpha z & \beta z & \alpha x + \beta y - \mu \end{pmatrix}$$

 $E_0(0,0,0)$ est un point-selle.

Démonstration. on calcule la matrice Jacobienne au point $E_0(0,0,0)$

$$J(0,0,0) = \begin{pmatrix} 1 & -a & -c \\ 0 & m & 0 \\ 0 & 0 & -\mu \end{pmatrix}$$

on a trois valeur propre $\lambda_1 = 1, \lambda_2 = m, \lambda_3 = -\mu$.

comme 1, *m* sont deux valeurs propres positives donc le point fixe $E_0(0,0,0)$ est un point-selle.

 $E_1(1,0,0)$ est un point-selle si m < e et $\alpha < \mu$.

Démonstration. La matrice Jacobienne au point $E_1(1,0,0)$ est donnée comme suit

$$J(1,0,0) = \begin{pmatrix} -2 & -a & -c \\ 0 & m-e & 0 \\ 0 & 0 & \alpha-\mu \end{pmatrix}$$

On a trois valeurs propres $\lambda_1 = -2$, $\lambda_2 = m - e$, $\lambda_3 = \alpha - \mu$, alors le point d'équilibre $E_1(1,0,0)$ est un noeud stable si m < e et $\alpha < \mu$.

 $E_2(\frac{\mu}{\alpha}, 0, \frac{\mu}{c\alpha}(1 - \frac{\mu^2}{\alpha^2})) \text{ est asymptotiquement stable si } \frac{1}{\sqrt{3}} < \frac{\mu}{\alpha} < 1 \text{ et}$ $\frac{d}{c} < \frac{e}{\sqrt{3}} - m \text{ ou } \frac{\mu}{\alpha} = \frac{1}{\sqrt{3}} \text{ et } m \leq \frac{3ec - 2d}{3\sqrt{3}c}.$

Démonstration. on calcule la matrice Jacobienne au point $E_2(\frac{\mu}{\alpha}, 0, \frac{\mu}{c\alpha}(1 - \frac{\mu^2}{\alpha^2}))$

$$J(\frac{\mu}{\alpha}, 0, \frac{\mu}{c\alpha}(1 - \frac{\mu^2}{\alpha^2})) = \begin{pmatrix} 1 - 3(\frac{\mu}{\alpha})^2 & -a & -c \\ 0 & m - e\frac{\mu}{\alpha} - d\frac{\mu}{c\alpha}(1 - \frac{\mu^2}{\alpha^2}) & 0 \\ \frac{\mu}{c}(1 - \frac{\mu^2}{\alpha^2}) & \beta\frac{\mu}{c\alpha}(1 - \frac{\mu^2}{\alpha^2}) & 0 \end{pmatrix}$$

on a trois valeurs propres de $J(\frac{\mu}{\alpha}, 0, \frac{\mu}{c\alpha}(1 - \frac{\mu^2}{\alpha^2}))$

$$\begin{split} \lambda_1 &= m - e \frac{\mu}{\alpha} - d \frac{\mu}{c \alpha} (1 - \frac{\mu^2}{\alpha^2}), \\ \lambda_2 &= \frac{1}{2} [(1 - 3 \frac{\mu^2}{\alpha^2}) - \sqrt{(1 - 3 \frac{\mu^2}{\alpha^2}) - 4\mu (1 - 3 \frac{\mu^2}{\alpha^2})]}, \\ \lambda_3 &= \frac{1}{2} [(1 - 3 \frac{\mu^2}{\alpha^2}) + \sqrt{(1 - 3 \frac{\mu^2}{\alpha^2}) - 4\mu (1 - 3 \frac{\mu^2}{\alpha^2})]}. \end{split}$$

Si $\frac{1}{\sqrt{3}} < \frac{\mu}{\alpha} < 1$ alors la partie réelle des valeurs propres λ_2 et λ_3 sont négatives.

Maintenant pour quelle condition la valeur propre λ_1 est négative.

$$\lambda_1 = m - e\frac{\mu}{\alpha} - d\frac{\mu}{c\alpha}(1 - \frac{\mu^2}{\alpha^2})$$
$$= m - \frac{\mu}{\alpha}(e + \frac{d}{c}) + \frac{d}{c}\frac{\mu^3}{\alpha^3}$$

on va minorer donc

$$< m - \frac{\mu}{\alpha}(e + \frac{d}{c}) + \frac{d}{c}, \text{ si } \left(\frac{\mu}{\alpha} < 1\right)$$

$$< m - \frac{1}{\sqrt{3}}(e + \frac{d}{c}) + \frac{d}{c}, \text{ si } \left(\frac{1}{\sqrt{3}} < \frac{\mu}{\alpha}\right)$$

$$= m + \frac{d}{c}\left(1 - \frac{1}{\sqrt{3}}\right) - \frac{e}{\sqrt{3}}$$

$$< m + \frac{d}{c} - \frac{e}{\sqrt{3}}$$

$$< 0, \text{ si } m + \frac{d}{c} < \frac{e}{\sqrt{3}}$$

et par suite, $E_2(\frac{\mu}{\alpha}, 0, \frac{\mu}{c\alpha}(1 - \frac{\mu^2}{\alpha^2}))$ est stable si les conditions suivantes $(\frac{1}{\sqrt{3}} < \frac{\mu}{\alpha} < 1)$ et $(\frac{d}{c} < \frac{e}{\sqrt{3}} - m)$ sont satisfaites.

Si $(\frac{1}{\sqrt{3}} > \frac{\mu}{\alpha})$ alors λ_2 et λ_3 sont positives et par suite le point d'équilibre $E_2(\frac{\mu}{\alpha}, 0, \frac{\mu}{c\alpha}(1 - \frac{\mu^2}{\alpha^2}))$ est instable.

Si $\frac{\mu}{\alpha} = 1$ alors λ_2 et λ_3 sont purements imaginaires. Pour $\frac{\mu}{\alpha} = 1$, on a

$$\lambda_1 = m - \frac{e}{\sqrt{3}} - \frac{d}{c} (\frac{2}{3\sqrt{3}})$$

$$> m - \frac{e}{\sqrt{3}} - \frac{d}{c}$$

$$> m - e - \frac{d}{c}$$

$$> 0, \text{ si } m > e + \frac{d}{c}$$

et on a aussi

$$\lambda_1 = 0, \text{ si } m = \frac{3ec - 2d}{3\sqrt{3}}$$

$$\gamma$$

$$\lambda_1 < 0, \text{ si } m < \frac{3ec - 2d}{3\sqrt{3}}$$

et par suite l'équilibre $E_2(\frac{\mu}{\alpha}, 0, \frac{\mu}{c\alpha}(1 - \frac{\mu^2}{\alpha^2}))$ est stable si $\frac{\mu}{\alpha} = \frac{1}{\sqrt{3}}$ et $m \leq \frac{3ec-2d}{3\sqrt{3}}$.

par contre l'équilbre $E_2(\frac{\mu}{\alpha}, 0, \frac{\mu}{c\alpha}(1 - \frac{\mu^2}{\alpha^2}))$ est instable si $\frac{\mu}{\alpha} = \frac{1}{\sqrt{3}}$ et $m > e + \frac{d}{c}$.

 $E_3(x_3, y_3, 0)$ est toujours instable

Démonstration. On calcule la matrice Jacobienne au point $E_3(x_3,y_3,0)$

$$J(x_{3}, y_{3}, 0) = \begin{pmatrix} 1 - 3x_{3}^{2} & -a & -c \\ -ey_{3}^{2} & -my_{3} & -dy_{3} \\ 0 & 0 & \alpha x_{3} + \beta y_{3} - \mu \end{pmatrix}$$

On calcule le polynôme caractéristique $p(\lambda) = (\alpha x_3 + \beta y - \mu - \lambda) [(1 - 3x_3^2 - \lambda)(-my_3 - \lambda) - eay_3]$ $p(\lambda) = 0$ implique que

$$(\alpha x_3 + \beta y - \mu - \lambda) = 0ou\left[(1 - 3x_3^2 - \lambda)(-my_3 - \lambda) - eay_3\right] = 0$$

implique que

$$\lambda = (\alpha x_3 + \beta y - \mu)$$

$$\lambda$$

$$\lambda^2 + \lambda (my_3 - 1 + 3x_3^2) - my_3 + 3x_3^2 my - eay_3 = 0$$

on trouve trois valeurs propres

$$\lambda_{1} = \alpha x_{3} + \beta y - \mu$$

$$\lambda_{2} = \frac{(1 - 3x_{3}^{2} - my_{3}) - \sqrt{(my_{3} - 1 + 3x_{3}^{2})^{2} - 4aey_{3}}}{2}$$

$$\lambda_{3} = \frac{(1 - 3x_{3}^{2} - my_{3}) + \sqrt{((my_{3} - 1 + 3x_{3}^{2})^{2} - 4aey_{3}}}{2}$$

on observe que $\lambda_3 > 0$ donc on peut conclure que le point d'équilibre $E_3(x_3,y_3,0)$ est instable.

L'état d'équilibre $E_4^*(x_4^*, y_4^*, z_4^*)$:





De la figure6, il est observé que le point d'équilibre intérieur $E_4^*(x_4^*, y_4^*, z_4^*)$ est stable pour des valeurs appropriés des paramètres. On observe également que la stabilité du point d'équilibre intérieur est très sensible en ce qui concerne le taux de prédation *d* et la quantité des toxicités qui est déterminée par le paramètre *e*. Nous observons que le point d'équilibre intérieur devient instable en raison d'un taux de prédation *d* élevé (c'est à dire lorsque le prédateur a une consommation agressive de la proie (*Y*)) et de faibles toxicités de proie (*Y*) qui est tout à fait naturel.

Remarque sur ce modéle

De l'analyse de notre modéle nous avons observé que la stratégie de comportement grégaire (en troupeau) comme mécanisme de défense est plus forte que la stratégie de la production de toxine.

Bibliographie

- Auger, Pierre. Lett, Christophe. Poggiale, Jean-Christophe. Modélisation mathématique en écologie : cours et exercices corrigés, Dunod, 2010.
 1
- Bakare, E. A., Adekunle, Y. A., et Kadiri, K. O. Dynamics of the Transmission of Infectious Disease in a Pre-Predator Ecosystem, international journal of mathematics trends and technology. 2011. Vol 3. p. 22-29.
 31
- [3] Charles, S. Cours de M1 Biologie mathématique et modélisation, Université Lyon1, 2007.
- [4] Heesterbeek, J. A. P. A brief history of R₀ and a recipe for its calculation, Acta Biotheorica. 2002, vol 50, p. 189-204. 26
- [5] KAR, Tapan Kumar. Stability analysis of a preypredator model incorporating a prey refuge, Communications in Nonlinear Science and Numerical Simulation, 2005, vol. 10, no 6, p. 681-691. 15
- [6] Kuang Y, Freedman HI. Uniqueness of limit cycles in Gause-type predatorprey systems, Math Biosci 1988;88 p.6784. 20
- [7] Matia, S. N. et Alam, S. Prey-predator Dynamics under Herd Behavior of Prey, Universal Journal of Applied Mathematics 1(4) : 251-257, 2013.
 39
- [8] Murray, James D. Mathematical Biology I : An Introduction, vol. 17 of Interdisciplinary Applied Mathematics. 2002. 1
- [9] Van den Driessche, Pauline, and James Watmough. Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission, Mathematical biosciences 180.1. 2002. p. 29-48. 26

Titre Les systèmes proies prédateurs revisités

R $\ddot{\imath}_{2}^{1}$ **sum** $\ddot{\imath}_{2}^{1}$ Le résumé en français (\approx 1000 caractères)

- Mots-clï $^{1}_{2}s$ Les mots-clés en français
- **Title** Le titre en anglais
- **Abstract** Le résumé en anglais (\approx 1000 caractères)
- Keywords Les mots-clés en anglais