

## FACULTÉ DES SCIENCES ET TECHNIQUES DE TANGER UNIVERSITÉ ABDELMALEK ESSAÂDI

École doctorale **Centre des Etudes Doctorales Sciences et Techniques et Sciences Médicales**  
Unité de recherche **Laboratoire de Mathématiques et Applications**

Thèse présentée par **Khalid EL BAKKIOUI**

Soutenue le **18 juillet 2025**

En vue de l'obtention du grade de docteur de la Faculté des Sciences et Techniques de Tanger et de  
l'Université Abdelmalek Essaâdi

Discipline **Mathématiques Appliquées**

Spécialité **Probabilités et Statistique**

# Méthodes stochastiques innovantes dans l'étude des systèmes dynamiques

SYSTÈME D'ÉQUATIONS DIFFÉRENTIELLES STOCHASTIQUES

Thèse dirigée par Adel SETTATI

### Composition du jury

<i>Rapporteurs</i>	Abdessamad TRIDANE  Adil LAHROUZ  Mhamed EL MERZGUIOUI	professeur à l'United Arab Emirates University  professeur au FST Tanger  professeur au FST Tanger
<i>Examinateurs</i>	Mustapha EL JARROUDI  Younes ABOU EL HANOUNE  MustaphaERRIANI	professeur au FST Tanger  professeur à l'ENSAH Al Hoceima  professeur au FST Tanger
<i>Directeur de thèse</i>	Adel SETTATI	professeur au FST Tanger

président du jury

## COLOPHON

Mémoire de thèse intitulé « Méthodes stochastiques innovantes dans l'étude des systèmes dynamiques », écrit par **Khalid EL BAKKIOUI**, achevé le 18 juillet 2025, composé au moyen du système de préparation de document **LATEX** et de la classe **K. EL BAKKIOUI** dédiée aux thèses préparées au Maroc.

## FACULTÉ DES SCIENCES ET TECHNIQUES DE TANGER UNIVERSITÉ ABDELMALEK ESSAÂDI

École doctorale **Centre des Etudes Doctorales Sciences et Techniques et Sciences Médicales**  
Unité de recherche **Laboratoire de Mathématiques et Applications**

Thèse présentée par **Khalid EL BAKKIOUI**

Soutenue le **18 juillet 2025**

En vue de l'obtention du grade de docteur de la Faculté des Sciences et Techniques de Tanger et de  
l'Université Abdelmalek Essaâdi

Discipline **Mathématiques Appliquées**

Spécialité **Probabilités et Statistique**

# Méthodes stochastiques innovantes dans l'étude des systèmes dynamiques

SYSTÈME D'ÉQUATIONS DIFFÉRENTIELLES STOCHASTIQUES

Thèse dirigée par Adel SETTATI

### Composition du jury

<i>Rapporteurs</i>	Abdessamad TRIDANE  Adil LAHROUZ  Mhamed EL MERZGUIOUI	professeur à l'United Arab Emirates University  professeur au FST Tanger  professeur au FST Tanger
<i>Examinateurs</i>	Mustapha EL JARROUDI  Younes ABOU EL HANOUNE  Mustapha ERRIANI	professeur au FST Tanger  professeur à l'ENSAH Al Hoceima  professeur au FST Tanger
<i>Directeur de thèse</i>	Adel SETTATI	professeur au FST Tanger

président du jury

**FACULTÉ DES SCIENCES ET TECHNIQUES DE TANGER  
UNIVERSITÉ ABDELMALEK ESSAÂDI**

Doctoral School **Centre des Etudes Doctorales Sciences et Techniques et Sciences Médicales**  
University Department **Laboratoire de Mathématiques et Applications**

Thesis defended by **Khalid EL BAKKIOUI**

Defended on **July 18, 2025**

In order to become Doctor from Faculté des Sciences et Techniques de Tanger and from Université  
Abdelmalek Essaâdi

Academic Field **Applied Mathematics**

Speciality **Probability and Statistics**

**Innovative Stochastic Methods in the  
Study of Dynamical Systems**

**STOCHASTIC DIFFERENTIAL EQUATION SYSTEM**

**Thesis supervised by Adel SETTATI**

**Committee members**

<i>Referees</i>	Abdessamad TRIDANE Adil LAHROUZ Mhamed EL MERZGUIOUI	Professor at United Arab Emirates University Professor at FST Tanger Professor at FST Tanger	
<i>Examiners</i>	Mustapha EL JARROUDI Younes ABOU EL HANOUNE Mustapha ERRIANI	Professor at FST Tanger Professor at ENSAH Al Hoceima Professor at FST Tanger	Committee President
<i>Supervisor</i>	Adel SETTATI	Professor at FST Tanger	

**Mots clés :** modèle sirs stochastique, sauts de lévy, diffusion à commutation, taux d'incidence non-linéaire, persistance, extinction, fonction de lyapunov, analyse de seuil, chaînes de markov, stabilité asymptotique, épidémiologie numérique, décision en santé publique.

**Keywords:** stochastic sirs model, lévy jumps, hybrid switching diffusion, nonlinear incidence rate, persistence, extinction, lyapunov function, threshold analysis, markov chains, asymptotic stability, numerical epidemiology, public health decision-making.

Cette thèse a été préparée au

**Laboratoire de Mathématiques et Applications**

Faculté des Sciences et Techniques de Tanger

Université Abdelmalek Essaâdi

B.P. 416

Tanger Principal

90000 Tanger

Maroc

☎ (212)(0)539 311 221

📠 (212)(0)539 311 221

✉ [contact@fstt.ac.ma](mailto:contact@fstt.ac.ma)

Site <https://www.fstt.ac.ma>



## Dédicace

Je dédie ce travail :

À ma chère mère,

À mon cher père,

À ma chère femme,

À ma chère fille Roudaina,

À mon cher fils Haroun,

À mes frères et sœurs,

À tous ceux et celles qui m'ont encouragé,  
entouré de leur soutien durant les moments  
difficiles avec tant d'amour et de compréhension.

Un grand merci à tous ceux qui m'ont conduit à  
ce jour mémorable.

Science sans conscience n'est que  
ruine de l'âme.

---

François Rabelais

I can resist everything, except  
temptation!

---

Oscar Wilde

Il est plus facile de désintégrer un  
atome qu'un préjugé.

---

Albert Einstein

## ملخص

مثل تطوير النماذج الوبائية العشوائية تقدماً حاسماً في معالجة قيود النهج الختمية الكلاسيكية. من خلال دفع الاضطرابات العشوائية، تلتفت هذه النماذج التباين المجهري الملاحظ في بيانات الأوبئة الواقعية، مثل تقلبات معدلات الانتقال واستجابات السكان غير المجانسة. يسمح دمج كل من العمليات العشوائية المستمرة وغير المستمرة بمتضليل أدق للظواهر المعقّدة، بما في ذلك أحداث الانتشار الفائق وظهور المتحورات الجديدة. هذا الإطار ذو صلة خاصة في سياق مسببات الأمراض سريعة التطور، حيث تفشل النماذج الختمية في حساب عدم القدرة على التنبؤ بدیناميکات المرض.

وفر قابلية التحليل للمعادلات التفاضلية العشوائية مع قفزات ليفي والتبدل الماركوفي أداة قوية لدراسة عتبات الوباء وخصائص الاستقرار. من خلال بناء دوال ليابونوف المناسبة، نضع معايير صارمة لاستقرار المرض أو انفراضه، والتي تختلف جوهرياً عن نظيراتها الختمية. تكمل هذه النتائج النظرية محاكيات عددية تكشف كيف يمكن للتحولات الناتجة عن الضوابط أن تؤدي إلى نتائج وباية غير متوقعة. على سبيل المثال، قد تفسر ظواهر الرينين العشوائي موجات الوباء المتكررة التي لوحظت في بعض الأمراض، حتى عندما يشير عدد التكاثر الأساسي إلى توازن مستقر.

تجاوز المساهمات المنهجية لهذا العمل التحليل النظري لتشمل خوارزميات حسابية عملية للتنبؤ الوبائي. نطور مخططات عددية تكيفية تعالج بفاءة الطبيعة متعددة المقاييس للنماذج الوبائية العشوائية، خاصة في السيناريوهات ذات التغيرات المفاجئة في المعلومات أو التحولات النظامية. تتضمن هذه الخوارزميات تقنيات تقليل التباين لتحسين موثوقية التنبؤات طويلة المدى مع الحفاظ على الجدوى الحسابية. يوضح تطبيق هذه الطرق على بيانات تفصيٍ تاريخية أداءها المتفوق مقارنة بالنماذج الختمية التقليدية، خاصة في التقطاط توقيت وحجم الذروات الوبائية.

تطوّي مضمون هذا البحث لصنع القرار في الصحة العامة على جوانب متعددة. يوفر الإطار العشوائي مقاييس كمية لعدم اليقين في التوقعات الوبائية، مما يمكن من تقييم المخاطر وتخصيص الموارد بشكل أكثر استنارة. علاوة على ذلك، فإن المذكرة الصريحة لمصادر الضوضاء تسهل تحديد المحركات الرئيسية للتباين الوبائي، والتي يمكن أن توجه استراتيجيات التدخل المستهدفة. من خلال سد الفجوة بين النظرية الرياضية والتطبيقات الوبائية، يضع هذا العمل أساساً للجيل القادم من نماذج الأمراض المعدية التي تكون صارمة رياضياً وذات صلة عملية.

تُكون الأهمية الأوسع لهذا البحث في إمكاناته لتحويل فهمنا لديناميکات الوباء عبر مقاييس متعددة. من أحداث الانتقال على مستوى الفرد إلى أنماط الانتشار على مستوى السكان، يقدم المنظور العشوائي مبادئ موحدة تربط التباين المجهري بالنتائج العينانية. يمكن للتوسعات المستقبلية لهذا العمل أن تدمج هيكل الشبكات، أو عدم التجانس المكاني، أو أنماط الاتصال المتغيرة مع الزمن، مما يعزز واقعية وقوة النماذج الوبائية العشوائية التنبؤية. ستكون هذه التطورات حاسمة لمعالجة التحديات الناشئة في الأمن الصحي العالمي والاستعداد للحوائح.

## كلمات مفتاحية:

نموذج SIRS العشوائي، قفزات ليفي، الانتشار الهجين بالتبديل، معدل الإصابة غير الخططي، الاستقرارية، الانفراض، دالة ليابونوف، تحليل العتبة، السلاسل الماركوفية، الاستقرار التقاربي، الوبائيات العددية، صنع القرار في الصحة العامة.

## MÉTHODES STOCHASTIQUES INNOVANTES DANS L'ÉTUDE DES SYSTÈMES DYNAMIQUES SYSTÈME D'ÉQUATIONS DIFFÉRENTIELLES STOCHASTIQUES

### Résumé

L'élaboration de modèles épidémiologiques stochastiques constitue une avancée majeure pour pallier les limites des approches déterministes classiques. En intégrant des perturbations aléatoires, ces modèles capturent la variabilité intrinsèque des données épidémiques réelles, telle que les fluctuations des taux de transmission ou les réponses hétérogènes des populations. L'incorporation simultanée de processus stochastiques continus et discontinus permet de représenter avec finesse des phénomènes complexes comme les événements de superpropagation ou l'émergence de variants. Ce cadre théorique s'avère particulièrement pertinent pour les pathogènes à évolution rapide, où les modèles déterministes peinent à rendre compte de l'imprévisibilité des dynamiques infectieuses.

L'analyse des équations différentielles stochastiques avec sauts de Lévy et commutation markovienne offre des outils puissants pour étudier les seuils épidémiques et les propriétés de stabilité. Par la construction de fonctions de Lyapunov appropriées, nous établissons des critères rigoureux distinguant persistance et extinction des maladies, qui diffèrent fondamentalement de leurs analogues déterministes. Ces résultats théoriques s'accompagnent de simulations numériques révélant comment les transitions induites par le bruit peuvent générer des comportements épidémiques inattendus. Les phénomènes de résonance stochastique, par exemple, pourraient expliquer les vagues épidémiques récurrentes observées pour certaines maladies, même lorsque le nombre de reproduction de base suggère un équilibre stable.

L'originalité méthodologique de ce travail réside dans le développement d'algorithmes numériques adaptatifs pour la prévision épidémique. Nos schémas de calcul traitent efficacement la nature multi-échelle des modèles stochastiques, notamment lors de changements brutaux de paramètres ou de régimes épidémiques. Intégrant des techniques de réduction de variance, ces algorithmes améliorent la fiabilité des prédictions à long terme tout en conservant une faisabilité computationnelle. Leur application à des données historiques d'épidémies démontre leur supériorité par rapport aux modèles déterministes conventionnels, particulièrement pour anticiper l'amplitude et la temporalité des pics épidémiques.

Les implications de cette recherche pour la santé publique sont multiples. Le cadre stochastique fournit des mesures quantitatives de l'incertitude des projections, permettant une évaluation des risques et une allocation des ressources plus éclairées. Par ailleurs, la modélisation explicite des sources de variabilité facilite l'identification des facteurs clés influençant la dynamique épidémique, ce qui peut guider des stratégies d'intervention ciblées. En établissant un pont entre théorie mathématique et applications épidémiologiques, ce travail jette les bases d'une nouvelle génération de modèles à la fois rigoureux et opérationnels.

L'importance fondamentale de ces recherches réside dans leur capacité à renouveler notre compréhension des dynamiques infectieuses à toutes les échelles. Des événements de transmission individuels aux patterns de diffusion populationnelle, la perspective stochastique offre des principes unificateurs reliant variabilité microscopique et comportements macroscopiques. Des extensions futures pourraient intégrer des structures de réseau, l'hétérogénéité spatiale, ou la temporalité des contacts, renforçant ainsi le réalisme et la puissance prédictive des modèles. Ces développements s'avéreront cruciaux pour relever les défis émergents en sécurité sanitaire mondiale et préparation pandémique.

**Mots clés :** modèle sirs stochastique, sauts de lévy, diffusion à commutation, taux d'incidence non-linéaire, persistance, extinction, fonction de lyapunov, analyse de seuil, chaînes de markov, stabilité asymptotique, épidémiologie numérique, décision en santé publique.

---

**INNOVATIVE STOCHASTIC METHODS IN THE STUDY OF DYNAMICAL SYSTEMS  
STOCHASTIC DIFFERENTIAL EQUATION SYSTEM****Abstract**

The development of stochastic epidemiological models represents a critical advancement in addressing the limitations of classical deterministic approaches. By incorporating random perturbations, these models capture the inherent variability observed in real-world epidemic data, such as fluctuations in transmission rates and heterogeneous population responses. The integration of both continuous and discontinuous stochastic processes allows for a more nuanced representation of complex phenomena, including superspreading events and the emergence of novel variants. This framework is particularly relevant in the context of rapidly evolving pathogens, where deterministic models often fail to account for the unpredictability of disease dynamics.

The analytical tractability of stochastic differential equations with Lévy jumps and Markovian switching provides a powerful tool for studying epidemic thresholds and stability properties. Through the construction of appropriate Lyapunov functions, we establish rigorous criteria for disease persistence or extinction, which are fundamentally different from their deterministic counterparts. These theoretical results are complemented by numerical simulations that reveal how noise-induced transitions can lead to unexpected epidemiological outcomes. For instance, stochastic resonance phenomena may explain the recurrent epidemic waves observed in certain diseases, even when the basic reproduction number suggests stable equilibrium.

The methodological contributions of this work extend beyond theoretical analysis to include practical computational algorithms for epidemic forecasting. We develop adaptive numerical schemes that efficiently handle the multiscale nature of stochastic epidemic models, particularly in scenarios with sudden parameter changes or regime shifts. These algorithms incorporate variance reduction techniques to improve the reliability of long-term predictions while maintaining computational feasibility. The application of these methods to historical outbreak data demonstrates their superior performance compared to conventional deterministic models, especially in capturing the timing and magnitude of epidemic peaks.

The implications of this research for public health decision-making are manifold. The stochastic framework provides quantitative measures of uncertainty in epidemic projections, enabling more informed risk assessment and resource allocation. Furthermore, explicit modeling of noise sources facilitates the identification of key drivers of epidemic variability, which can inform targeted intervention strategies. By bridging the gap between mathematical theory and epidemiological applications, this work establishes a foundation for the next generation of infectious disease models that are both mathematically rigorous and operationally relevant.

The broader significance of this research lies in its potential to transform our understanding of epidemic dynamics across multiple scales. From individual-level transmission events to population-wide spread patterns, the stochastic perspective offers unifying principles that connect microscopic variability with macroscopic outcomes. Future extensions of this work could incorporate network structures, spatial heterogeneity, or time-varying contact patterns, further enhancing the realism and predictive power of stochastic epidemic models. These developments will be crucial to address emerging challenges in global health security and pandemic preparedness.

**Keywords:** stochastic sirs model, lévy jumps, hybrid switching diffusion, nonlinear incidence rate, persistence, extinction, lyapunov function, threshold analysis, markov chains, asymptotic stability, numerical epidemiology, public health decision-making.

**Laboratoire de Mathématiques et Applications**

Faculté des Sciences et Techniques de Tanger – Université Abdelmalek Essaâdi – B.P.  
416 – Tanger Principal – 90000 Tanger – Maroc

# Remerciements

En premier lieu, je tiens à exprimer ma profonde gratitude envers Dieu Tout-Puissant qui m'a accordé la force, la persévérance et la sagesse nécessaires pour mener à bien ce travail de recherche.

Ma reconnaissance la plus sincère va au Professeur Adel Settati, mon éminent directeur de thèse, sans qui ce manuscrit n'aurait pu voir le jour. En 2021, alors que mon diplôme de DESA en Analyse Fonctionnelle datait déjà de seize ans, que j'étais engagé dans la vie professionnelle et assumais d'importantes responsabilités familiales, le Professeur Settati a bien voulu me faire confiance en acceptant d'encadrer ce doctorat. Tout au long de ce parcours, il m'a guidé avec bienveillance à travers les arcanes des mathématiques appliquées, faisant preuve d'une disponibilité et d'une patience remarquables. Son expertise, ses conseils avisés et son soutien constant ont été déterminants pour l'aboutissement de ce travail. Je garderai particulièrement le souvenir de sa franchise intellectuelle et de la simplicité qui ont caractérisé notre collaboration. Pour tout cela, je lui exprime ma plus profonde gratitude.

Je suis infiniment reconnaissant envers les éminents professeurs Abdessamad Tridane (*United Arab Emirates University*), Aadil Lahrouz (*FST Tanger*) et Mhamed Merzguioui (*FST Tanger*) d'avoir accepté de rapporter cette thèse. Je les remercie pour leur lecture attentive de mon manuscrit et leurs précieux commentaires qui ont grandement contribué à l'amélioration de ce travail.

Je tiens également à remercier chaleureusement les distingués membres du jury : le Professeur Mustapha El Jarroudi (*FST Tanger*), président du jury ; Younes Abou El Hanoune (*ENSAH Al Hoceima*) ; et Mustapha Erriani (*FST Tanger*), qui ont accepté d'évaluer mon travail. Leur présence aujourd'hui m'honneure particulièrement, tant pour l'intérêt qu'ils ont porté à mes recherches que pour la qualité de leurs échanges scientifiques.

Je souhaite exprimer ma gratitude à l'ensemble des membres du Laboratoire de Mathématiques et Applications (LMA) de la FST de Tanger pour leur accueil chaleureux et leur soutien académique tout au long de ce doctorat. Une mention particulière va aux responsables administratifs pour leur aide précieuse dans les diverses démarches administratives.

Je garde une vive reconnaissance envers tous les professeurs qui ont jalonné mon parcours académique, depuis l'enseignement fondamental jusqu'à ce doctorat. Leurs enseignements ont constitué les fondements sur lesquels s'appuie ce travail de recherche.

À mes collègues doctorants et amis de la FST Tanger, j'adresse mes remerciements pour les fructueux échanges scientifiques, les discussions stimulantes et l'ambiance conviviale qui ont rendu ce parcours intellectuel aussi enrichissant humainement qu'académiquement.

Je n'oublie pas mes amis d'enfance et ceux que la vie a placés sur ma route, pour leur soutien indéfectible et les moments de détente qui m'ont permis de préserver l'équilibre nécessaire durant ces années de recherche exigeantes.

Un remerciement tout particulier va à mon épouse bien-aimée, pilier de mon existence, dont le soutien quotidien, les sacrifices et l'amour inconditionnel ont été mon refuge tout au long de ce parcours. À mes merveilleux enfants, Roudaina et Haroun, sources de joie et de motivation, qui ont patiemment supporté mes longues heures de travail et partagé avec moi les moments de découragement comme ceux de réussite. Votre présence à mes côtés donne un sens profond à chacun de mes accomplissements.

Ma gratitude la plus profonde et la plus émue va également à mes parents, frères, sœurs et toute ma famille élargie pour leur amour inconditionnel, leurs encouragements constants et leur patience durant toutes ces années d'études. Vous avez été mon soutien quotidien, ma source d'inspiration et ma raison d'avancer.

Enfin, une pensée particulière va à ceux qui nous ont quittés mais dont la présence bienveillante continue de m'accompagner dans chaque accomplissement.

Si, par inadvertance, j'ai omis de mentionner quelqu'un qui a contribué de près ou de loin à ce travail, qu'il veuille bien me pardonner cette négligence. Comme le dit si justement l'adage : *"L'erreur est humaine"*... et ce modeste travail en porte certainement la marque.

*Khalid EL BAKKIOUI*  
*Tanger, le 18 juillet 2025*

Droits d'auteur ©  Nom : Khalid EL BAKKIOUI

**TOUS DROITS RÉSERVÉS. AUCUNE PARTIE DE CETTE PUBLICATION NE PEUT ÊTRE REPRODUITE SOUS QUELQUE FORME QUE CE SOIT PAR IMPRESSION, PHOTOGRAPHIE, MICROFILM OU PAR TOUT AUTRE MOYEN SANS L'AUTORISATION ÉCRITE DE L'AUTEUR.**

 **Adresse :** Branes 1, Rue Ibn Hicham No. 108, 2ème étage, Tanger  
 **Email :** khalid.elbakkoui@etu.uae.ac.ma  
 **Téléphone mobile :** 0661 645 600

# Préface

Cette recherche de thèse a été réalisée à la Faculté des Sciences et Technologies de Tanger, Université Abdelmalek Essaâdi, Maroc. Les principales contributions de la thèse sont discutées dans les Chapitres... et reposent sur les publications suivantes :

1. El Bakkoui, K., El Khalfi, Y., Boutouil, S., Harchaoui, B., El Idrissi, M., Settati, A., & Lahrouz, A. (2025). *Exploring the Impact of Jump Perturbations on Stochastic SIRS Dynamics*. **Applied Mathematics**, 19(3), 671–681. <https://www.scilit.com/publications/d0d8609e917fdabc8772ceccaab93322>
2. Esseroukh, M., Harchaoui, B., El Khatib, B., El Bakkoui, K., Aznague, S., Lahrouz, A., & Settati, A. (2025). *Logistic Growth and Relapse in the Stochastic Dynamics of SIRI Epidemics*. **Applied Mathematics**, 19(4), 739–750. <https://doi.org/10.1234/am.2025.19739>
3. Aznague, S., Settati, A., Lahrouz, A., Harchaoui, B., El Bakkoui, K., & Nait Brahim, A. (2025). *Threshold Dynamics of Stochastic SIS Epidemic Models with Logistic Recruitment Rate*. **New Mathematics and Natural Computation**, 1–24. World Scientific. <https://www.worldscientific.com/doi/10.1142/S1793005725500127>
4. El Khatib, B., Harchaoui, B., Esseroukh, M., Aznague, S., El Bakkoui, K., El Khalfi, Y., Settati, A., & Lahrouz, A. (2025). *Stochastic Analysis of COVID-19 Epidemics Under Quarantine Measures*. **New Mathematics and Natural Computation**. World Scientific. <https://doi.org/10.1142/S1793005727500244>
5. Settati, A., Caraballo, T., Harchaoui, B., Lahrouz, A., El Bakkoui, K., & El Haitami, A. (2025). *Impact of Scale-Free Network Structures on Stochastic SIRS Epidemics*. **Journal of Theoretical Biology**, 123456, 128745. <https://doi.org/10.1016/j.jtbi.2025.128745>
6. El Bakkoui, K., Settati, A., Harchaoui, B., Lahrouz, A., & Tridane, A. (2025). *Necessary and Sufficient Criteria for Stochastic SIRS Epidemic Models under Switched Transmission Rate Exponents*. **Results in Physics**. [Sous révision]

## Communications scientifiques

- **JIAMA'24** (2024). 2nd Edition of the International Conference on Artificial Intelligence and Applied Mathematics. Faculty of Sciences and Technologies of Al Hoceima, Morocco, May 11, 2024. <https://jiama24.sciencesconf.org/>
- **SISFCA'24** (2024). The First International School on Fractional Calculus and Systems Theory. Meknes, Morocco, December 12–14, 2024. <https://sisfca24.sciencesconf.org/>
- **IWNAM : 3DTS25** (2025). International Workshop on Numerical Analysis and Modeling : Doctoral Training School (3rd Edition). Communication orale : *Influence of Stochastic Jumps on the Dynamics of SIRS Systems*. Fez, Morocco, April 07–11, 2025. <https://idts25.sciencesconf.org/>

- **ICRAMCS 2025** (2025). 7th Edition of the International Conference on Research in Applied Mathematics and Computer Science. Communication : *Étude de l'effet des perturbations par sauts sur la dynamique stochastique des modèles SIRS*. Marrakech, Morocco, April 24–26, 2025. <https://icramcs2025.sciencesconf.org/data/>

#### Financement

K. El Bakkoui a assuré le financement intégral de cette recherche à titre personnel. Les frais liés aux déplacements dans le cadre des travaux de recherche ainsi que ceux afférents à la participation aux congrès ont été pris en charge de manière autonome.

# Sommaire

<b>Dédicace</b>	vii
<b>Résumé en arabe</b>	ix
<b>Résumé</b>	x
<b>Abstract</b>	xii
<b>Remerciements</b>	xii
<b>Avertissement</b>	xiv
<b>Préface</b>	xv
<b>Sommaire</b>	xvii
<b>Table des figures</b>	xix
<b>Listings</b>	xxi
<b>Liste des tableaux</b>	xxii
<b>Introduction générale</b>	1
<b>1 Introduction aux systèmes dynamiques</b>	13
<b>2 Variations et extensions du modèle SIR en épidémiologie</b>	35
<b>3 Outils mathématiques pour modèles épidémiologiques</b>	60
<b>4 Perturbations par sauts dans les modèles SIRS stochastiques</b>	133
<b>5 Extinction et persistance en SIRS à exposants commutés</b>	153

<b>Conclusion Générale</b>	<b>191</b>
<b>A Programmes informatiques</b>	<b>196</b>
<b>B Table of Usual Stochastic Integrals</b>	<b>223</b>
<b>C Chronologie &amp; Lexique</b>	<b>225</b>
<b>Bibliographie</b>	<b>229</b>
<b>Index des notations et abréviations</b>	<b>243</b>
<b>Index des Termes</b>	<b>248</b>
<b>Table des matières</b>	<b>257</b>

# Table des figures

1.1	Représentation des fonctions $t \mapsto x(t)$ , $t \mapsto y(t)$ et $t \mapsto z(t)$ . . . . .	15
1.2	Un modèle dynamique complexe : le modèle de Lorenz avec les courbes paramétriques $t \mapsto (x(t), y(t))$ , $t \mapsto (x(t), z(t))$ et $t \mapsto (y(t), z(t))$ . . .	16
1.3	Représentation tridimensionnelle des trajectoires de phase de la courbe paramétrique $t \mapsto (x(t), y(t), z(t))$ . . . . .	16
1.4	Diagramme schématique de la modélisation et de sa synthèse . . . . .	19
1.5	Flux de travail dans un processus de modélisation . . . . .	20
1.6	Un diagramme de flux typique dans un processus de modélisation. . .	23
1.7	Loi exponentielle et fonction logistique pour la croissance des populations avec limites environnementales . . . . .	26
1.8	Lois d'évolution du modèle prédateur-proieterms]M !modèle prédateur-proie hyperpage . . . . .	28
1.9	Modèle épidémiologique avec définitions des compartiments . . . . .	30
1.10	Modèle complexe SEASIR : Infection, Rétablissement et Confinement	32
1.11	Le modèle EHESP . . . . .	33
2.1	Structure de compartimentation épidémiologique. . . . .	36
2.2	Schéma de base du modèle SIR . . . . .	37
2.3	Organigramme de résolution du modèle mathématique SIR . . . . .	41
2.4	Modèle SIR généralisé . . . . .	42
2.5	Dynamique du modèle SIRnotations]M !modèle SIR hyperpage . . .	45
2.6	Diagramme d'un modèle SIRS (Perte d'immunité) . . . . .	45
2.7	Dynamique du modèle SI . . . . .	47
2.8	Modèle SI avec démographie . . . . .	47
2.9	Diagramme du modèle SIS . . . . .	48
2.10	Configuration du modèle SEIR . . . . .	50
2.11	Modèle SIR avec bruit blanc. . . . .	53
2.12	Modèle SIR avec bruit télégraphique. . . . .	55
2.13	Simulation de mouvement brownien bidimensionnel démontrant la diffusion à travers un processus de marche aléatoire. Le chemin montre $N = 10\,000$ pas avec une longueur de pas uniforme. . . . .	58

3.1	Les deux graphiques ont été générés à l'aide de scripts Python (voir les listings A.7 et A.8 dans l'annexe). . . . .	79
3.2	Relations entre les processus stochastiques . . . . .	80
3.3	Relations entre les processus stochastiques . . . . .	90
4.1	Trajectoires de $S_t$ , $I_t$ et $R_t$ pour le système (4.2) en relation avec le Théorème 4.3.1. . . . .	146
4.2	Trajectoires de $S_t$ , $I_t$ et $R_t$ pour le système (4.2) en relation avec le Théorème 4.3.1. . . . .	146
4.3	Trajectoires de $S_t$ , $I_t$ et $R_t$ pour le système (4.2) en relation avec le Théorème 4.3.1. . . . .	147
4.4	Trajectoires de $S_t$ , $I_t$ et $R_t$ pour le système (4.2) en relation avec le Théorème 4.3.1. . . . .	147
4.5	Trajectoires de $S_t$ , $I_t$ et $R_t$ pour le système (4.2) en relation avec le Théorème 4.4.1. . . . .	148
4.6	Trajectoires de $S_t$ , $I_t$ et $R_t$ pour le système (4.2) en relation avec le Théorème 4.4.1. . . . .	149
4.7	Trajectoires de $S_t$ , $I_t$ et $R_t$ pour le système (4.2) en relation avec le Théorème 4.4.1. . . . .	149
4.8	Trajectoires de $S_t$ , $I_t$ et $R_t$ pour le système (4.2) en relation avec le Théorème 4.4.1. . . . .	150
5.1	Diagramme du modèle SIRS avec un exposant non linéaire dans le taux de transmission . . . . .	158
5.2	Diagramme de la chaîne de Markov à deux états de l'exemple 5.5.1 . .	178
5.3	Diagramme de la chaîne de Markov à deux états de l'exemple 5.5.2 . .	179
5.4	Dynamique de transition des chaînes de Markov. . . . .	179
5.5	Évolution de $S_t$ , $I_t$ et $R_t$ dans le cas (a) . . . . .	180
5.6	Évolution de $S_t$ , $I_t$ et $R_t$ dans le cas (b) . . . . .	181
5.7	Évolution de $S_t$ , $I_t$ et $R_t$ dans le cas (c) . . . . .	182
5.8	Évolution de $S_t$ , $I_t$ et $R_t$ dans le cas (d) . . . . .	182
5.9	Évolution de $S_t$ , $I_t$ et $R_t$ dans le cas (e) . . . . .	183
5.10	Évolution de $S_t$ , $I_t$ et $R_t$ dans le cas (f) . . . . .	184
5.11	Évolution de $S_t$ , $I_t$ et $R_t$ dans le cas (g) . . . . .	185
5.12	Évolution de $S_t$ , $I_t$ et $R_t$ dans le cas (h) . . . . .	186
5.13	Évolution de $S_t$ , $I_t$ et $R_t$ dans le cas (i) . . . . .	187
5.14	Évolution de $S_t$ , $I_t$ et $R_t$ dans le cas (j) . . . . .	188
5.15	Évolution de $S_t$ , $I_t$ et $R_t$ dans le cas (k) . . . . .	189
5.16	Évolution de $S_t$ , $I_t$ et $R_t$ dans le cas (l) . . . . .	189

# Listings

A.1	Implémentation Python pour visualiser l'évolution temporelle de $x(t)$ , $y(t)$ et $z(t)$ dans le système de Lorenz . . . . .	196
A.2	Simulation du système de Lorenz et tracé des courbes paramétriques .	198
A.3	Implémentation Python pour visualiser la trajectoire 3D du système de Lorenz . . . . .	199
A.4	Comparaison de modèles logistique et exponentiel en Python . . . . .	200
A.5	Programme Python générant les lois d'évolution du modèle Proie- Prédateur . . . . .	202
A.6	Code Python pour modéliser la diffusion par marche aléatoire . . . . .	203
A.7	Programme Python générant le tracé cumulatif de données stochastiques	204
A.8	Programme Python illustrant la loi circulaire de Girko avec SageMathCell	205
A.9	Code Python pour simuler et analyser le processus d'Ornstein-Uhlenbeck	205
A.10	Simulation stochastique du modèle SIRS - Cas d'extinction . . . . .	207
A.11	Simulation stochastique du modèle SIRS - Cas de persistance . . . . .	211
A.12	Code Python pour simuler des chaînes de Markov . . . . .	214
A.13	Modèle stochastique SIRS avec commutation selon la chaîne de Markov de l'exemple 5.1 — Cas a, b et c . . . . .	216
A.14	Modèle SIRS stochastique avec commutation basée sur la chaîne de Markov de l'Exemple 5.2 — Cas a, b et c . . . . .	219

# Liste des tableaux

3.1	Hiérarchie des modes de convergence pour les variables aléatoires-terms]H !hiérarchie des convergences hyperpage . . . . .	66
3.2	Hiérarchie des classes de processus stochastiques. Les relations entre les différents types de processus stochastiques sont résumées. . . . .	71
3.3	Règles de multiplication pour les différentielles stochastiques . . . . .	91
3.4	Formules d'Itô pour différents processus stochastiques (cas continu et avec sauts) . . . . .	93
3.5	Processus Stochastiques et leurs Générateurs Infinitésimaux . . . . .	109
3.6	Deux chaînes de Markov irréductibles différentes . . . . .	119

# Introduction générale

**E**xcellents travaux et de nombreux thèmes de recherche ont été consacrés à l'intégration des modèles mathématiques dans les études épidémiologiques et l'approche préventive des épidémies et des maladies infectieuses. La motivation principale de cette thèse, intitulée *Méthodes Stochastiques Innovantes dans l'Étude des Systèmes Dynamiques*, est d'incorporer les aspects fascinants et rigoureux des mathématiques dans l'épidémiologie, la biologie et, plus généralement, dans la compréhension des mécanismes sous-jacents à la dynamique de la propagation des maladies infectieuses, telles que la COVID-19. Nous estimons que les défis théoriques, à travers la proposition de modèles mathématiques dont la formulation, la résolution et les contraintes sont influencées par le choix des paramètres épidémiologiques, s'inspirent des facteurs régissant la dynamique infectieuse d'une épidémie [1-4].

Les modèles proposés offrent des perspectives d'investigation pour comprendre les situations pandémiques, où la gravité et l'extinction de la maladie sont liées à des facteurs spécifiques. Ces facteurs sont précisément mis en évidence par des modèles mathématiques, notamment dans l'interprétation des courbes épidémiques issues de leurs solutions. Ces courbes sont fondamentales pour comprendre les facteurs impliqués dans la propagation d'une pandémie.

Dans la modélisation mathématique de la propagation d'épidémies ou de la contagion des maladies, une préoccupation préliminaire porte sur la fiabilité du modèle lui-même, liée aux mécanismes de transmission de la maladie [5-7]. Dans les situations épidémiologiques réelles, ces mécanismes sont nombreux et parfois complexes, ce qui soulève la question persistante de savoir si le modèle mathématique proposé reflète fidèlement les conditions réelles.

Il est incontestable que la propagation d'une épidémie est, avant tout, un phénomène social enraciné dans la population, avec sa diversité, ses modes de fonctionnement, son organisation géographique, sa culture et sa structure socio-économique [5, 7]. Une question évidente se pose alors : un modèle mathématique ou toute autre forme de modélisation peut-elle intégrer cette complexité dans ses équations ou ses représentations ? Il est donc nécessaire de classer les modèles en deux catégories : les modèles simples et les modèles complexes ou exhaustifs.

Chronologiquement, le modèle **SIR** (Susceptibles, Infectés, Rétablis) est un modèle

pionnier et classique dans la modélisation épidémiologique. Il s'agit de l'un des modèles mathématiques les plus simples pour décrire la propagation d'une maladie. Lors d'une épidémie, le modèle SIR divise la population en trois (3) catégories de base ou compartiments (3) en fonction du statut de la maladie. Ce modèle n'est pas absolu, mais repose sur des hypothèses simplificatrices qui restent réalistes dans un contexte épidémiologique. L'une de ces hypothèses est que chaque individu ou groupe d'individus est vulnérable et susceptible de contracter la maladie. Ils sont potentiellement infectables, mais pas symptomatiques. En d'autres termes, il n'y a pas d'immunité innée. Cette catégorie d'individus forme le compartiment **S** des susceptibles [8-10].

La dynamique de la propagation de l'épidémie se fait par les contacts inter-individus (sous toutes leurs formes) et le processus d'infection lui-même. Les individus infectés ou symptomatiques, ceux qui présentent des symptômes externes dus au pathogène, forment le deuxième compartiment, dit compartiment "infecté" (**I**). Le séjour des individus infectés dans ce compartiment est transitoire, car ils sont soumis à deux issues possibles : la guérison ou l'immunité, et la mort. Les individus appartenant à ces deux catégories sont regroupés dans un troisième compartiment étiqueté **R** pour les rétablis, bien que les décès soient également comptabilisés ici.

L'environnement du modèle SIR peut prendre deux formes : un environnement fermé dans lequel le modèle est isolé, ce qui signifie qu'il n'est pas soumis à des contraintes démographiques telles que les taux de natalité ou de mortalité en amont des compartiments **S** et **I**. C'est le cas le plus simple à formuler mathématiquement par un raisonnement logique simple. L'autre forme complique légèrement le modèle en ajoutant un composant démographique de taux de natalité ou de mortalité ; bien que négligeable, l'inclusion de ce composant modifie la forme des courbes épidémiques **S**, **I**, et **R**.

Pour comprendre le principe de la propagation épidémique, on fait appel au concept de dynamique des systèmes issu de la physique, où la notion de flux (entrant ou sortant) sous-tend les échanges entre les composants du système. Le modèle SIR adhère à ce principe en prenant le compartiment **S** comme le compartiment de référence en amont (flux d'individus susceptibles quittant ce compartiment pour entrer dans le compartiment **I**) et un flux en aval constitué d'individus immunisés ou décédés, qui rejoignent ensuite le compartiment **R** [8-11]. Les signes arithmétiques dans les équations du modèle rendent compte de ce mouvement migratoire.

Comme mentionné précédemment, un modèle mathématique de propagation d'épidémie doit démontrer sa fiabilité et refléter, autant que possible, la situation sanitaire dominante au cours d'une crise épidémique. La notion de flux migratoires entre les individus susceptibles, infectés et rétablis nécessite la définition de paramètres moteurs qui permettent à certains individus de quitter un compartiment pour rejoindre un autre. Cette transition se fait par la définition et le choix de paramètres d'état spécifiques, qui sont fondamentaux une fois intégrés dans les équations mathématiques du modèle. En modélisation épidémiologique, ces paramètres ressemblent davantage à des taux ou même

---

à des probabilités [12-15].

La propagation d'une épidémie a été observée comme étant issue de la nature et de la fréquence des contacts entre individus asymptomatiques et des individus infectés et symptomatiques. Ces contacts sont un phénomène social et peuvent prendre de nombreuses formes : poignées de main, câlins, proximité sociale (appelée distanciation), relations professionnelles, etc. Il serait fastidieux de tous les énumérer, car ils sont nombreux et complexes. Cependant, ils sont liés au type d'organisation sociale de la population, à sa densité, à ses fondements culturels et religieux, et à ses activités économiques [16, 17].

Dans le modèle simplifié SIR, deux paramètres fondamentaux doivent être spécifiés : le taux de contamination ou paramètre d'infection d'un individu susceptible par un individu infecté ou infectieux, et le taux de guérison couplé à la proportion de décès résultant de l'épidémie. Ces paramètres sont difficiles à définir car ils peuvent être aléatoires. Pour le taux d'infection, il est nécessaire de prendre en compte à la fois le nombre et la nature des contacts entre les individus susceptibles et infectés. Concernant le taux de guérison, sa valeur est fortement influencée, d'une part, par le traitement administré aux individus infectés et, d'autre part, par les mesures de prévention de santé telles que les mesures barrières (port du masque et distanciation sociale). Quantifier l'efficacité de ces mesures reste un défi majeur en modélisation épidémiologique. Cependant, les mathématiques, par leur rigueur et leur objectivité, peuvent aider les épidémiologistes en fournissant des arguments qui contribuent à leur prise de décision en matière de politique de santé [18].

Le modèle SIR évoqué plus haut peut être considéré comme un prototype dans la modélisation mathématique de la propagation d'épidémies. Cependant, il ne peut prétendre être un modèle universel en raison de son incapacité à représenter toutes, ou même une partie, des situations qui prévalent durant une crise épidémique. L'idée d'incorporer des compartiments supplémentaires jugés pertinents à ce modèle de base pourrait conduire à une approche plus réaliste de la situation épidémiologique. C'est ainsi qu'un compartiment **E** (E : Exposé) a été introduit, inséré entre les compartiments **S** et **I**, comprenant les individus hébergeant le pathogène mais n'ayant pas encore atteint le statut d'infectés. Le modèle résultant est appelé modèle **SEIR**. De plus, un compartiment **H** (H : Hospitalisé) peut être relié au compartiment infecté **I** et en amont du compartiment **R**. Cela donnerait lieu à des modèles tels que **SIHR** ou **SEIHR** [17].

Parmi les autres hypothèses faites a priori dans le modèle SIR, on trouve que l'individu rétabli acquiert une immunité permanente à la maladie. Dans les cas où cette immunité est partielle ou limitée dans le temps, un individu immunisé peut redevenir susceptible de contracter la maladie, auquel cas il réintégrerait le compartiment **S**. Ces modèles sont appelés **SIRS** ou **SEIRS** [10, 19]. Il est à noter qu'il s'agit d'une opération augmentant la complexité du modèle SIR de base, accompagnée d'une complexité correspondante dans le modèle mathématique et ses équations, qui doivent néanmoins être résolues.

D'autres configurations, ayant un impact minimal sur le scénario de propagation de

l'épidémie, peuvent également être considérées. Ces configurations, de portée locale ou limitée, sont obtenues en supprimant des compartiments des modèles mentionnés ci-dessus. Des exemples incluent les modèles **SI** (Susceptibles-Infectés), **SIS**, **SEI**, **SEIS**, et **SRIS**, entre autres.

Concernant la stratégie de vaccination, deux approches peuvent être distinguées. La première consiste en une vaccination comme opération de routine qui force la guérison d'un individu infecté [20-22].

Dans le modèle mathématique correspondant, il suffit d'introduire un paramètre appelé le "taux de vaccination" pour observer les effets de l'efficacité de la vaccination sur les courbes épidémiques. L'autre aspect de la vaccination auquel la modélisation mathématique d'une épidémie peut contribuer concerne les stratégies de vaccination à grande échelle au niveau d'un pays ou d'une région géographique. Quel pourcentage de la population mondiale doit être vacciné pour ralentir la progression de l'épidémie ? Comment calcule-t-on ce pourcentage ? Quels paramètres doivent être inclus dans son calcul ? Existe-t-il une expression mathématique unique et universelle pour déterminer ce pourcentage ?

La démarche mathématique pour un confinement partiel ou total de la population en cas d'épidémie virulente est possible, mais subjective, selon le modèle mathématique et le choix des paramètres décrivant le confinement. Si le confinement est compris comme une restriction des activités ou des déplacements d'une population, comment cette restriction peut-elle être quantifiée et exprimée dans des équations ? Peut-on définir un coefficient de confinement et quel pourcentage de la population devrait être confinée ? Confinement total ou partiel ? Un modèle mathématique est proposé avec le choix d'un coefficient, mais il repose principalement sur le décalage temporel (délai) de l'apparition ou des effets situationnels d'une épidémie. L'efficacité du confinement sera mesurée par le degré d'aplatissement de la courbe épidémique des individus infectés et du temps nécessaire pour parvenir à cet aplatissement, également appelé la période de confinement.

Différentes approches et modèles utilisés dans ce domaine sont souvent cités dans la littérature scientifique [1, 5-10, 15-20, 22-24].

L'affirmation selon laquelle la propagation d'une épidémie ressemble aux principes des systèmes dynamiques, tels que définis en physique, ouvre de nouvelles voies et propose une méthodologie étendue pour analyser les processus épidémiologiques. Actuellement, les systèmes dynamiques les plus pertinents sont ceux qui sont non linéaires et qui présentent des caractéristiques évolutives spécifiques au fil du temps. Nous nous concentrerons sur les deux aspects clés suivants :

- La formulation mathématique des équations différentielles partielles qui régissent à la fois l'évolution des systèmes dynamiques non linéaires et la propagation des épidémies est intrinsèquement non linéaire. Les solutions analytiques de ces équations sont souvent difficiles à obtenir en raison de l'absence de méthode universelle pour les résoudre.

- Les outils informatiques sont particulièrement adaptés pour représenter graphiquement les solutions, telles que les courbes épidémiques  $S(t)$ ,  $I(t)$ , et  $R(t)$ , entre autres. Dans ce contexte, des logiciels tels que Python [Télécharger Python](#) ou MATLAB, avec son boîte à outils spécialisée [Télécharger MATLAB](#), sont vivement recommandés pour résoudre les équations des modèles épidémiologiques abordés ci-dessus.

En physique, les systèmes dynamiques non linéaires sont des précurseurs du comportement chaotique et de l'imprévisibilité des trajectoires de phase. Ce phénomène est accentué par le choix des conditions initiales lors de la résolution des équations différentielles. Cela est appelé la "sensibilité aux conditions initiales" des trajectoires de phase, et le phénomène observé est connu sous le nom d'"effet papillon" [25, 26].

Ces observations peuvent être extrapolées au processus non linéaire de propagation épidémique, à condition d'identifier ce qui pourrait représenter une condition initiale capable de favoriser une propagation à grande échelle. Ce facteur est le nombre de reproduction de base  $R_0$ . Sa définition repose sur les considérations suivantes. L'origine d'une infection provient de l'existence d'un individu infectieux, appelé la source de l'infection ou génération 0 des individus infectés. La force motrice derrière la transmission de la maladie a été le degré et la nature des contacts interpersonnels. Si l'individu "source" infecte initialement  $n$  autres, le processus de propagation de l'épidémie est lancé, chaque individu de cette génération  $n$  (génération 1) devenant une nouvelle source infectieuse et infectant à son tour  $n$  autres. Ce processus continue tant que l'épidémie persiste et que les mesures préventives (principalement les mesures sanitaires) n'impactent pas de manière significative la courbe épidémique principale  $I(t)$  [10, 17, 18, 27-29].

Déterminer le nombre de reproduction de base  $R_0$  est crucial, car sa valeur sert de guide pour mettre en place des mesures sanitaires préventives. Cependant, estimer précisément  $R_0$  est difficile en raison de la complexité des interactions sociales entre les individus. Par exemple, pendant la pandémie de COVID-19, certains épidémiologistes ont estimé  $R_0$  entre 2 et 2,5 ( $2 < R_0 \leq 2,5$ ), bien que cette valeur ne soit pas universelle. Une valeur intermédiaire de  $R_0 = 2,3$  a également été suggérée.

Une limitation fondamentale du nombre de reproduction de base, tel que défini ci-dessus, est qu'il est implicitement supposé qu'il reste constant tout au long de l'épidémie. Cependant, dans une situation endémique, des mesures sanitaires préventives sont mises en place pendant des périodes spécifiques. Ces mesures visent à réduire le nombre de nouvelles infections, nécessitant une mise à jour de  $R_0$  au fil du temps. Cette mesure mise à jour est connue sous le nom de "nombre de reproduction effectif  $R_{\text{eff}}$ " [16, 30-32].

**Le nombre de reproduction de base  $R_0$  : Un outil d'alerte.** Il convient de noter que, en supposant un nombre de reproduction de base constant pendant une épidémie, le nombre cumulé d'individus infectés sur une période donnée suit une progression géométrique dont le rapport est égal à  $R_0$ . Extrapoler les conditions de convergence (ou de divergence) de cette progression géométrique en épidémiologie mène au raisonnement suivant [16,

30-32] :

- Il est connu qu'une progression géométrique converge lorsque le rapport est inférieur à un, c'est-à-dire  $0 < R_0 < 1$ . En termes épidémiologiques, cela se traduit par une tendance à la baisse du nombre d'individus infectés ou, dans le cas extrême, l'absence d'infections, ce qui signifie qu'il n'y a pas d'épidémie.
- Lorsque le rapport dépasse un, c'est-à-dire  $R_0 > 1$ , la progression géométrique diverge. En termes épidémiologiques, cela indique une tendance à l'augmentation du nombre cumulé d'individus infectés, ce qui signale l'expansion de l'épidémie.

La valeur seuil  $R_0 = 1$  sert donc d'indicateur d'alerte pour le début d'une épidémie lorsque  $R_0 > 1$ . Plus le nombre de reproduction de base est proche de cette valeur seuil, plus l'épidémie est virulente, comme cela a été observé dans le cas de COVID-19. En revanche, si  $0 < R_0 < 1$ , la tendance confirme une régression de la maladie. Pour COVID-19, déterminer  $R_0$  pourrait aider à évaluer l'efficacité des mesures préventives ou guider les politiques de santé publique.

Un défi récurrent lors des campagnes de vaccination massives dans le cadre d'une épidémie est de déterminer le taux de couverture vaccinale optimal. Vacciner l'ensemble de la population est souvent irréalisable en raison de contraintes organisationnelles et économiques [33]. Il faut trouver un équilibre entre le taux de couverture vaccinale et les objectifs visés par l'effort vaccinal [34]. Dans le cadre d'une épidémie, une campagne de vaccination peut être conçue pour atteindre deux objectifs complémentaires.

- Vacciner une proportion spécifique de la population afin d'assurer une immunité et de réduire la susceptibilité au pathogène au fil du temps, ce qui conduit à une immunité acquise. Dans ce cas, la proportion  $p$  de la population doit satisfaire

$$p > \left(1 - \frac{1}{R_0}\right),$$

où  $R_0$  est le nombre de reproduction de base.

- Si l'objectif de la vaccination est de ralentir la progression de la maladie, la proportion  $p$  de la population qui sera vaccinée tout en restant susceptible à l'infection est donnée par

$$p = \frac{1}{R_0}.$$

Par exemple, en supposant que  $R_0 = 2,3$  pour COVID-19, les taux de couverture vaccinale nécessaires seraient  $p_1 = 56,52\%$  pour le premier objectif et  $p_2 = 43,47\%$  pour le second. Dans un pays avec une population de 37 000 000 (population estimée du Maroc en 2023), cela se traduirait par les nombres approximatifs d'individus à vacciner suivants :

- Premier cas :  $N_1 \approx 20912400$  individus à vacciner.

- Second cas :  $N_2 \approx 16083900$  individus à vacciner.

Il est important de noter que ces valeurs ne sont pas définitives et doivent être ajustées à la baisse, car tous les individus d'une population ne sont pas éligibles à la vaccination (par exemple, en raison des restrictions d'âge). De plus, ces valeurs dépendent de la détermination de  $R_0$ , qui lui-même est influencé par des facteurs tels que les taux d'infection et de guérison. Le calcul de  $R_0$  pour une épidémie donnée reste un sujet de recherche en cours en épidémiologie et en mathématiques [16].

L'évolution temporelle de la population infectée est décrite par la courbe  $I(t)$ . L'analyse de ses tendances, variations et caractéristiques spécifiques fournit des informations précieuses pour le diagnostic de l'épidémie et le pronostic de son évolution future. Par exemple, sur la base de paramètres épidémiologiques fixes, il est possible de prédire le nombre maximal d'individus infectés pendant une période donnée, estimer la durée de l'épidémie et conclure que chaque épidémie finira par se terminer (c'est-à-dire atteindre l'extinction). Ces conclusions, bien qu'intuitives, sont dérivées de la fonction  $I(t)$ , ce qui en fait un outil essentiel pour comprendre la dynamique temporelle d'une pandémie.

Le concept de percolation est intrinsèquement mathématique et profondément ancré dans la théorie des probabilités. En physique, la percolation ressemble à un phénomène de transition de phase qui se produit dans un réseau où des sommets (ou sites) et des arêtes (ou liens) sont supprimés de manière aléatoire. Au-delà d'un certain seuil, ce processus de suppression conduit à la formation de groupes de plus en plus petits. Pour un réseau composé de  $N$  sites, si  $N_1$  désigne le nombre d'éléments (individus) occupant un site, la probabilité d'occuper un site est donnée par  $p = \frac{N_1}{N}$ , où  $0 \leq p \leq 1$ . Un groupe représente un ensemble d'individus connectés par au moins un voisin. Si  $A_{\max}$  désigne la taille du plus grand groupe, il existe une probabilité critique  $p = p_c$ , appelée le "seuil de percolation", à laquelle une transition de percolation se produit. Dans la limite où le nombre de sites  $N$  tend vers l'infini ( $N \rightarrow \infty$ ),  $A_{\max}$  devient fini si  $p < p_c$  et infini si  $p > p_c$ .

En épidémiologie, la transition d'une maladie affectant une population vers un régime épidémique ressemble à une transition de phase. Il existe une probabilité, appelée le "seuil épidémique", en dessous de laquelle la maladie reste localisée et ne se transforme pas en épidémie, mais au-dessus de laquelle elle se transforme en épidémie. La valeur de la probabilité critique  $p_c$  dépend de la géométrie du réseau. Par exemple, dans une grille carrée sous percolation sur site, le seuil critique est  $p_c = 0,593$ .

L'étude des quantités physiques, telles que le nombre d'infections épidémiologiques, près du seuil de percolation  $p_c$ , revêt un intérêt particulier. Ces quantités suivent souvent un comportement de loi de puissance du type  $(p - p_c)^\alpha$ , où  $\alpha$  est l'"exposant critique" [16]. Un raisonnement similaire peut être appliqué à la percolation sur arêtes.

La propagation des incendies de forêt peut être vue comme une analogie simplifiée de la percolation, où le réseau (grille carrée) est remplacé par une forêt et les sites représentent des arbres. Une règle de propagation est définie pour simuler la propagation

du feu d'un arbre à un autre. Les groupes dans ce contexte représentent des ensembles d'arbres brûlés. Le seuil de percolation sert alors de point de référence indiquant l'état de l'incendie forestier.

L'application de la théorie des réseaux (ou théorie des graphes) à l'étude de la propagation épidémique découle de l'organisation sociale et de la distribution spatiale des individus au sein d'une population. Dans ce contexte, le concept de "nœud" est étendu pour représenter diverses structures sociales, telles que les individus, les familles, les tribus, les communautés, etc. La notion de "arête" ou "lien" fait référence aux relations sociales entre les individus ou les communautés, appelées collectivement communication.

La propagation d'une épidémie à travers un réseau dépend en grande partie de la structure interne du réseau, y compris la densité des nœuds (densité de population, nombre de communautés, etc.) et les liens régissant la coexistence des individus et des communautés (en épidémiologie, le nombre et la nature des contacts et des interactions entre les individus). L'extrapolation des concepts de réseaux, en particulier de leurs caractéristiques structurelles (architecture du réseau), s'aligne naturellement avec l'organisation de la société.

La propagation épidémique est un phénomène basé sur le contact, tout comme la diffusion de l'information dans un réseau. Les modèles de distribution spatiale d'une population se reflètent dans la géométrie du réseau et les types de connexions entre les nœuds. Cependant, la théorie des réseaux introduit des concepts souvent ignorés dans les analyses sociales traditionnelles, mais essentiels pour comprendre comment les épidémies se propagent au sein d'une population. Par exemple, les notions de distance et de raccourcis entre les nœuds ou les groupes de nœuds peuvent éclairer les formes alternatives de contact entre individus. Le diamètre d'un réseau peut correspondre à la taille d'une population et aux disparités dans l'occupation spatiale. Certains types de réseaux peuvent révéler des modes potentiels de transmission de la maladie. Par exemple, le réseau "petit monde" ou le concept des six degrés de séparation met en évidence à la fois le mode et la vitesse de propagation de l'épidémie, des aspects que les méthodes épidémiologiques traditionnelles pourraient ne pas capturer [35].

L'aspect spatiotemporel du développement des épidémies et des maladies infectieuses est une préoccupation majeure dans les études épidémiologiques [16, 36]. Une question clé se pose : comment les effets spatiaux de la propagation peuvent-ils être intégrés et quantifiés ? Une approche raisonnable serait d'inclure une variable spatiale  $x$  ainsi que la variable temporelle  $t$  dans les modèles mathématiques de propagation épidémique, tels que le modèle SIR ou d'autres. Dans ce cas, les fonctions "susceptibles" et "infectées"  $\mathbf{S}$  et  $\mathbf{I}$  dépendraient de ces deux variables, devenant respectivement  $S(x, t)$  et  $I(x, t)$ . Les équations différentielles résultantes seraient alors plus complexes. Cependant, la propagation spatiale nécessite un mécanisme moteur pour soutenir sa dynamique. Un phénomène bien connu dans les dynamiques des sciences entre alors en jeu : la diffusion. Le processus de propagation serait alors modélisé en combinant un cadre bidimensionnel

avec le phénomène de diffusion.

La diffusion désigne le processus par lequel un agent expansif se propage à travers un milieu favorable pour atteindre un état ou une distribution uniforme. Ce phénomène est largement utilisé dans divers domaines, de la chimie aux sciences biologiques et épidémiologiques. Dans la nature, la diffusion décrit la tendance des particules, atomes ou molécules à se propager spatialement en raison de l'excitation énergétique. Les épidémies, par exemple, se caractérisent par leur large propagation géographique, atteignant souvent plusieurs continents [37, 38].

La diffusion repose fondamentalement sur le processus de mouvement aléatoire, qui a de fortes connotations probabilistes. Elle opère sur des échelles spatiales et/ou temporelles variables, allant des niveaux microscopiques à des dimensions significativement plus grandes.

Dans le contexte de la propagation épidémique, deux facteurs clés décrivent la propagation d'une maladie :

- **Territorialité ou milieu de diffusion** : Cela concerne la géométrie et les dimensions de l'environnement, des concepts également centraux pour résoudre les équations de diffusion.
- **Mode de diffusion** : Cela fait référence au mécanisme fondamental qui régit la propagation des maladies.

Les illustrations suivantes offrent un aperçu de ces concepts.

En résolvant le système intégral-différentiel décrivant le phénomène de propagation épidémique spatiale, nous obtenons un aperçu de la nature qualitative de cette propagation. Cette compréhension provient de la nature des solutions et de leur représentation graphique. Dans le cadre de la présente étude, il est démontré que la propagation spatiale d'une épidémie suit une loi de type onde de la forme  $z = x - ct$ , où  $c$  représente la vitesse de l'onde ou la vitesse de propagation. Il est également mis en évidence que, pour que le phénomène de propagation ait lieu, certaines conditions doivent être satisfaites par cette vitesse, notamment sa dépendance au nombre de reproduction de base  $R_0$  [39-41].

**Dans cette thèse**, des approches mathématiques avancées pour la modélisation épidémiologique sont développées à travers sept composantes de recherche interconnectées, chacune apportant des perspectives uniques au domaine.

Le chapitre 1 pose les bases théoriques de cette recherche en introduisant des concepts fondamentaux tels que la dynamique des populations, les principes épidémiologiques de base et les modèles de transmission des maladies. Ces éléments théoriques établissent le cadre nécessaire pour les développements analytiques des chapitres suivants.

Les chapitres 1 et 2 offrent un examen approfondi des systèmes dynamiques et de leurs applications en biologie mathématique. Ils commencent par distinguer les cadres déterministes et stochastiques, tout en explorant les principes fondamentaux de classification et d'interprétation des modèles épidémiologiques. Les modèles classiques d'interaction des populations, tels que le système de Lotka-Volterra, sont présentés avec

des formulations dynamiques adaptées à la propagation des maladies. Une attention particulière est portée aux modèles compartimentaux, évoluant du cadre SIR de base vers des variantes plus complexes comme SIS, SIRS et SEIR. Ces modèles intègrent des processus démographiques, une immunité déclinante et des effets stochastiques. Les chapitres se concluent par une analyse des états d'équilibre, des courbes épidémiques et de l'impact du bruit et de la diffusion sur la dynamique de transmission.

Le chapitre 3 enrichit le cadre de modélisation en introduisant des méthodes stochastiques sophistiquées adaptées aux systèmes épidémiologiques dynamiques. Il débute par des concepts fondamentaux tels que le mouvement brownien, les processus de Lévy et les processus stochastiques généraux, jetant les bases pour l'intégration stochastique, incluant le calcul d'Itô multidimensionnel et les inégalités associées. Ce chapitre examine ensuite les équations différentielles stochastiques, en se concentrant sur l'existence et l'unicité des solutions, ainsi que sur des schémas numériques comme Euler-Maruyama. De plus, il explore différentes notions de stabilité, notamment la stabilité probabiliste et exponentielle, et aborde les propriétés ergodiques des solutions, discutant de la récurrence, de la transience et du comportement statistique à long terme des modèles stochastiques.

Le chapitre 4 présente une contribution théorique majeure en étudiant l'effet des perturbations par sauts sur les modèles stochastiques SIRS. Il fournit des résultats analytiques rigoureux concernant la positivité, l'existence, la persistance et l'extinction des solutions en présence de sauts aléatoires. Ce chapitre inclut des simulations numériques détaillées illustrant ces résultats, offrant des interprétations graphiques des scénarios de persistance et d'extinction. En combinant des preuves mathématiques avec des expériences computationnelles, nous mettons en évidence l'interaction complexe entre la stochastique et la dynamique épidémique. La discussion se conclut par des perspectives pour un raffinement futur des modèles.

Le chapitre 5 marque une avancée théorique significative en établissant les conditions nécessaires et suffisantes pour le comportement des modèles stochastiques SIRS avec des exposants de taux de transmission modulés. Il propose des résultats rigoureux sur l'extinction et la persistance, soutenus par des analyses détaillées de la stabilité des équilibres sans maladie et de divers critères de stabilité stochastique. À l'aide de chaînes de Markov à deux états, ce chapitre explore plusieurs régimes de paramètres pour illustrer les transitions entre extinction et persistance. Ces résultats théoriques sont complétés par des simulations exhaustives révélant la complexité dynamique du modèle. Cette contribution améliore notre compréhension des influences stochastiques dans des environnements à transmission variable.

Le chapitre 5.6 synthétise les principales conclusions de ce travail, offrant une réflexion approfondie sur leurs implications pour l'épidémiologie mathématique. Il compare les forces et les limites des modèles compartimentaux par rapport aux modèles basés sur les agents, soulignant leur pertinence en fonction de la complexité et des objectifs de l'étude. Ce chapitre aborde des questions critiques liées au contrôle des épidémies, telles

que l'immunité de groupe, les stratégies de vaccination, la résolution spontanée et les incertitudes entourant la durée de l'immunité. Il souligne l'importance des cadres de modélisation adaptatifs pour soutenir la prise de décision en santé publique et met en avant le rôle des simulations et d'une communication claire pour améliorer la compréhension publique des dynamiques épidémiques.

Les programmes informatiques A regroupent une collection structurée des implémentations Python correspondant aux chapitres principaux. Chaque section documente le code utilisé pour les simulations, les analyses et les visualisations, garantissant la transparence et la reproductibilité des résultats computationnels. L'annexe commence par une vue d'ensemble générale, suivie de sections alignées avec les chapitres 1 à 5. Ces implémentations renforcent les développements théoriques tout en offrant une base pour de futures recherches et applications pratiques. L'annexe se termine par des remarques sur les améliorations et extensions potentielles de la base de code.

L'annexe B propose une classification méthodique des intégrales stochastiques fondamentales, incluant les identités d'Itô et les principaux résultats du calcul stochastique. Ces expressions mathématiques jouent un rôle central dans les développements analytiques des chapitres 3 à 5, notamment pour l'étude des équations différentielles stochastiques à sauts et à paramètres variables.

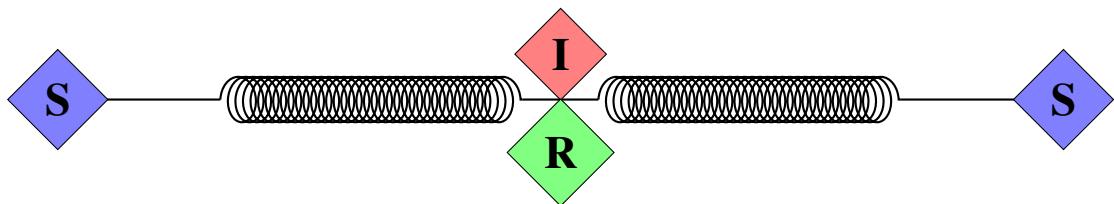
L'annexe C constitue une double ressource :

- C.2 Un lexique bilingue (anglais/français) des concepts clés du calcul stochastique, respectant les appellations originales tout en harmonisant les conventions d'abréviation entre les langues.
- C.3 Une chronologie inversée des figures marquantes ayant contribué au développement du mouvement brownien et du calcul stochastique, éclairant les bases théoriques de cette étude.

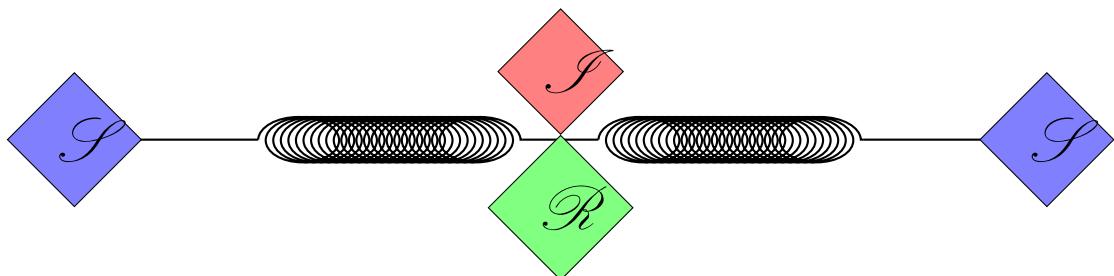
Cette annexe établit des liens entre les concepts mathématiques et leurs racines interdisciplinaires en physique théorique, modélisation biologique et mathématiques financières.

Cette thèse intègre avec succès l'innovation théorique et l'applicabilité pratique, proposant de nouvelles méthodologies mathématiques pour analyser les dynamiques épidémiques et contribuant à des outils robustes pour la recherche en santé publique. Les résultats renforcent notre capacité à modéliser la complexité de la transmission des maladies infectieuses tout en maintenant des normes élevées de rigueur mathématique et de clarté analytique.

# Première Partie



*L*ES TROIS PREMIERS CHAPITRES POSENT LES FONDEMENTS DES SYSTÈMES DYNAMIQUES ET DE LA MODÉLISATION MATHÉMATIQUE. LE PREMIER CHAPITRE INTRODUIT LES CONCEPTS FONDAMENTAUX DES SYSTÈMES DYNAMIQUES ET LEUR RÔLE EN MODÉLISATION. LE SECONDE EXPLORE LES DIFFÉRENTES VARIATIONS DU MODÈLE SIR, TELLES QUE SI, SIS, SEIR ET SIRS, EN METTANT EN LUMIÈRE LEURS CARACTÉRISTIQUES SPÉCIFIQUES. ENFIN, LE TROISIÈME CHAPITRE TRAITE DU CALCUL STOCHASTIQUE, ESSENTIEL POUR INCORPORER L'ALÉATOIRE DANS LES MODÈLES ÉPIDÉMIOLOGIQUES.



# Introduction aux systèmes dynamiques et modélisation mathématique

## 1.1 Systèmes dynamiques

### 1.1.1 Concept de système dynamique

Les systèmes dynamiques constituent une branche des mathématiques qui étudie les systèmes régis par un ensemble cohérent de lois, impliquant généralement des processus dépendant du temps tels que les équations différentielles et aux différences. L'objectif principal de l'étude des systèmes dynamiques est de comprendre les propriétés géométriques des trajectoires et leur comportement à long terme. Ces systèmes peuvent modéliser une grande variété de phénomènes, notamment le mouvement des planètes dans le système solaire, la propagation des maladies dans les populations, la croissance et la forme des plantes, l'interaction des impulsions optiques, ainsi que les processus régulant les circuits électroniques et le cœur [42-47]. Un système dynamique peut être défini comme un ensemble d'entités, ou composantes du système, qui interagissent entre elles, assurant son évolution dans le temps, c'est-à-dire sa dynamique temporelle. Une théorie unifiée et descriptive peut être formulée. Un système dynamique se compose d'un espace des phases ou espace d'état abstrait, dont les coordonnées décrivent l'état à tout instant, et d'une règle dynamique qui spécifie l'évolution immédiate de toutes les variables d'état en fonction uniquement de leurs valeurs actuelles.

Un système dynamique est décrit par un ensemble de variables dynamiques, qui peuvent être représentées par un vecteur colonne  $\mathbf{X} = (x_1, x_2, \dots, x_n)^T$  dans  $\mathbb{R}^n$ . L'état du système à un instant  $t$  donné est décrit de manière unique par un point  $\mathbf{X}$  dans l'espace des phases. Les termes  $x_i$  sont des coordonnées généralisées pouvant représenter diverses quantités. Collectivement, les valeurs associées aux quantités des entités du système évoluent dans le temps. Le comportement du système découle des variations

temporelles de ces valeurs, ce qui rend essentielle la compréhension et la prédition de sa dynamique. L'étude formelle des systèmes dynamiques implique l'examen de modèles mathématiques spécifiques à une discipline particulière, comme l'épidémiologie, explorée dans ce travail à travers le processus de propagation des épidémies. Certains systèmes peuvent être dérivés de principes fondamentaux et testés pour démontrer une précision expérimentale suffisante, permettant le développement d'outils analytiques et potentiellement la résolution de leur complexité.

### 1.1.2 Classes de systèmes dynamiques

Les systèmes dynamiques peuvent être classés en trois catégories principales : les systèmes déterministes, les systèmes stochastiques ou aléatoires, et les systèmes présentant un comportement chaotique.

#### 1.1.2.1 Systèmes dynamiques déterministes et stochastiques

L'évolution globale  $\phi(t)$  d'un système dynamique déterministe est uniquement déterminée une fois spécifié un état initial  $\phi(t_0)$ . L'évolution du système dans le temps est décrite par une équation différentielle du premier ordre de la forme

$$\frac{d\phi(t)}{dt} = f[\phi(t), u], \quad (1.1)$$

où  $f$  est une fonction non linéaire des coordonnées  $\phi$ . De plus,  $f$  peut dépendre explicitement du temps  $t$ . Si  $f$  ne dépend pas du temps, le système est dit *autonome*. Le paramètre  $u$  sert de paramètre de contrôle, et ses valeurs peuvent influencer significativement la dynamique du système, pouvant conduire à des changements dans son comportement qualitatif.

Les systèmes dynamiques stochastiques, également appelés systèmes aléatoires, sont caractérisés par une distribution de probabilité des états possibles. La dynamique stochastique a ouvert de nombreuses voies pour la modélisation et l'analyse, produisant des résultats sur les variétés invariantes, les attracteurs globaux et les mesures invariantes pour de tels systèmes.

Les effets stochastiques sont d'une importance primordiale dans le développement des modèles. Des événements aléatoires se produisent dans le monde physique et tout au long de nos expériences quotidiennes. L'intégration des mathématiques des phénomènes complexes sous incertitude est essentielle pour les applications pratiques. Les modèles macroscopiques pour ces systèmes incorporent l'aléatoire de diverses manières, comme le forçage stochastique, les paramètres incertains, les sources ou entrées aléatoires, et les conditions initiales ou aux limites aléatoires. La théorie des systèmes dynamiques stochastiques et des équations différentielles stochastiques fournit des outils fondamentaux

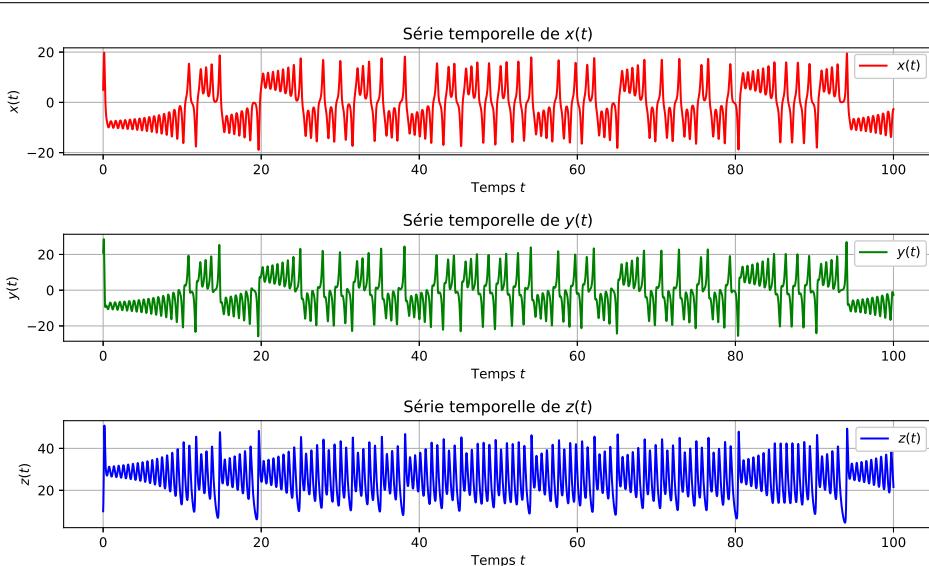
pour modéliser, analyser et prédire des phénomènes complexes [48-50].

### 1.1.2.2 Un modèle classique de système dynamique non linéaire

Le modèle de Lorenz, un système non linéaire bien connu souvent appelé attracteur de Lorenz, est défini par le système d'équations suivant :

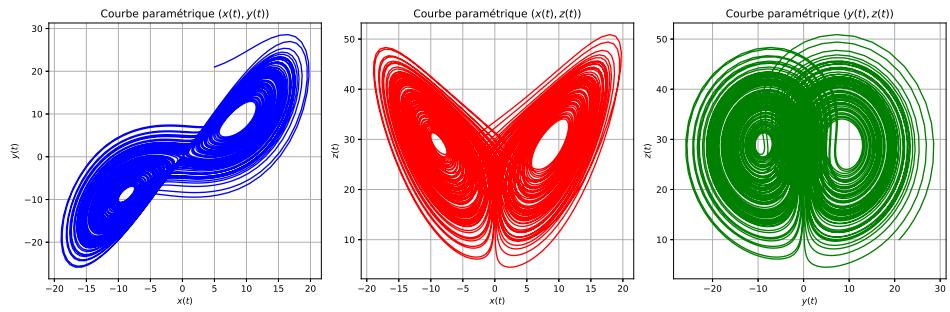
$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} &= \sigma(y - x), \\ \frac{dy}{dt} &= x(\rho - z) - y, \\ \frac{dz}{dt} &= xy - \beta z, \end{cases}$$

où  $x = x(t)$ ,  $y = y(t)$  et  $z = z(t)$ . L'intervalle de temps est fixé à  $t \in [0, 100]$ , avec les conditions initiales  $x(0) = 5$ ,  $y(0) = 21$  et  $z(0) = 10$ . Les paramètres du système sont  $\sigma = 10$ ,  $\rho = 30$  et  $\beta = 8/3$ . Les figures suivantes montrent les fonctions  $t \mapsto x(t)$ ,  $t \mapsto y(t)$  et  $t \mapsto z(t)$  (Figure 1.1). Pour le code, voir A.1.



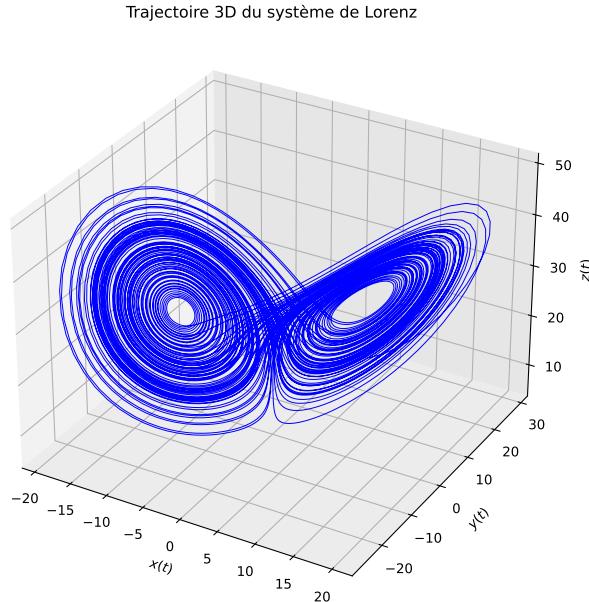
**FIGURE 1.1.** Représentation des fonctions  $t \mapsto x(t)$ ,  $t \mapsto y(t)$  et  $t \mapsto z(t)$ .

Les figures suivantes illustrent des représentations en coupe des fonctions inconnues  $x(t)$ ,  $y(t)$  et  $z(t)$  (Figure 1.2). Pour le code, voir A.2.



**FIGURE 1.2.** Un modèle dynamique complexe : le modèle de Lorenz avec les courbes paramétriques  $t \mapsto (x(t), y(t))$ ,  $t \mapsto (x(t), z(t))$  et  $t \mapsto (y(t), z(t))$ .

Dans ce travail, cette procédure de représentations partielles des trajectoires de phase, comme  $(x(t), y(t))$ ,  $(y(t), z(t))$  et  $(x(t), z(t))$ , sera appliquée au modèle épidémiologique SIR. Dans l'exemple de Lorenz, il est également possible de fournir une représentation tridimensionnelle  $t \mapsto (x(t), y(t), z(t))$  des trajectoires de phase (Figure 1.3). Pour le code, voir A.3.



**FIGURE 1.3.** Représentation tridimensionnelle des trajectoires de phase de la courbe paramétrique  $t \mapsto (x(t), y(t), z(t))$ .

## 1.2 Concepts généraux sur la modélisation mathématique

### 1.2.1 Modélisation mathématique

La modélisation mathématique est une approche qui génère un modèle. Aujourd’hui, elle est considérée comme une méthode efficace pour reproduire des phénomènes réels sous forme d’équations, traitant des variables et des paramètres. À ce titre, la modélisation peut être vue comme une représentation symbolique de certains aspects d’un objet ou d’un phénomène réel, comme la propagation d’une épidémie. Il convient de noter que les modèles mathématiques ne sont pas la seule forme de modélisation. En l’absence de mesures, des représentations schématiques peuvent servir d’alternative [44, 45]. Dans les deux cas, la modélisation s’avère une approche efficace, surtout lorsqu’elle est combinée à des méthodes expérimentales rigoureuses et à leurs contraintes associées. Le processus de modélisation d’un phénomène physique ou d’un événement est délicat, chronophage et souvent sujet à critiques [43, 49].

### 1.2.2 Classification et caractérisation des modèles en modélisation mathématique

Bien qu’elle puisse varier en formalisme, l’acte de modélisation mathématique suit certains principes qui renforcent son statut d’approche scientifique [43-45, 49].

- Définir le problème du phénomène à modéliser, en mettant en évidence les questions à traiter.
- Identifier les actions à entreprendre.
- Prendre en compte les données et connaissances disponibles, accessibles par des expériences et observations.

Un modèle mathématique est une description d’un système ou d’un processus (l’épidémiologie n’y fait pas exception) utilisant des outils et un langage mathématiques. Le processus d’élaboration des modèles mathématiques est appelé modélisation mathématique. Nous nous concentrerons sur la modélisation des maladies infectieuses et de leur propagation. Les modèles mathématiques sont développés pour aider à expliquer un système, étudier les effets de ses diverses composantes et faire des prédictions sur son comportement [42-44].

Parmi les avantages, on peut citer :

- Les mathématiques constituent un langage très précis qui nous aide à formuler des idées et à identifier des hypothèses.
- Les mathématiques sont un langage concis avec des règles bien définies pour la manipulation.
- Nous disposons d’un ensemble de concepts, tant théoriques que pratiques, qui constituent l’héritage des découvertes du travail des mathématiciens et tout au long

de l'histoire.

- Les avancées technologiques ont fourni des outils de calcul numérique, de résolution et de visualisation qui complètent notre curiosité pour comprendre même les processus les plus infimes ou discrets.

Les modèles mathématiques sont généralement constitués de paramètres et de variables reliés par des formulations précises et bien pensées : les équations d'état. Les variables sont des abstractions des propriétés du système qui peuvent être quantifiées ou mesurées. Les modèles peuvent être classés selon le processus modélisé, comme les modèles dynamiques/statiques. Un modèle dynamique prend en compte les changements dans l'état du système au fil du temps, tandis qu'un modèle statique calcule les quantités du système en supposant que celui-ci ne change pas dans le temps et est donc invariant dans le temps. Les modèles dynamiques utilisent souvent des équations différentielles ou des équations aux différences.

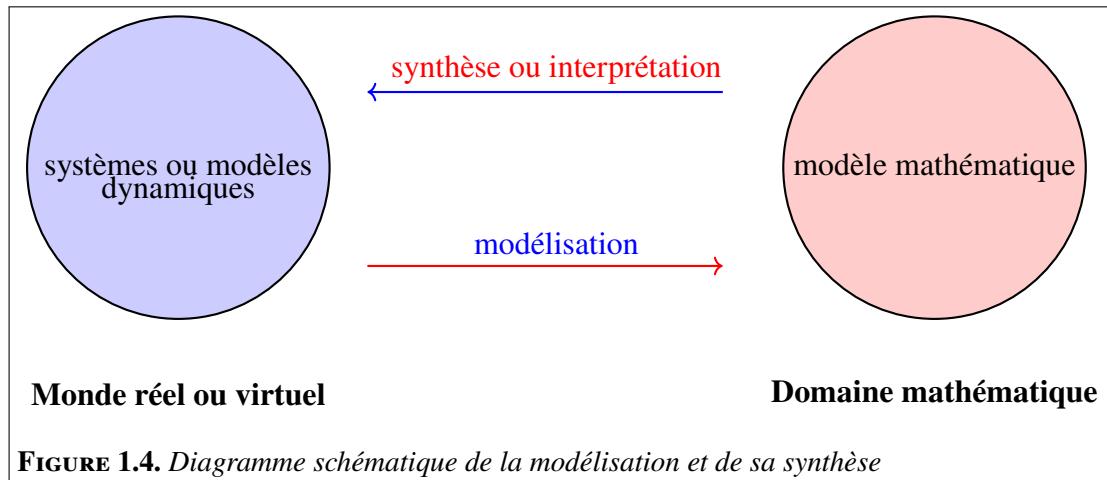
Les modèles que nous considérerons dans ce travail sont des modèles dynamiques [43, 44]. Les modèles discrets traitent le temps ou les états du système comme discrets. Les modèles continus intègrent le temps et les états du système comme continus. Un modèle déterministe est un modèle dans lequel chaque ensemble de variables est uniquement déterminé par les paramètres du modèle et l'état initial des variables. Les modèles stochastiques sont caractérisés par l'aléatoire, et les états des variables sont décrits par des distributions de probabilité. En plus de ces deux classes principales de modèles, les formes spécifiques de modélisation suivantes sont également couramment appliquées. Modèles géométriques Modèles de simulation et Modèles basés sur des structures de données

### 1.3 Exigences, développement et interprétation des modèles mathématiques en épidémiologie

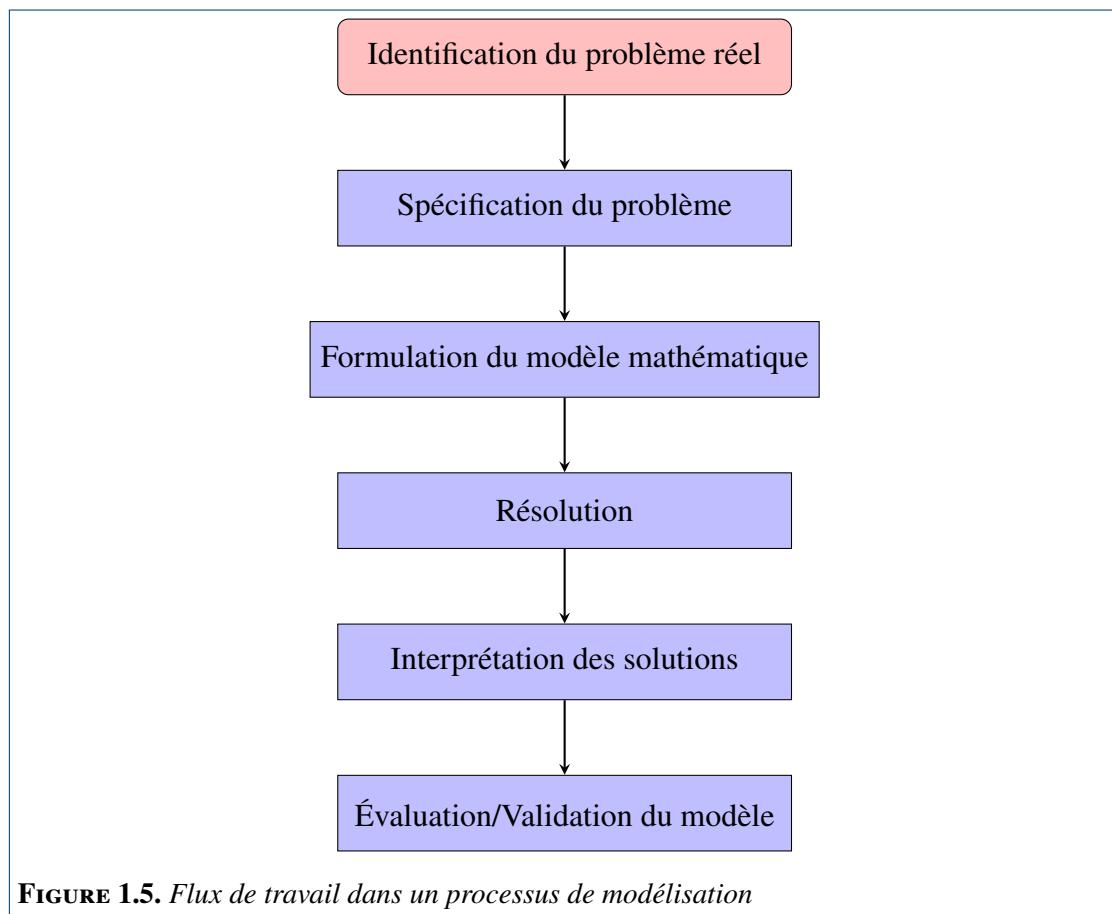
Le processus de modélisation consiste à traduire un scénario donné (biologique, épidémiologique, etc.) en un problème mathématique. Ce processus commence généralement par une description claire des processus ou systèmes basée sur la compréhension qu'a le scientifique du système. La traduction en équations mathématiques doit être réalisée avec un objectif spécifique en tête. Le modèle mathématique ne doit incorporer que les caractéristiques pertinentes pour les objectifs visés. La résolution du modèle conduit à des solutions destinées à :

- L'analyse pour produire des quantités critiques gouvernant le comportement global des solutions
- L'estimation des paramètres du modèle
- La manipulation de ces paramètres par simulation pour évaluer leur importance dans la nature de la solution

- L'adaptation aux données disponibles ou aux données utilisées pour simuler des expériences susceptibles de produire des résultats



Une fois le modèle compris, ses résultats doivent être interprétés dans le contexte du scénario considéré, permettant potentiellement de répondre à la question initiale. Au minimum, nous devons répondre aux questions suivantes : Qu'avons-nous appris sur le monde réel à travers le modèle ? Le message de notre modèle est-il étayé par des informations sur le système ? Le schéma suivant décrit un type de processus de modélisation mathématique pour un phénomène spécifique, avec pour objectif final d'évaluer ou valider le modèle mathématique initié. Les agents infectieux ont façonné le monde, orientant la santé publique vers la simplicité tout au long de l'histoire. La sélection et l'adoption d'un modèle mathématique en épidémiologie doivent être abordées avec soin. Ces modèles sont soumis à des critères spécifiques, dont le plus important est de clarifier l'objectif visé par un modèle mathématique pour la propagation d'une épidémie, c'est-à-dire "un modèle mathématique dans quel but ?" Les modèles mathématiques sont en effet des outils de recherche, mais ils peuvent également répondre à des questions cruciales de santé publique concernant une épidémie, comme son ampleur, son évolution temporelle ou les stratégies potentielles de contrôle. À cette fin, un modèle épidémique doit reposer sur un réalisme orienté vers la simplicité. Cela ne signifie pas exclure divers aspects possibles de l'épidémie, mais plutôt incorporer les composantes clés qui représentent le mieux la propagation de l'épidémie [48, 50, 51].



## 1.4 Spécificités des modèles mathématiques en épidémiologie

La modélisation épidémiologique fait face au défi de ne pas être unique, même si l'objectif reste le même : modifier le taux de propagation de l'infection. Cela entraîne deux impacts sur la population : un impact réel direct dû à l'épidémie (principalement la contamination) et un impact indirect véhiculé par le modèle, avec comme enjeu majeur leur corroboration, si elle existe [46, 52]. Comme mentionné précédemment, la hiérarchie des considérations pour établir un modèle mathématique dépend principalement du phénomène épidémiologique compris et établi, qui peut être descriptif, qualitatif, observationnel et interprétable [47, 52].

À ce stade, l'aspect quantitatif entre en jeu, dans le sens mathématique du terme, comprenant les équations, les conditions initiales, les fonctions à calculer et les représentations. Un modèle mathématique ne peut être établi que sur la base d'hypothèses étroitement liées au phénomène épidémiologique. Le développement d'un modèle mathématique

dans une discipline mathématique, l'épidémiologie n'étant pas une exception, requiert une étape fondamentale dans le processus de modélisation. Un modèle mathématique n'est pas évident en soi, car il doit d'abord répondre à la question : « Pourquoi modéliser ? » En d'autres termes, un modèle mathématique doit répondre à des objectifs prédéfinis. Le bon sens suggère qu'en augmentant le nombre d'objectifs, la fiabilité du modèle s'améliore [43, 52].

## 1.5 Types de modèles mathématiques en épidémiologie

### 1.5.1 Modèles déterministes

Les premières propositions de modèles épidémiologiques remontent au début du XX<sup>e</sup> siècle, chacune influencée par les hypothèses qui les prédeterminent. Deux modèles fondamentaux sont proposés : le modèle déterministe et le modèle stochastique. Le premier de ces modèles a jeté les bases de ce que l'on appelle aujourd'hui « la modélisation mathématique en épidémiologie ».

Le travail de Hamer [53] a établi les bases des modèles déterministes en épidémiologie [46]. L'hypothèse sous-jacente à ce modèle est la suivante : le nombre de nouveaux cas signalés pour une maladie infectieuse dépend du nombre d'individus susceptibles, du nombre d'individus déjà infectés et d'un coefficient de proportionnalité représentant le taux de contagion. Ce coefficient inclut la virulence de l'agent infectieux et, plus important encore, sa capacité à se propager, ainsi que la fréquence des contacts entre individus sains et infectés. Plus tard, ce modèle simplifié s'est révélé insuffisant pour rendre compte de la complexité d'un phénomène épidémiologique. De ce fait, de nouvelles hypothèses ont été ajoutées, rendant le modèle plus complexe et également plus réaliste. Cela a conduit à la proposition de modèles compartimentaux ou modèles épidémiques basés sur des classes [52].

### 1.5.2 Modèles infectieux compartimentaux

En épidémiologie, la méthodologie de gestion des flux non uniformes d'individus qui ne répondent pas tous aux mêmes critères de classification (comme sains, potentiellement infectés, en convalescence, etc.) a été une préoccupation clé. Il est donc naturel de considérer leur répartition dans des classes épidémiologiques index[terms]C !compartiments épidémiologiques|hyperpage ou compartiments. À travers leur identification et leur agencement, ces compartiments forment les unités de base pour la modélisation mathématique d'une épidémie. Il convient de noter que ces compartiments ne sont pas isolés, mais ouverts et étroitement interconnectés, car sinon le concept même d'épidémie perdrat son sens. Une analogie évidente peut être faite avec la dynamique des systèmes, un sujet très important en physique [43, 49, 52].

La population au sein d'un compartiment est supposée homogène, ce qui signifie que les individus dans le compartiment partagent le même statut vis-à-vis de l'infection et conservent ce statut tant qu'ils restent dans le compartiment. Un individu qui change d'état (en raison de l'immunité ou de la mort) doit passer dans un autre compartiment. Cela entraîne des flux inter-compartimentaux, conduisant à des variations dans les tailles respectives des populations. Ce type de modèle est dit déterministe.

Les dynamiques générées par le phénomène épidémique sont similaires à celles décrites dans les systèmes dynamiques, ce qui nécessite la définition de conditions initiales qui détermineront l'évolution du système. Les flux entre compartiments dépendent uniquement des tailles de population des compartiments et des coefficients de proportionnalité, tels que les taux de contagion, de guérison, etc. Un modèle déterministe exclut les critères probabilistes. Par conséquent, les conditions initiales définies conduiront toujours à la même évolution du système. Ce sont des systèmes déterministes à temps continu. La variable « temps  $t$  » est donc fondamentale dans les équations régissant cette catégorie de systèmes. Comparé à un pas de temps  $\Delta t$ , le nombre de nouveaux cas est évalué uniquement au cours de cet intervalle de temps, et non au nombre d'individus enregistrés après  $\Delta t$ . L'évolution est donc continue, mais non instantanée [43, 52, 53].

### 1.5.3 Formulation d'un modèle

En principe, plus un modèle mathématique est complexe, plus il devient représentatif du phénomène qu'il doit décrire. Il convient de noter qu'un tel modèle doit répondre à des objectifs qui n'entrent pas inutilement dans la complexité. Un modèle mathématique conçu pour comprendre la propagation d'une pandémie n'est qu'un outil pour aider à sa gestion sanitaire, sans prétendre répondre à toutes les questions soulevées par sa propagation.

En rejetant la notion d'un modèle standard absolu, nous nous limitons à considérer le modèle mathématique comme un reflet des hypothèses ou des postulats. Tout au long de son développement, les critères de ces hypothèses prédétermineront sa fiabilité. Il est essentiel qu'elles soient choisies avec soin et, surtout, de manière objective, comme ce sera le cas dans cette étude. Cependant, un modèle mathématique établi, comme celui d'une pandémie, doit être abordé avec humilité et relativité, permettant l'extrapolation ou les projections temporelles pour fournir une autre perspective sur le phénomène de la propagation de la pandémie. Le revers de la médaille réside dans la complexité que de tels systèmes demandent, avec la tâche difficile de résoudre des modèles mathématiques basés sur des systèmes d'équations différentielles non linéaires. La détermination d'une solution analytique est souvent impossible [53, 54].

Le calcul des solutions peut être effectué à l'aide d'algorithmes spécifiques, tels que la méthode d'approximation par différences finies. Pour cette étude, nous avons utilisé la bibliothèque de résolution d'équations différentielles ordinaires (EDO) disponible dans le langage de programmation Python. Plus précisément, nous avons utilisé la fonction

`solve_ivp` de la bibliothèque `scipy`, qui présente l'avantage de fournir des solutions graphiques pour des systèmes d'équations différentielles non linéaires, ce qui la rend parfaitement adaptée pour la phase d'interprétation. Le diagramme présenté dans la Figure 1.6 est un exemple de procédure utilisée dans le processus de modélisation.

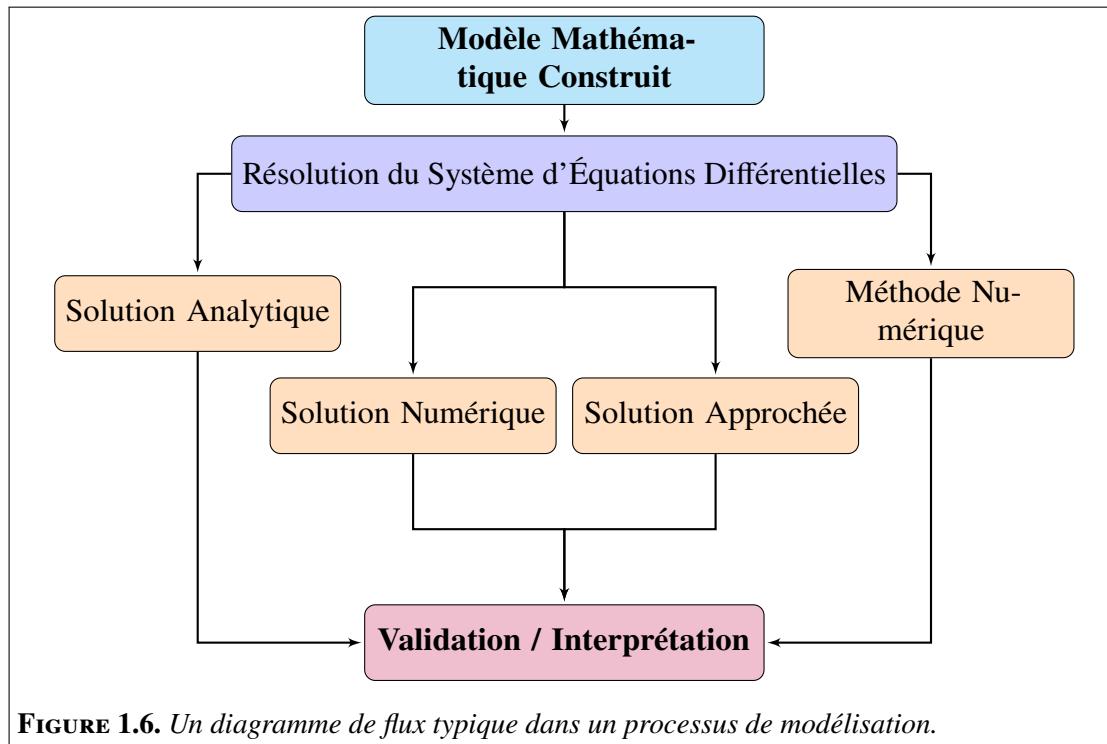


FIGURE 1.6. Un diagramme de flux typique dans un processus de modélisation.

## 1.6 Dynamique des Populations et Formulation Mathématique

La traduction de la dynamique des populations dans le langage mathématique a d'abord été accueillie avec scepticisme, voire curiosité, car l'approche descriptive était prévalente à l'époque. L'application d'un modèle mathématique à un phénomène biologique, par exemple, semblait transgresser les méthodologies établies d'observation, d'expérimentation et d'interprétation qui avaient été largement acceptées jusqu'alors. L'attribution d'une équation mathématique à un fait biologique ou à un problème de santé publique était considérée presque comme hérétique. Cette opposition apparente pourrait suggérer une concurrence entre les approches, impliquant un renversement de

primauté et de hiérarchie. Cependant, ce n'est pas le cas. Il est plus précis de parler de complémentarité, car les observations ou les descriptions en biologie sont matérialisées à travers des questions posées, et les modèles mathématiques, riches de leurs concepts, contribuent à la proposition de solutions scientifiquement validées [55].

Les modèles mathématiques destinés à l'étude de la dynamique des populations remontent au XVIIe siècle, et les premières applications du calcul différentiel en épidémiologie sont attribuées à Bernoulli [56]. Le travail de P. D. Enko a jeté les bases de ce qui pourrait être appelé "l'épidémiologie mathématique", étendue aux maladies infectieuses (1873) [Wikipedia John Snow \(1847\)](#) par Thomas Jones Barker.

En ce qui concerne l'étude des dynamiques centrées sur l'évolution des populations, c'est sans aucun doute le modèle mathématique d'Alfred Lotka (1925) [57] et Vito Volterra [58] (1926) qui retient l'attention avec le modèle "prédateur-proie".

## 1.7 Un modèle dynamique de l'évolution des populations

Le modèle le plus simple pour décrire et comprendre l'évolution démographique d'une population, en termes de croissance ou de déclin, est de relier ces changements à un paramètre qui quantifie cette évolution. Ce paramètre est défini comme la taille proportionnelle de la population, liée à son augmentation en termes de régénération ou à sa diminution en termes d'extinction de l'espèce. Une autre hypothèse simplificatrice serait de considérer qu'une population évolue dans un système isolé, c'est-à-dire sans influence externe mais se régénérant de manière interne. Mathématiquement, l'évolution  $y$  au cours du temps de la population en fonction de  $t$  suit l'équation différentielle :

$$y'(t) = ky(t).$$

Le facteur  $k$  représente le taux d'évolution de l'espèce mentionnée ci-dessus. Une intégration élémentaire de cette EDO à variables séparables donne :

$$y(t) = C \exp(kt).$$

Cette équation décrit la dynamique de la population au cours du temps [49, 55, 59].

Cependant, ce modèle mathématique trop simpliste ne s'applique qu'aux premiers stades de l'évolution d'une population. Un modèle plus réaliste est décrit par la fonction logistique, qui suit l'équation différentielle.

$$y'(t) = ky(t) \left(1 - \frac{y(t)}{\mu}\right).$$

Le nouveau paramètre  $\mu$  est appelé le paramètre de capacité de charge. Nous résolvons l'équation logistique en la réécrivant sous la forme suivante :

$$\frac{y'}{y\left(1 - \frac{y}{\mu}\right)} = k.$$

Nous considérons la fraction  $\frac{1}{y\left(1 - \frac{y}{\mu}\right)}$  et la décomposons de la manière suivante :

$$\frac{1}{y\left(1 - \frac{y}{\mu}\right)} = \frac{A}{y} + \frac{B}{1 - \frac{y}{\mu}}.$$

Après avoir réduit au même dénominateur, nous procédons à l'identification des coefficients et obtenons :

$$\begin{cases} A = 1 \\ B = \frac{1}{\mu}. \end{cases}$$

Cela nous permet d'écrire

$$\frac{1}{y\left(1 - \frac{y}{\mu}\right)} = \frac{1}{y} + \frac{1}{\mu\left(1 - \frac{y}{\mu}\right)} = \frac{1}{y} + \frac{1}{\mu - y}.$$

Nous pouvons maintenant intégrer l'équation différentielle logistique en écrivant :

$$\int \left( \frac{1}{y} + \frac{1}{\mu - y} \right) dy = k dt \implies \ln \left| \frac{y}{\mu - y} \right| = kt + c.$$

Cela nous permet également d'écrire

$$\frac{y}{\mu - y} = e^{kt+c} \implies y(t) = \frac{\mu e^{kt}}{1 + e^{kt+c}} = \frac{\mu e^{kt}}{1 + e^{kt} e^c}.$$

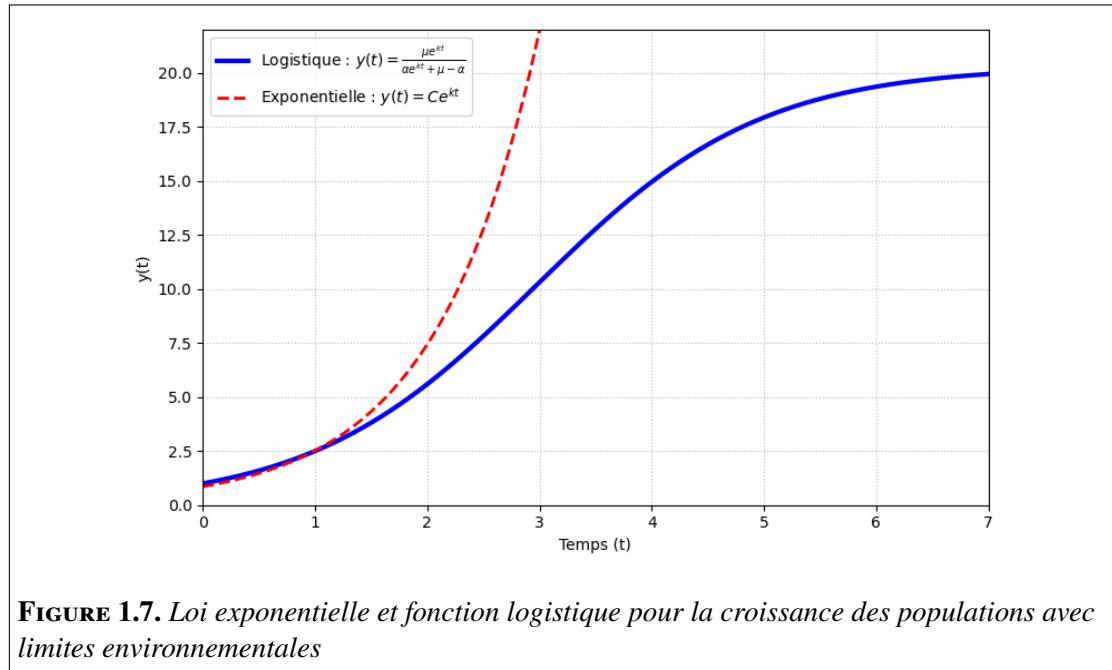
En tenant compte de la condition initiale  $y(0) = \alpha$ , nous avons ce qui suit :

$$\alpha = \frac{\mu}{1 + e^c} \implies e^c = \frac{\mu}{\alpha} - 1.$$

En substituant cette valeur de  $e^c$  dans l'expression de la fonction inconnue  $y(t)$ , nous obtenons :

$$y(t) = \frac{\mu e^{\kappa t}}{\alpha e^{\kappa t} + \mu - \alpha}.$$

Le code PYTHON ci-dessous résout à la fois l'équation différentielle menant à la loi exponentielle de  $y(t)$  et l'équation différentielle logistique, ainsi que les représentations graphiques respectives de  $y(t)$  (1.7).



## 1.8 Modèle dynamique d'un système prédateur-proie

Le plus souvent, les éléments d'une population ne vivent pas en isolement, mais plusieurs espèces peuvent coexister, l'une représentant la proie et l'autre le prédateur. Nous avons alors deux populations  $y_1$  et  $y_2$  évoluant simultanément. Le taux de variation de l'espèce  $y_1$  est une fonction linéaire de  $y_2$ , et vice versa, ce qui conduit au système d'équations différentielles suivant

$$\begin{cases} y'_1 = \left(1 - \frac{y_2}{\mu_2}\right)y_1, \\ y'_2 = \left(1 - \frac{y_1}{\mu_1}\right)y_2. \end{cases}$$

L'intégration de la première équation donne :

$$y_1(t) = C_1 \exp \left[ \left(1 - \frac{y_2}{\mu_2}\right)t \right].$$

L'intégration de la deuxième équation donne :

$$y_2(t) = C_2 \exp \left[ \left( 1 - \frac{y_1}{\mu_1} \right) t \right].$$

Les fonctions  $y_1(t)$  et  $y_2(t)$  représentent les populations de la proie et du prédateur, respectivement. Exprimons maintenant le rapport de leurs dérivées comme suit :

$$\frac{y'_1}{y'_2} = \frac{\left( 1 - \frac{y_2}{\mu_2} \right) y_1}{\left( 1 - \frac{y_1}{\mu_1} \right) y_2}.$$

En appliquant la méthode de séparation des variables, nous obtenons :

$$\int_{y_0^1}^{y_1} \frac{d\alpha_1}{\left( 1 - \frac{\alpha_2}{\mu_2} \right) \alpha_1} = \int_{y_0^2}^{y_2} \frac{d\alpha_2}{\left( 1 - \frac{\alpha_1}{\mu_1} \right) \alpha_2}.$$

Le calcul des intégrales donne :

$$\mu_2 \log \left( \frac{\mu_2 - y_0^1}{\mu_2 - y_1} \right) = \mu_1 \log \left( \frac{\mu_1 - y_0^2}{\mu_1 - y_2} \right).$$

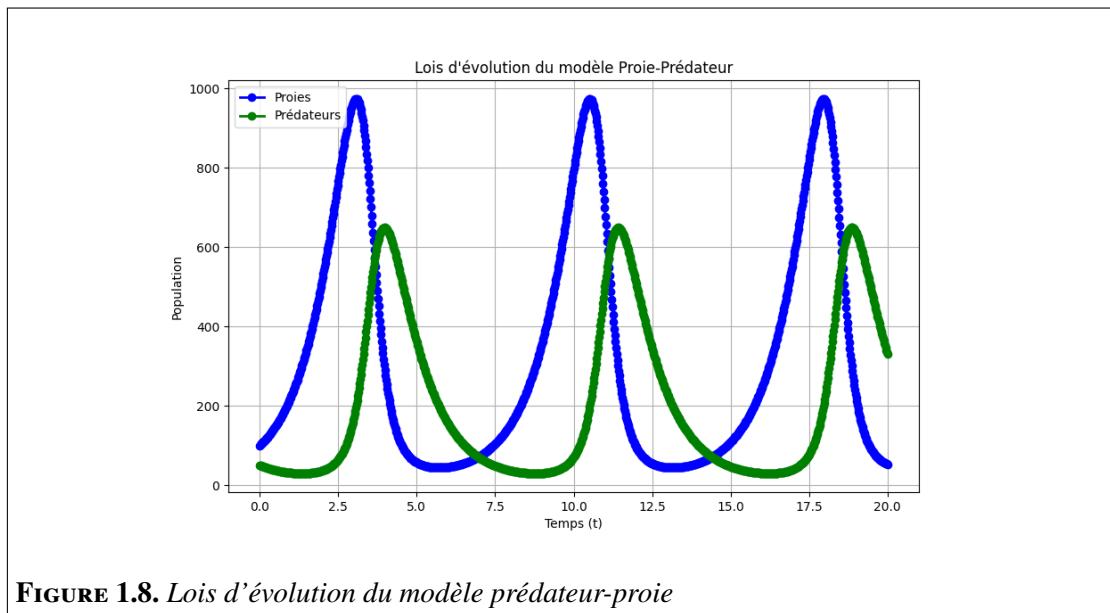
Cela peut également être écrit comme :

$$\left( \frac{\mu_2 - y_0^1}{\mu_2 - y_1} \right)^{\frac{\mu_2}{\mu_1}} = \frac{\mu_1 - y_0^2}{\mu_1 - y_2}.$$

Ainsi, il est possible de suivre l'évolution des populations prédateur-proie en fonction des populations initiales de chaque espèce. Le code **PYTHON** obtenu à l'aide du listing A.5 fournit une représentation graphique de la population de la « proie » et de la population du « prédateur » (figure 1.8).

## 1.9 Problématique de la modélisation mathématique d'une pandémie

Les modèles mathématiques dédiés à la biologie en général et à l'épidémiologie en particulier sont similaires aux modèles phénoménologiques, également appelés modèles de pattern ou "modèles mécanistes" [42, 44]. Ces modèles caractérisent les phénomènes évolutifs tels que ceux observés lors de la propagation d'une épidémie. Le concept de modèle est intrinsèquement ambigu car il fait référence à diverses interprétations qui peuvent définir ces modèles. Cependant, ils aspirent aux mêmes objectifs : fournir une



explication rationnelle et scientifique des faits observés [44].

La modélisation mathématique d'une pandémie est unique en ce sens qu'elle repose à la fois sur des approches par motifs et sur des approches mécanistes. L'aspect par motifs est lié à la nature phénoménologique de la pandémie, tandis que l'aspect mécaniste vise à comprendre les causes du phénomène pandémique. Il est donc important de noter qu'un modèle mathématique fiable d'une pandémie, comme celle du COVID-19, ne peut être développé sans comprendre les mécanismes de contamination généralisée au sein d'une population.

Le phénomène épidémiologique, dans son approche la plus simple, commence par une infection primaire pendant laquelle le virus identifié provoque une crise sanitaire au sein d'une population saine en colonisant au moins un hôte. C'est la phase d'infection. Le phénomène évolutif de la pandémie est alimenté par une dynamique de multiplication ou de reproduction du virus, non seulement au sein de l'hôte infecté mais aussi par l'“exportation” de la progéniture du virus pour coloniser d'autres hôtes : c'est la phase de contamination, qui, lorsqu'elle est limitée dans l'espace et dans le temps, est une épidémie. Lorsqu'elle devient généralisée, elle se transforme en pandémie.

## 1.10 Modèles - Courbe épidémique et Plateau

Lors de l'expansion d'une pandémie, une courbe appelée “courbe épidémique” ou *épicourbe* est régulièrement établie pour refléter la progression de l'épidémie [42, 44]. Compte tenu des préoccupations sanitaires induites, cette courbe épidémique est mise à

jour quotidiennement et fait état du nombre de personnes infectées, c'est-à-dire le nombre de personnes tombant malades chaque jour.

La courbe épidémique est tracée dans un repère où l'axe des  $x$  représente les dates d'évaluation de la pandémie et l'axe des  $y$  représente le nombre d'individus infectés par le virus à une date donnée. La courbe épidémique est mise à jour régulièrement en fonction des données disponibles. Plus qu'un simple graphique, la courbe épidémique contient des informations pertinentes sur le déclenchement d'une pandémie. Cependant, il est essentiel d'extraire, d'analyser et d'interpréter ces informations.

Une courbe épidémique peut être considérée comme une juxtaposition de séries temporelles d'infections quotidiennes avec des phases de durées inégales. L'étude d'une courbe épidémique peut être réalisée à travers des fenêtres d'analyse et des corrélations.

En général, une courbe épidémique reflète la dynamique et l'ampleur de la pandémie. Initialement, cette courbe ne peut qu'augmenter, auquel cas on parle de pandémie. Des questions récurrentes à propos de la pandémie sont régulièrement et légitimement posées. Quand l'épidémie atteindra-t-elle son pic ? La courbe épidémique diminuera-t-elle ? Montrera-t-elle un pic ou un plateau avec le temps ? Le paradoxe dans une situation pandémique est que la date exacte du début de l'épidémie est inconnue, et qu'il est difficile de prédire la fin précise de l'épidémie.

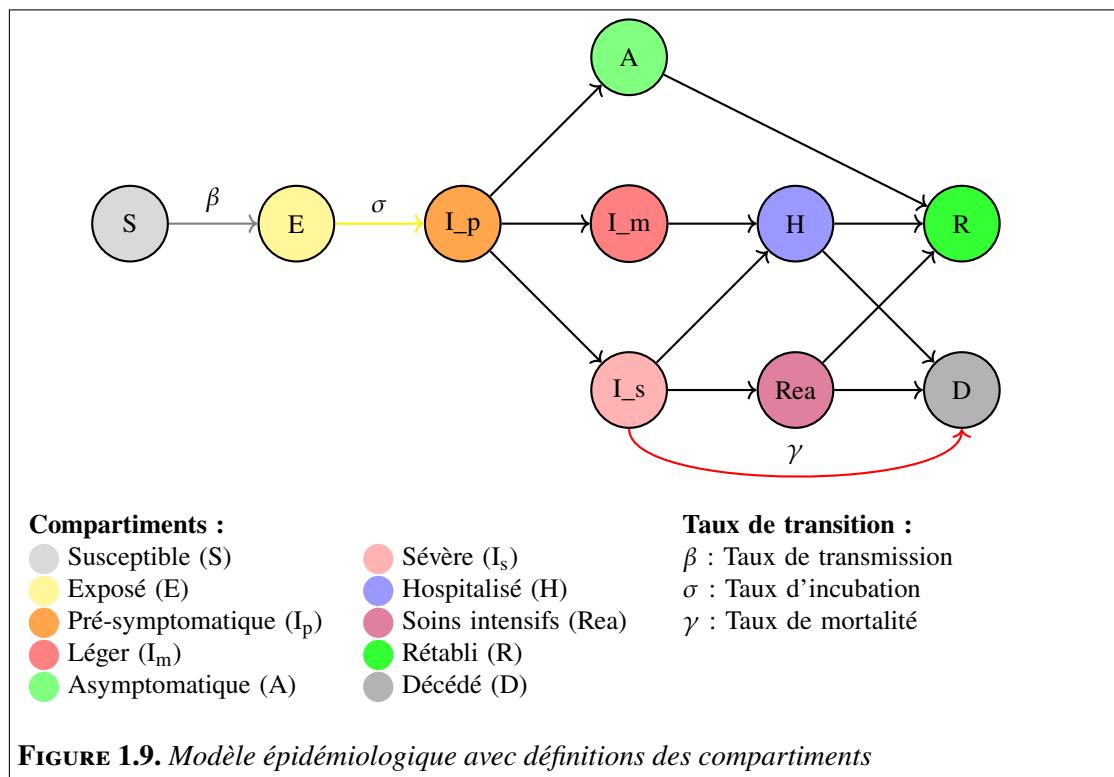
Dans les statistiques épidémiologiques, les concepts de pic et de plateau sont souvent mentionnés. Cependant, il est crucial de distinguer ces deux notions. Lorsqu'une épidémie atteint son pic, la croissance de la courbe épidémique est rapide, et il est supposé que sa décroissance sera également rapide, marquée par un point appelé "pic". Dans le cas d'un plateau épidémique, la décroissance est plus lente et un aplatissement plus ou moins prolongé est observé avant que la courbe ne se stabilise le long de l'axe du temps. Cela suggère la fin de la pandémie, loin de sa phase virulente. L'aplatissement de la courbe épidémique peut être obtenu par des confinements totaux ou partiels de la population ou en mettant en place des mesures barrières telles que le port du masque et la distanciation sociale.

## 1.11 Simplicité et Complexité d'un Modèle Épidémiologique

Les modèles épidémiologiques ne sont pas immuables ; ils peuvent être améliorés en introduisant de nouveaux compartiments et en les ajustant selon un contexte épidémiologique spécifique. Cela conduit à une multitude de combinaisons de différents compartiments, ce qui augmente la complexité du modèle. Cependant, l'objectif reste d'analyser et d'interpréter l'évolution de la même épidémie. La figure 1.9 illustre un scénario potentiel des différentes phases qui peuvent régir une situation épidémiologique. L'idée est de diviser le modèle global en sous-compartiments interconnectés qui peuvent traiter

des situations réelles. Toutefois, cette "architecture" est incomplète, car elle ne prend pas en compte tous les scénarios possibles, tels que les facteurs démographiques, les périodes d'incubation, la perte d'immunité ou les phases de vaccination, qui mériteraient d'être inclus dans le modèle [42, 44].  $S$  : Susceptible,  $E$  : Exposé,  $I_p$  : Infecté présymptomatique,  $A$  : Asymptomatique,  $I_m$  : Infecté avec symptômes bénins,  $I_s$  : Infecté avec symptômes graves,  $H$  : Hospitalisé,  $Rea$  : Hospitalisé en soins intensifs,  $R$  : Rétabli, et  $D$  : Décédé ;  $\beta$  : Taux de transmission de la maladie,  $\sigma$  : Taux d'incubation ( $\frac{1}{\text{période d'incubation}}$ ),  $\gamma$  : Taux de mortalité ( $\frac{1}{\text{durée de la maladie}}$ )

BUREAU PARLEMENTAIRE POUR L'ÉVALUATION DES CHOIX SCIENTIFIQUES ET TECHNOLOGIQUES.



Dans le cadre d'une autre complexification du modèle SEIR adapté au COVID-19, nous décrivons ci-dessous le modèle proposé par [50, 51], basé sur une compartmentation alternative du modèle SEIR en ajoutant des compartiments spécifiques à cette pandémie. Les flux régissant les "échanges" d'individus entre les différents compartiments sont quantifiés par des paramètres fixés a priori. Ce modèle inclut les compartiments de base de la modélisation épidémiologique ainsi que d'autres compartiments spécifiques au modèle proposé par les auteurs.

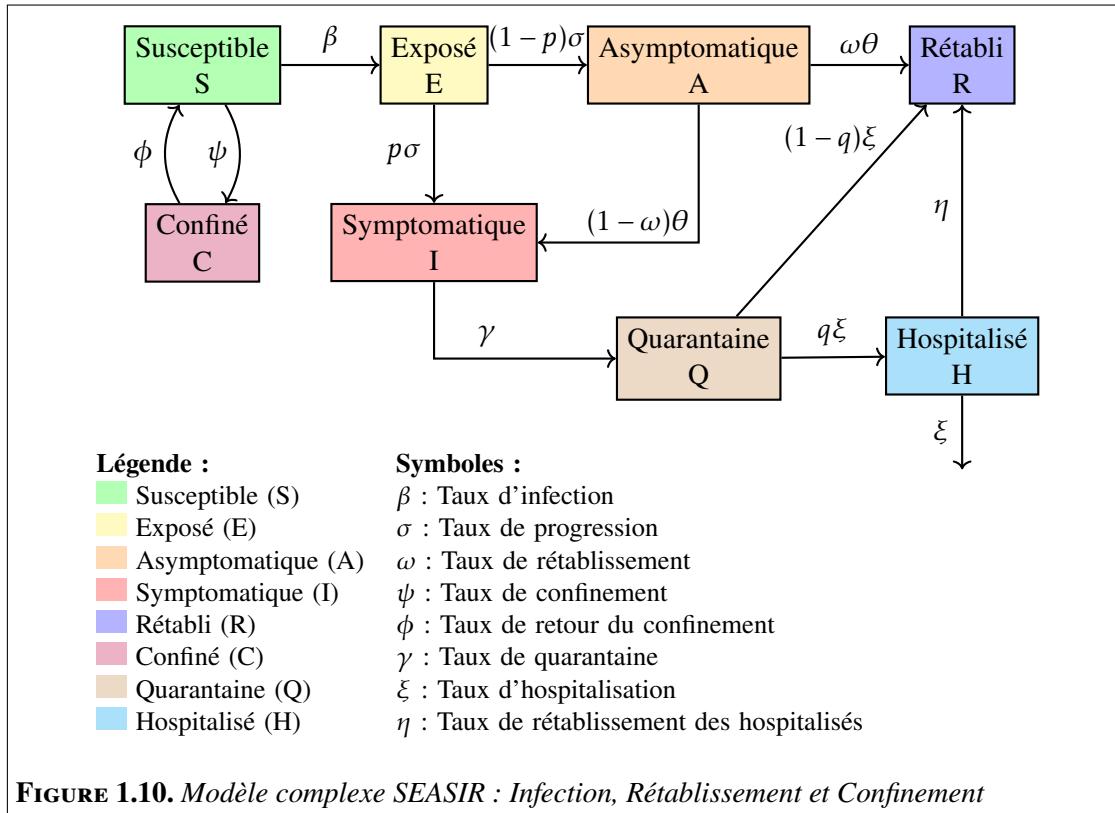
Une population susceptible  $S$  exposée au contact d'individus infectés verra son nombre réduit par une fraction ou taux d'infection  $\beta$ , appelé aussi la "force de l'infection". Cette fraction d'individus perd son statut de susceptible et entre dans le compartiment

exposé ( $E$ ), prédisposée à la contamination. Une fraction  $p$  de ces individus devient infectée par contact avec des individus infectieux à un taux de contamination  $\sigma$  et entre dans le compartiment infecté ( $I$ ). La fraction restante ( $1 - p$ ), relativement saine, forme la classe des individus asymptomatiques ( $A$ ). Le destin des individus asymptomatiques peut prendre deux formes :

- Une fraction  $w$  des individus asymptomatiques peut être déclarée non infectieuse à un taux  $\theta$ , auquel cas ils rejoignent le compartiment des rétablis ( $R$ ).
- La fraction restante ( $1 - w$ ) aura été contaminée et rejoindra le compartiment symptomatique ( $I$ ).

Parmi les mesures sanitaires en présence d'une épidémie, figure la gestion des individus infectés, c'est-à-dire ceux dans le compartiment  $I$ . Parmi les mesures possibles, il y a la quarantaine à un taux  $\gamma$ , créant un compartiment "quarantaine" ( $Q$ ). Une fraction  $q$  des individus en quarantaine peut être dirigée vers une structure hospitalière à un taux  $\xi$ , d'où le compartiment ( $H$ ). La fraction restante d'individus, soit  $(1 - q)\xi$ , rejoindra le compartiment des rétablis  $R$ , qui, rappelons-le, inclut également les décédés. Les occupants du compartiment  $H$  peuvent, à leur tour, rejoindre le compartiment des rétablis  $R$  à un taux  $\eta$ .

Le modèle décrit ci-dessus intègre une opération de confinement en créant un compartiment ( $C$ ) adjacent au compartiment susceptible ( $S$ ). Le confinement consiste à retirer un sous-ensemble d'individus du compartiment ( $S$ ) à un taux  $\psi$  et à les isoler temporairement des dynamiques épidémiques. Le déconfinement ou le reverse confinement implique l'extraction d'individus du compartiment ( $C$ ) à un taux  $\phi$  et leur réintégration dans le compartiment susceptible ( $S$ ) avec leur statut restauré. Voir la Figure 1.10. Cette organisation des compartiments permet de modéliser précisément les différents stades d'évolution de la maladie et d'analyser l'impact des mesures sanitaires. En particulier, les taux  $\beta$ ,  $\sigma$ ,  $\gamma$ ,  $\xi$ ,  $\eta$ ,  $\psi$ , et  $\phi$  traduisent les intensités respectives des phénomènes d'infection, de progression, de quarantaine, d'hospitalisation, de guérison, de confinement et de déconfinement. L'introduction du compartiment  $C$  pour le confinement illustre l'effet des politiques d'isolement social visant à réduire le nombre de susceptibles exposés. Ce mécanisme vise à ralentir la propagation en limitant les contacts potentiellement contaminants. De plus, le modèle permet de prendre en compte les asymptomatiques ( $A$ ), dont le rôle dans la dynamique épidémique est crucial car ils peuvent transmettre la maladie sans être détectés facilement. Enfin, la réintégration des individus confinés dans la population susceptible souligne la nécessité d'une gestion rigoureuse du déconfinement pour éviter une reprise rapide de l'épidémie. Ainsi, ce cadre compartimental est un outil essentiel pour simuler et prévoir l'évolution d'une épidémie en fonction des paramètres épidémiologiques et des interventions publiques.



Les auteurs du modèle ont proposé le modèle mathématique suivant.

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta S - \psi S + \phi C \\ \frac{dC}{dt} = \psi S - \phi C \\ \frac{dE}{dt} = \beta S - \sigma E \\ \frac{dA}{dt} = (1-p)\sigma - \theta A \\ \frac{dI}{dt} = p\sigma E - \gamma I + (1-\omega)\theta A \\ \frac{dQ}{dt} = \gamma I - \zeta Q \\ \frac{dH}{dt} = q\zeta Q - \eta H \\ \frac{dR}{dt} = \omega\theta A + (1-q)\zeta Q + \eta H \end{cases} \quad (1.2)$$

Comment, par exemple, peut-on quantifier dans une équation le port du masque ou la distanciation sociale ? Les modèles épidémiologiques sont ainsi soumis à de multiples sources d'incertitude. Cette complexification, par l'introduction d'un grand nombre de paramètres tels que les interactions entre individus ou les probabilités de contamination, est mise en évidence dans les équations. Ces paramètres peuvent être difficiles à définir ou à estimer.

### 1.11.1 Un autre exemple : Le modèle EHESP

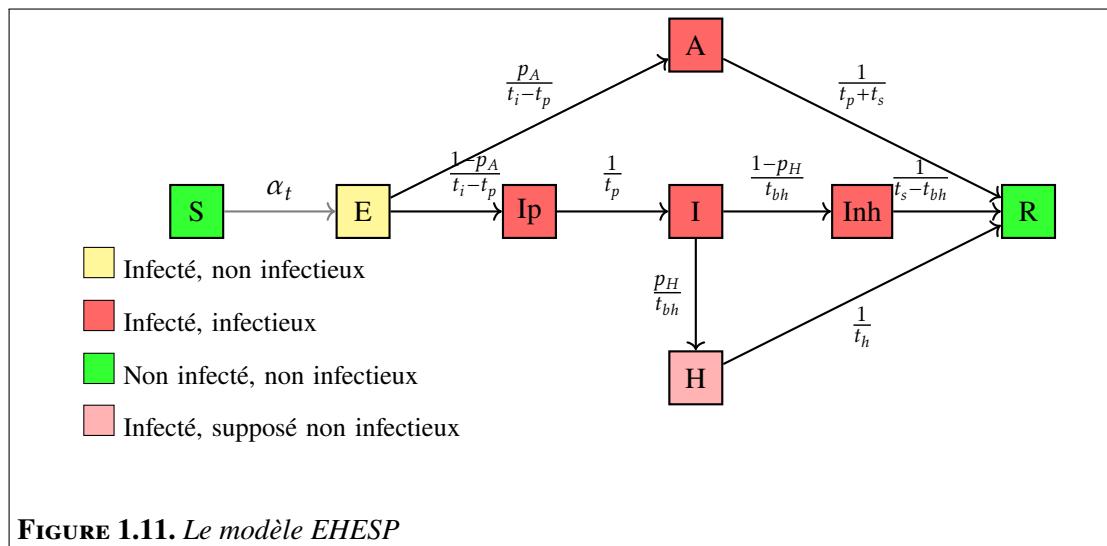


FIGURE 1.11. Le modèle EHESP

Au début de la pandémie, la majorité de la population se trouve dans le compartiment S susceptible. À un taux  $\alpha_t$  (taux d'infection), qui dépend de :

- Du nombre d'individus infectieux au temps  $t$ ,
- Du nombre de contacts quotidiens,
- Du nombre d'individus immunisés,

une portion de la population est transférée dans le compartiment  $E$  (exposé).

Ce compartiment  $E$  est supposé non contagieux, ce qui est une approximation : la phase d'incubation de la souche originale consiste en réalité en deux phases :

- Une phase non infectieuse (environ 3 jours),
- Une phase infectieuse (environ 2 jours).

Dans ce modèle, on suppose que les individus restent dans ce compartiment pendant un temps moyen  $t_i$  (temps d'incubation). Avec une probabilité  $p(A)$  (probabilité de devenir asymptomatique), ces individus deviennent asymptomatiques et sont transférés dans le compartiment  $A$ . Sinon, ils sont transférés dans le compartiment  $I$  (infectieux).

En l'absence d'hospitalisation, les individus restent infectieux pendant un temps moyen  $t_s$  (période infectieuse). Toutefois, avec une probabilité  $p(H)$  (probabilité d'hospitalisation), les personnes peuvent être hospitalisées (compartiment  $H$ ), ce qui se produit après un temps moyen  $t_{bh}$  (temps avant l'hospitalisation). Les individus affectés restent à l'hôpital pendant un temps moyen  $t_h$  (temps d'hospitalisation) avant d'être transférés dans le compartiment  $R$  (récupéré), après leur rétablissement ou leur décès. La période d'immunité après infection était inconnue au début de l'épidémie, il a donc été systématiquement supposé que la réinfection était impossible.

En raison des précautions prises par les travailleurs de la santé et du faible nombre de contacts à l'hôpital, les individus dans le compartiment  $H$  sont supposés non contagieux. Ce compartiment  $H$  a une réalité médicale, mais il est également ajouté pour des raisons pratiques. En fait, les données rapportées par les hôpitaux sont plus fiables et bien documentées. Elles fournissent des données de meilleure qualité que le nombre d'individus infectieux, qui est biaisé par le nombre de tests quotidiens effectués. Pour cette raison, de nombreux modèles épidémiologiques ont choisi de baser leur analyse sur les données d'hospitalisation<sup>1</sup>. Le modèle proposé ajoute deux compartiments :

- Divise la phase d'incubation en deux compartiments :
  - Une phase d'incubation non infectieuse (compartiment  $E$ ), avec une durée moyenne de  $t_i - t_p$ ,
  - Une phase d'incubation infectieuse  $I_p$  avec une durée moyenne de  $t_p$  (période infectieuse pré-symptomatique).
- Il ajoute également un compartiment  $I_{nh}$  (infectieux non hospitalisé), qui regroupe les individus encore infectieux mais non hospitalisés.

Intuitivement, on peut penser à ce modèle comme stratifié par âge.

---

1. Ce n'était pas le cas pour le modèle SEIRAH original, mais il a été modifié.

# Chapitre 2

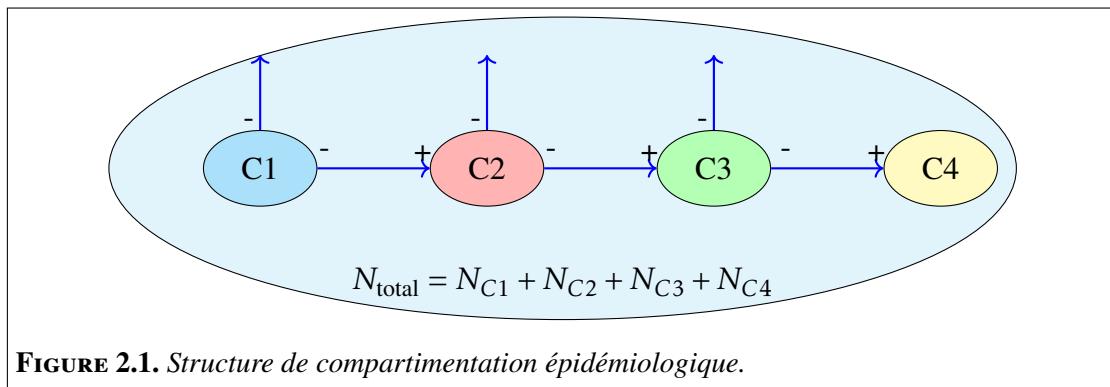
## Variations et extensions du modèle SIR en épidémiologie

### 2.1 Introduction aux modèles SIR

Il a été mentionné précédemment que la propagation d'un agent infectieux au sein d'une population s'apparente à un phénomène dynamique, impliquant l'utilisation d'un ensemble d'outils principalement mathématiques pour son approche théorique et son analyse [43, 52]. D'un point de vue épidémiologique, deux classes principales d'individus coexistent lors d'une épidémie : la classe des individus sains n'hébergeant pas l'agent infectieux (du moins temporairement) et la classe des individus malades ou infectés . Les effectifs de ces deux classes évoluent dans le temps, influencés par la présence et la fréquence des contacts entre ces deux catégories d'individus. Pour rester dans l'esprit de la dynamique des systèmes physiques, un tel phénomène épidémiologique peut être abordé à l'aide d'un modèle mathématique basé sur des équations différentielles, dont la solution rendra compte de l'évolution de l'épidémie et contribuera, dans une certaine mesure, à la gestion de la crise sanitaire. Les tailles de population mentionnées ci-dessus, qui varient au cours d'une épidémie, seront représentées par une fonction de la variable  $t$  pour chaque classe d'individus impliqués dans la pandémie [42, 44, 46].

Les premiers modèles relativement simples ont été proposés par Kermack et McKendrick [8]. Cependant, leur efficacité a été vérifiée dans le cas de plusieurs épidémies dont l'évolution suit de près celle initiée par ces modèles. Le principe de base est relativement simple : décomposer un phénomène épidémiologique global affectant une population en classes épidémiologiques ou compartiments interconnectés [60-62].

Le nombre de compartiments à considérer dépend des classes d'individus qui subissent des effets épidémiologiques (Figure 2.1).



## 2.2 Au-delà des interconnexions entre les compartiments

Au-delà des interconnexions entre les différents compartiments, ceux-ci peuvent également être influencés par des facteurs externes (apports démographiques, décès, etc.). Cependant, une des hypothèses du modèle compartimental (adjectif admis en épidémiologie) est la stabilité de l'effectif total de la population :

$$N_{\text{population}} = N_{C1} + N_{C2} + N_{C3} + N_{C4}$$

Ce modèle permet de décrire l'évolution temporelle d'une maladie au sein d'une population. Le modèle de Kermack et McKendrick repose sur des hypothèses simples concernant le flux d'individus d'un compartiment à un autre selon les lois ou règles épidémiologiques indiquées [8]. Théoriquement, le nombre de compartiments n'est pas fixé à l'avance mais dépend de la nature de l'étude à mener. La présente étude se basera sur trois puis quatre compartiments. Les mécanismes de transmission des infections sont aujourd'hui bien compris : ils répondent à une dynamique, au sens physique, de propagation et du mode de contamination. Généralement, les épidémies se transmettent par des agents infectieux. Une épidémie, qui opère sur une échelle de temps très courte, se définit comme une manifestation brutale d'une maladie qui affecte une part substantielle d'une population dans une région donnée, suivie de son extinction progressive [52].

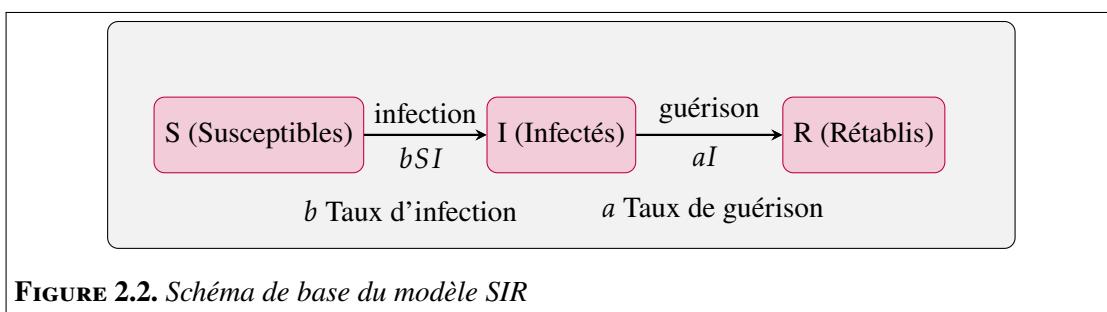
Le modèle de base le plus cité et étudié dans la littérature est le modèle **SIR**, qui fait référence à la répartition de la population en trois compartiments. Susceptibles, Infectés et Rétablis ou Retirés (immunisés ou décédés) [46]. Le modèle SIR peut s'étendre du modèle le plus élémentaire qui intègre un nombre minimal de paramètres et un scénario de propagation assez simple jusqu'aux schémas les plus élaborés. D'autres classes qui s'inscrivent dans la logique de propagation épidémique peuvent être incorporées aux compartiments S, I et R. Les composantes S, I et R deviennent alors des variables

dépendantes du temps :

$$\begin{cases} S & \rightarrow S(t) \\ I & \rightarrow I(t) \\ R & \rightarrow R(t) \end{cases}$$

- **Susceptibles (S)** : Individus sains pouvant être infectés et ne disposant pas d'immunité contre l'agent infectieux.
- **Infectés (I)** : Individus porteurs de l'infection et pouvant transmettre la maladie au contact des individus susceptibles.
- **Rétablis (R)** : Individus guéris de la maladie (ou décédés) et supposés avoir acquis une immunité permanente.

Ces compartiments sont illustrés dans la figure 2.2.



**FIGURE 2.2.** Schéma de base du modèle SIR

## 2.3 Approche heuristique du modèle SIR simplifié

### 2.3.1 Construction du modèle

L'objectif principal est d'élaborer le système d'équations différentielles qui modélise l'évolution épidémiologique relative à la figure ci-dessus en intégrant les paramètres épidémiologiques  $b$  et  $a$ .

Les fonctions de Susceptibilité , d'Infection et de Rétablissement ou Décès dépendent de la variable temporelle  $t$  (en jours) et seront notées respectivement  $S(t)$  ,  $I(t)$  et  $R(t)$  . On note  $\Delta t$  l'incrément de temps (également en jours).

Les paramètres épidémiologiques sont au nombre de deux :

- La probabilité qu'un individu susceptible soit infecté, notée  $b$  (taux d'infection).
- La probabilité qu'un individu infecté guérisse (retiré) ou décède, notée  $a$  [46, 52].

L'incrément temporel s'effectue selon le schéma classique :

$$\begin{cases} t & \rightarrow t + \Delta t, \\ S(t) & \rightarrow S(t + \Delta t), \\ I(t) & \rightarrow I(t + \Delta t), \\ R(t) & \rightarrow R(t + \Delta t). \end{cases}$$

Il faut relier les paramètres épidémiologiques au temps. Ici, nous optons pour la variation linéaire de ces paramètres (cas le plus simple). On adopte alors le modèle suivant :

$$b \rightarrow b\Delta t \quad (\text{probabilité qu'un individu susceptible soit infecté pendant } \Delta t),$$

$$a \rightarrow a\Delta t \quad (\text{probabilité qu'un individu infecté guérisse ou décède pendant } \Delta t).$$

### 2.3.2 Modélisation épidémique sous conservation de population

Les équations d'évolution sont données par :

$$\begin{cases} S(t + \Delta t) &= S(t) - (b\Delta t)S(t)I(t), \\ I(t + \Delta t) &= I(t) + (b\Delta t)S(t)I(t) - (a\Delta t)I(t), \\ R(t + \Delta t) &= R(t) + (a\Delta t)I(t). \end{cases}$$

Ce qui peut aussi s'écrire sous forme de quotients différentiels :

$$\begin{cases} \frac{S(t+\Delta t)-S(t)}{\Delta t} &= -bS(t)I(t), \\ \frac{I(t+\Delta t)-I(t)}{\Delta t} &= bS(t)I(t) - aI(t), \\ \frac{R(t+\Delta t)-R(t)}{\Delta t} &= aI(t). \end{cases}$$

En passant à la limite quand  $\Delta t \rightarrow 0$ , on obtient le système d'équations différentielles qui décrit le modèle SIR de propagation épidémique :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} &= -bS(t)I(t), \\ \frac{dI}{dt} &= bS(t)I(t) - aI(t), \\ \frac{dR}{dt} &= aI(t). \end{cases}$$

On introduit souvent la taille totale de population  $N$  impliquée dans le modèle SIR. Dans ce cas, le système devient :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -bNS(t)I(t) & \Rightarrow \frac{1}{N} \frac{dS}{dt} = -bSI, \\ \frac{dI}{dt} = bNS(t)I(t) - aNI(t) & \Rightarrow \frac{1}{N} \frac{dI}{dt} = bSI - aI, \\ \frac{dR}{dt} = aNI(t) & \Rightarrow \frac{1}{N} \frac{dR}{dt} = aI. \end{cases}$$

## 2.4 Admissibilité du modèle différentiel

Il est donc possible d'admettre le premier système d'équations différentielles comme représentant le modèle mathématique, sauf dans les cas où l'on souhaite inclure la taille de la population dans les calculs. Il convient également de noter que si le nombre  $N$  est très grand, une normalisation de la taille de population est effectuée en la divisant par la population totale, ce qui donne une taille de population fractionnaire sous forme de nombre décimal.

En additionnant les trois équations différentielles du modèle, on obtient :

$$\frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dR}{dt} = \frac{d}{dt}(S + I + R) = 0.$$

La somme  $(S + I + R)$  est donc une constante indépendante de la variable  $t$ . Elle représente précisément la taille totale de la population dans tous les compartiments :  $S + I + R = N$ .

## 2.5 Fondements théoriques et simulations des modèles SIR

Il faut rappeler que le modèle SIR constitue une version simplifiée parmi les modèles épidémiologiques. Néanmoins, ce modèle continue de faire l'objet de nombreuses études, principalement dans le domaine mathématique. Cette simplicité provient des hypothèses a priori imposées au modèle, dont les plus importantes sont énumérées ci-dessous.

- La taille de la population reste constante dans tous les compartiments et pendant la durée de l'épidémie, ce qui signifie qu'il n'y a pas de mise à jour de l'effectif démographique.
- Les variations démographiques (naissance et mort naturelle) ne sont pas incluses dans le modèle SIR de base. Cependant, des modèles plus complexes sont développés.
- Les individus rétablis (guéris ou décédés) acquièrent une immunité permanente et ne peuvent pas être réinfectés. Ces hypothèses peuvent sembler restrictives, mais dans certaines limites, elles sont satisfaites.

Nous avons la propriété suivante :

$$\begin{cases} S(t) \geq 0, \\ I(t) \geq 0, \end{cases} \quad \forall t \geq 0.$$

*Démonstration.* Supposons que pour  $t' \geq 0$ ,  $S(t') < 0$ . Dans l'intervalle  $[0, t']$ , nous considérons  $t_1$  tel que  $S(t_1) < 0$ . Sachant que  $S(0) \geq 0$  et que les fonctions  $S(t)$  et  $I(t)$  sont continues et différentiables, en particulier  $S(0)S(t') < 0$ , les conditions du théorème des valeurs intermédiaires sont satisfaites. En appliquant ce théorème, nous pouvons écrire :

$$\exists \tau \in [0, t'] \text{ tel que } S(\tau) = 0.$$

À partir de l'équation différentielle :

$$\frac{dS}{dt} = -bIS \implies \frac{dS}{S} = -bIdt.$$

L'intégration de cette équation différentielle à variables séparables conduit à :

$$S(t) = S(\tau) \exp\left(-b \int_{\tau}^t I(x)dx\right) \quad \text{avec } t > \tau.$$

Puisque  $S(\tau) = 0$ , alors  $\forall t, S(t) = 0$ , ce qui n'est pas compatible avec le modèle ; par conséquent, pour tout  $t$ ,  $S(t) > 0$ .  $\square$

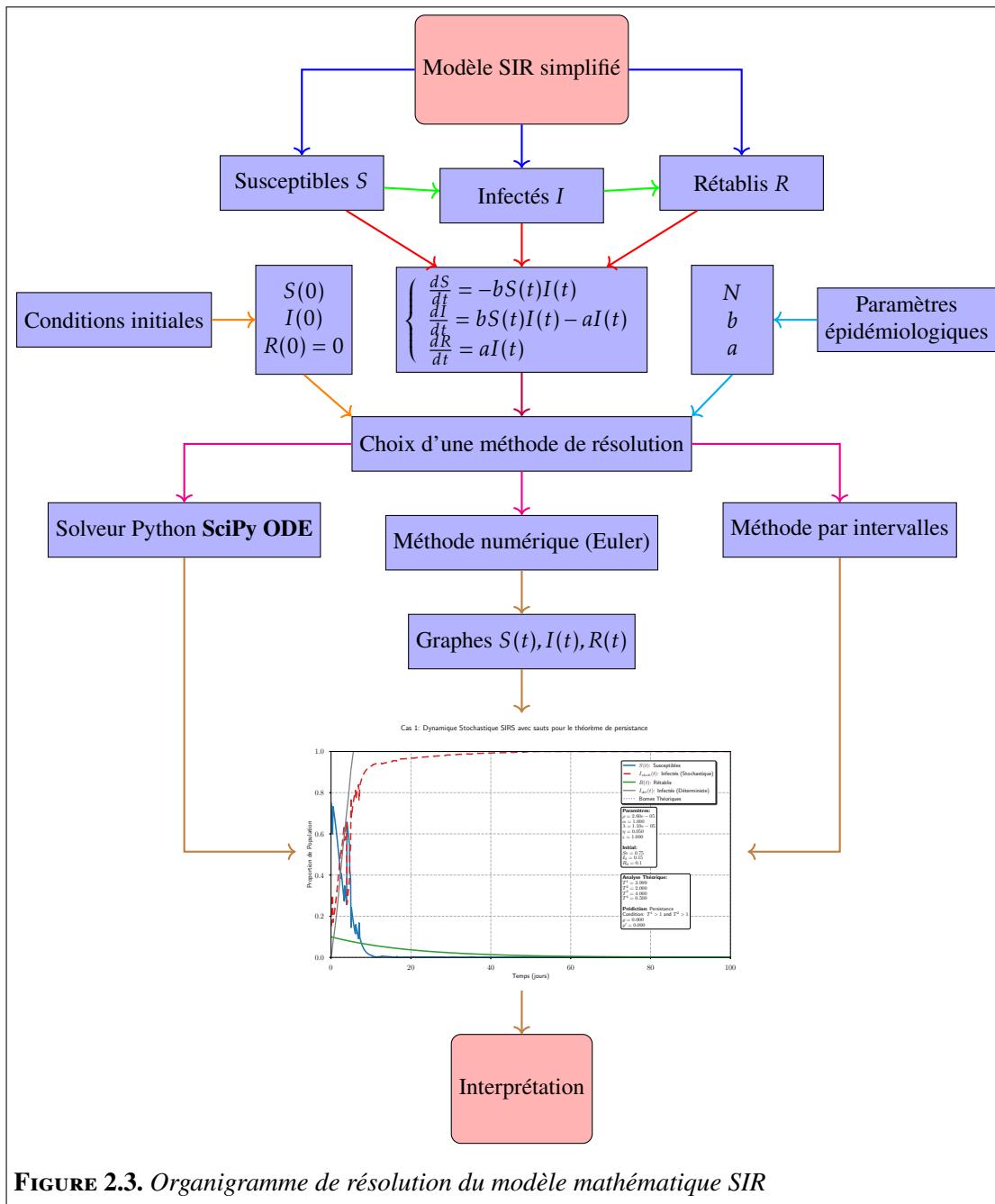
Le modèle se caractérise par sa simplicité et n'est pas prédictif. Il est orienté vers l'aspect graphique des solutions  $S(t)$ ,  $I(t)$  et  $R(t)$  relatives au même repère. La modélisation nécessite de fixer les paramètres taux d'infection  $b$  et taux de rémission  $a$ . Il faut aussi fixer les conditions initiales à  $t = 0$  (début de l'épidémie) pour les trois fonctions, à savoir  $S(0)$ ,  $I(0)$  et  $R(0) = 0$ . La procédure algorithmique est donnée dans la figure 2.3.

**Remarque 2.5.1.** *Il est clair que le choix des paramètres épidémiologiques incorporés dans le modèle mathématique influencera la forme et le positionnement spatial des courbes épidémiques  $S$ ,  $I$ ,  $R$ .*

## 2.6 Modèle SIR généralisé

### 2.6.1 Conception schématique et modélisation mathématique

Le modèle présenté ci-dessus constitue l'une des formes les plus simples du modèle SIR. Il évolue de manière isolée, ce qui signifie qu'il n'a pas d'échanges avec son



environnement. Des modèles plus élaborés et peut-être légèrement plus complexes sont proposés en modélisation mathématique pour la propagation d'une épidémie. Le modèle de la figure 2.4 en est un exemple qui peut prendre d'autres formes plus complexes.

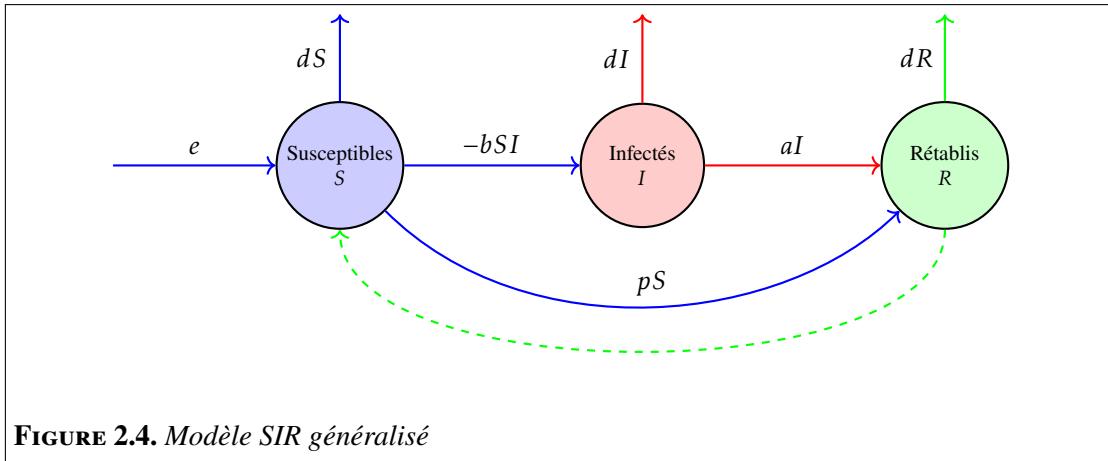


FIGURE 2.4. Modèle SIR généralisé

Ce modèle incorpore trois composantes supplémentaires par rapport au système SIR simplifié :

- Une **composante d'alimentation** qui approvisionne le compartiment  $I$  en individus extérieurs au système, pouvant être d'origine démographique, avec un taux noté  $b$ .
- Une **composante de décès** avec un taux noté  $d$  qui affecte les trois compartiments.
- Une composante liée à la vaccination , avec un ratio  $p$  , permettant à un individu du compartiment  $I$  d'être immunisé contre la maladie et de rejoindre directement le compartiment  $R$ .
- Une **composante d'entrée** notée  $e$  , représentant un apport constant d'individus sains dans le compartiment  $S$ , par exemple par naissances ou immigration.

Le modèle SIR mentionné décrit un modèle plus global que celui généralement décrit dans la littérature. Il est représenté par le système d'équations différentielles suivant :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} &= e - dS - bSI + pS, \\ \frac{dI}{dt} &= bSI - (d + a)I, \\ \frac{dR}{dt} &= aI - dR + pS. \end{cases}$$

Le nombre de reproduction de base  $R_0$  se calcule comme suit :

$$R_0 = \frac{eb}{(d+a)(d+p)}.$$

## 2.6.2 Analyse de stabilité et points d'équilibre dans les systèmes SIR généralisés

Le point d'équilibre est obtenu en résolvant le système homogène d'équations suivant :

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= 0 \Rightarrow e - bSI - dS + pS = 0, \\ \frac{dI}{dt} &= 0 \Rightarrow bSI - (d + a)I = 0, \\ \frac{dR}{dt} &= 0 \Rightarrow aI - dR + pS = 0.\end{aligned}$$

En posant  $I = 0$ , les solutions du système fournissent le point d'équilibre  $E$  :

$$E = \left( \frac{e}{d+p}, 0, \frac{pe}{d(d+p)} \right).$$

Pour étudier la stabilité du système SIR au point d'équilibre, considérons le système d'équations suivant :

$$\begin{cases} E_1 &= e - dS - bSI - pS, \\ E_2 &= bSI - (d + a)I, \\ E_3 &= aI - dR + pS. \end{cases}$$

Nous construisons la matrice jacobienne  $J$  du vecteur  $(E_1, E_2, E_3)$  :

$$J = \begin{pmatrix} \frac{\partial E_1}{\partial S} & \frac{\partial E_1}{\partial I} & \frac{\partial E_1}{\partial R} \\ \frac{\partial E_2}{\partial S} & \frac{\partial E_2}{\partial I} & \frac{\partial E_2}{\partial R} \\ \frac{\partial E_3}{\partial S} & \frac{\partial E_3}{\partial I} & \frac{\partial E_3}{\partial R} \end{pmatrix}$$

Le calcul des dérivées partielles fournit :

$$J = \begin{pmatrix} -d - bI + p & -bS & 0 \\ bI & bS - (d + a) & 0 \\ p & a & -d \end{pmatrix}$$

L'évaluation du jacobien au point d'équilibre  $E$  :

$$E = \begin{cases} S &= \frac{e}{d+p}, \\ I &= 0, \\ R &= \frac{pe}{d(d+p)}, \end{cases}$$

donne

$$J_E = \begin{pmatrix} -d-p & -\frac{be}{d+p} & 0 \\ 0 & \frac{be}{d+p} - (d+a) & 0 \\ p & a & -d \end{pmatrix}$$

Les valeurs propres de la matrice  $J_E$  sont :

$$\begin{cases} \alpha_1 = -d-p, \\ \alpha_2 = \frac{be}{d+p} - (d+a) = (d+a)(R_0 - 1), \\ \alpha_3 = -d. \end{cases}$$

Pour la stabilité asymptotique , toutes les valeurs propres doivent être négatives. Ceci conduit à deux cas importants :

- Lorsque  $R_0 < 1$  :
  - Toutes les valeurs propres sont négatives.
  - Le système est asymptotiquement stable.
  - Aucune épidémie ne se produit.
- Lorsque  $R_0 > 1$  :
  - La valeur propre  $\alpha_2$  devient positive.
  - Le système devient instable.
  - Une épidémie se déclare.

Le nombre de reproduction de base  $R_0$  sert ainsi de seuil épidémique , déterminant si la maladie s'éteindra ( $R_0 < 1$ ) ou se propagera ( $R_0 > 1$ ).

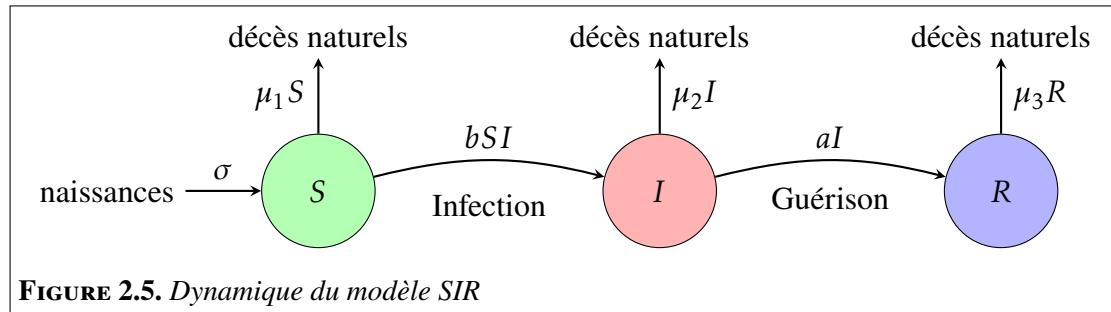
## 2.7 Modèle SIR incluant la démographie

Le modèle SIR présenté jusqu'ici constitue une version simplifiée qui ne tient pas compte de toutes les circonstances entourant le phénomène épidémiologique. En réalité, ce modèle n'est applicable que pour des pandémies limitées dans le temps. Pour des périodes plus longues ou une succession d'épidémies, il est nécessaire de complexifier le modèle en y incluant des scénarios et paramètres épidémiologiques supplémentaires. Certaines conditions doivent être précisées pour ce type de modèle :

- On suppose qu'il n'y a pas de transmission verticale de la maladie, par exemple sous forme héréditaire. Un nouveau-né est considéré comme susceptible et rejoint donc le compartiment **S** .
- On suppose également que les taux de natalité et mortalité s'équilibrent.

Dans notre cas, la démographie ambiante est incluse via deux paramètres : un paramètre  $\sigma$  définissant le taux de natalité ou le taux d'immigration d'individus sains dans le compartiment **S** et une série de trois paramètres  $\mu_1$  ,  $\mu_2$  et  $\mu_3$  définissant les taux de

mortalité relatifs à chaque compartiment. Le modèle SIR correspondant est représenté par la figure suivante (voir Figure 2.5).



**FIGURE 2.5.** Dynamique du modèle SIR

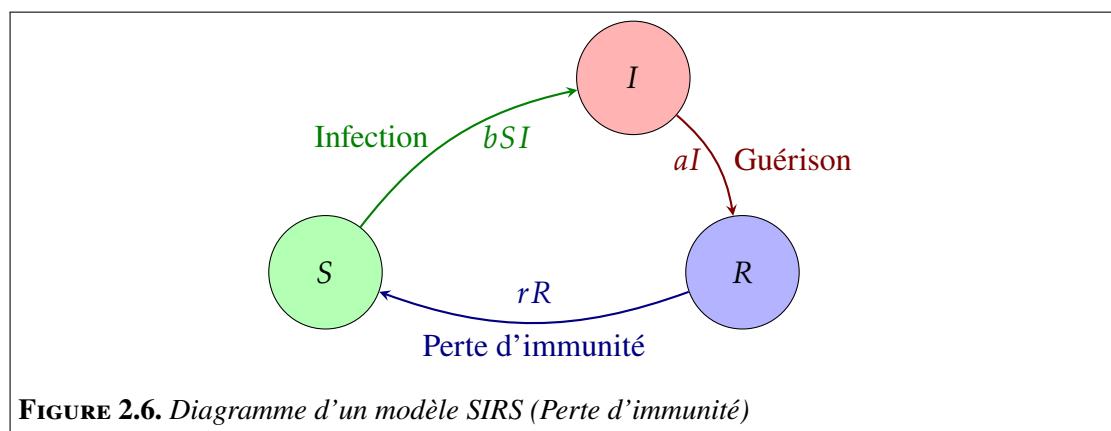
Le modèle mathématique correspondant est le suivant :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = (\mu_1 S + \mu_2 I + \mu_3 R) - bSI - \mu_1 S, \\ \frac{dI}{dt} = bSI - aI - \mu_2 I, \\ \frac{dR}{dt} = aI - \mu_3 R. \end{cases}$$

## 2.8 Dynamique de perte d'immunité dans le modèle SIRS

### 2.8.1 Épidémies récurrentes sans naissance ni décès

Le modèle SIRS est une autre version du modèle SIR, mais supprime l'hypothèse d'immunité permanente pour les individus du compartiment des rétablis **R**. Une proportion, notée  $r$ , peut perdre cette immunité et ainsi réintégrer le compartiment des susceptibles **S**. Ceci va "alimenter" la population du compartiment **S**, conduisant à des oscillations dans les compartiments **S** et **R** (voir Figure 2.6).



**FIGURE 2.6.** Diagramme d'un modèle SIRS (Perte d'immunité)

Il est possible d'ajouter une composante démographique au modèle SIRS représenté dans la figure ci-dessus, affectant les compartiments des susceptibles et des infectés via des taux de naissance et de décès. Par exemple, dans le cas d'un modèle mathématique SIRS sans mortalité, le modèle peut être représenté par le système d'équations différentielles suivant :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} &= -bIS + rR, \\ \frac{dI}{dt} &= bIS - aI, \\ \frac{dR}{dt} &= aI - rR. \end{cases}$$

Le paramètre  $r$  inclus dans ce modèle mathématique représente le taux de perte d'immunité et la durée moyenne d'immunité. Notons que si  $r \rightarrow 0$ , le modèle SIRS tend à se transformer en un modèle SIR classique.

## 2.9 Modèle SI

Le modèle SI est un modèle épidémiologique rudimentaire ayant un impact limité sur la modélisation mathématique de la propagation épidémique. Il repose sur une logique simple : le seul événement observable est l'infection d'un individu susceptible.

Soient  $S(t)$  et  $I(t)$  les nombres d'individus susceptibles et infectés respectivement, en fonction du temps  $t$ . À tout instant, la population totale est la suivante :

$$N(t) = S(t) + I(t).$$

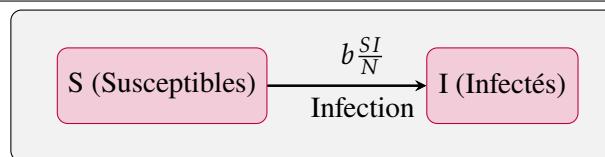
Les hypothèses associées au modèle SI sont celles énoncées dans le modèle SIR standard. Établir une relation entre susceptibilité et infection n'est généralement pas simple. Certains auteurs ont adopté la fonction dite d'incidence de masse, notée  $f(S, I)$ , telle que :

$$f(S, I) = bSI \quad \text{où } b : \text{taux d'infection.}$$

En présence d'une population importante, il est préférable de normaliser le membre droit de l'expression  $f(S, I)$  en écrivant :

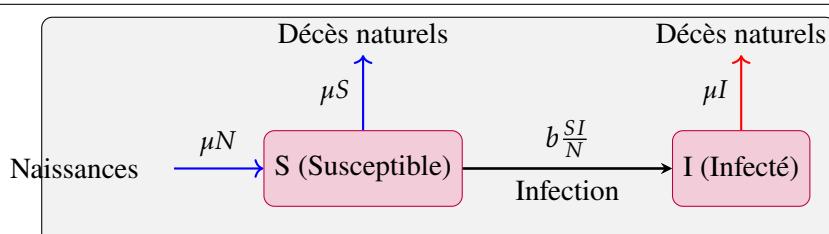
$$f(S, I) = b \frac{SI}{N}.$$

Cette forme d'écriture implique qu'un individu infecté ne peut contaminer qu'une proportion des individus susceptibles. Ceci donne le premier diagramme du modèle suivant :

**FIGURE 2.7.** Dynamique du modèle SI

Pour obtenir le système d'équations différentielles qui représente mathématiquement le modèle SI, nous raisonnons en nous basant sur le flux d'individus entrant ou sortant de chaque compartiment  $S$  et  $I$  :

- Pour le compartiment des susceptibles  $S$ , il peut y avoir trois types de flux :
  - Un flux entrant pouvant représenter un "apport" externe d'individus, par exemple des naissances, dans un rapport de proportionnalité  $\mu$  relatif à la population totale  $N$ . Ce flux entrant est donc  $+\mu N$ .
  - Concernant les flux sortants, il y a deux types :
    - Un flux sortant dû aux décès dans un rapport de proportionnalité  $d$  relatif à la population totale. Nous avons gardé le même coefficient  $\mu$  pour simplifier l'étude et assurer un modèle démographiquement stable. Ce premier flux sortant du compartiment  $S$  est de la forme  $-\mu S$ .
    - Le flux lié aux contaminations quitte le compartiment  $S$  proportionnellement à la population susceptible  $S$  et à la population infectée  $I$  avec un taux d'infection ou de contamination  $b$ . Ce flux est donc quantifié par le produit  $(-b \frac{IS}{N})$ .
  - Le flux suivant le compartiment des infectés  $I$  se décompose comme suit :
    - Un flux représentant la mortalité avec l'expression  $(-\mu I)$ .
    - Le flux dans le compartiment  $I$  a la même valeur absolue que celui quittant le compartiment  $S$ , c'est-à-dire avec une expression de la forme  $(+b \frac{IS}{N})$ .

**FIGURE 2.8.** Modèle SI avec démographie

Les variations temporelles des populations dans les compartiments  $S$  et  $I$  sont données

respectivement par les dérivées  $\frac{dS}{dt}$  et  $\frac{dI}{dt}$  telles que :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \mu N - \mu S - b \frac{IS}{N}, \\ \frac{dI}{dt} = -\mu I + b \frac{IS}{N}. \end{cases}$$

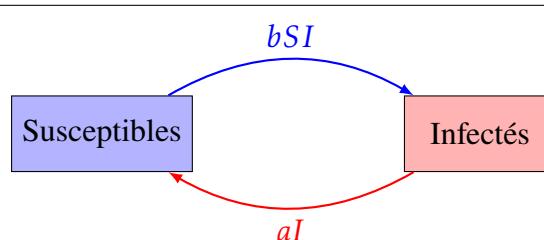
Souvent, en présence d'une population importante ( $N$  suffisamment grand), il est préférable d'effectuer les calculs par normalisation et de remplacer  $\frac{S}{N}$  par  $S$  :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \mu N - \mu S - bIS, \\ \frac{dI}{dt} = -\mu I + bIS. \end{cases}$$

## 2.10 Modélisation de la dynamique des maladies avec le cadre SIS

Nous souhaitons relativiser l'immunité permanente supposée des individus qui résident dans le compartiment  $R$  en affirmant qu'ils peuvent redevenir « contagieux ».

Nous partons du scénario où les individus rétablis (compartiment  $R$ ) réintègrent directement le compartiment des susceptibles  $S$ . Ils bénéficieront alors du statut de susceptibles, ce qui signifie qu'ils peuvent à nouveau être infectés ou infectieux. Il s'agit en quelque sorte d'une « rechute » due à l'absence d'immunité. Plus simplement, on pourrait dire « vous tombez malade, vous guérissez, mais vous ne bénéficiez pas d'immunité ». Le cas le plus fréquemment cité est celui du rhume.



**FIGURE 2.9.** Diagramme du modèle SIS

Le modèle SIS est décrit par le système d'équations différentielles suivant :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -bSI + aI, \\ \frac{dI}{dt} = bSI - aI. \end{cases}$$

L'hypothèse de conservation de la population totale  $N$  durant l'épidémie conduit à :

$$N = S + I \implies S = N - I.$$

Le système d'équations différentielles devient alors :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} &= bI(N - I) + aI, \\ \frac{dI}{dt} &= bI(N - I) - aI. \end{cases}$$

On peut observer que  $\frac{dS}{dt} = -\frac{dI}{dt}$ . Par conséquent, il suffit de considérer seulement une des équations différentielles, et dans notre cas ce sera celle correspondant à  $\frac{dI}{dt}$ . Nous réécrivons la dérivée comme suit :

$$\frac{dI}{dt} = bNI - bI^2 - aI = (bN - a)I - bI^2.$$

Nous procédons à la mise en facteur comme suit :

$$I'(t) = (bN - a)I \left(1 - \frac{b}{bN - a}I\right),$$

ou de manière équivalente,

$$I'(t) = (bN - a)I \left(1 - \frac{I}{\frac{bN-a}{b}}\right),$$

$$I'(t) = (bN - a)I \left(1 - \frac{I}{N - \frac{a}{b}}\right).$$

Nous introduisons maintenant :

$$r = bN - a \quad \text{et} \quad k = N - \frac{a}{b}.$$

Nous obtenons

$$I'(t) = rI \left(1 - \frac{I}{k}\right) = \frac{r}{k}I(k - I).$$

L'expression dans le second membre définit ce qu'on appelle communément la *fonction logistique*.

## 2.11 Profondeurs cachées des modèles SIR/SEIR

En concevant des modèles dédiés aux phénomènes épidémiologiques, on a cherché à obtenir une description plus précise de la population. Cependant, le modèle SIR, malgré sa simplicité, a néanmoins ouvert la voie à des modèles plus raffinés qui représentent mieux les contextes épidémiques. Cela passe d'abord par l'ajout de compartiments supplémentaires en accord avec la dynamique de l'épidémie. Autrement dit, en augmentant la complexité du modèle SIR.

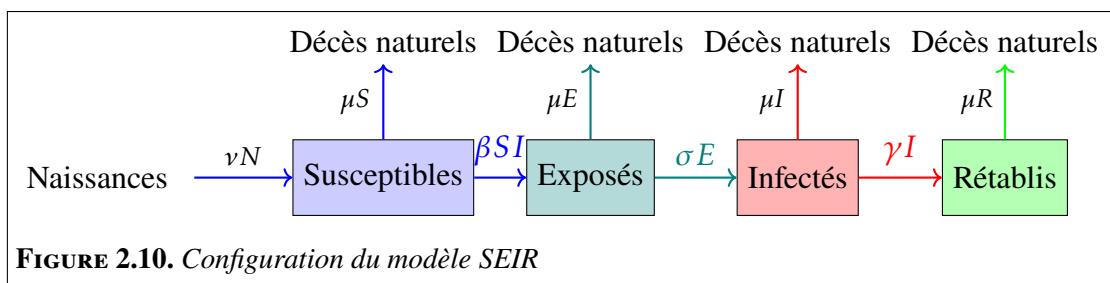
Cependant, il existe trois compartiments fondamentaux dans tous ces modèles :

- le compartiment des susceptibles  $S$ ,
- le compartiment des infectés ou infectieux  $I$ ,
- et le compartiment des rétablis (retirés)  $R$ .

## 2.12 Paramètres du modèle SEIR

Dans le modèle SEIR, les paramètres suivants sont définis comme le montre la Figure 2.10 :

- $\beta$  : le taux de transmission de la maladie, représentant la probabilité d'infection par contact entre des individus susceptibles et infectés.
- $\sigma$  : le taux d'incubation qui régit la transition des exposés vers les infectés. L'inverse,  $1/\sigma$ , définit la durée moyenne de la période latente.  $c$
- $\gamma$  : le taux de guérison. L'inverse,  $D = 1/\gamma$ , représente la durée moyenne de l'infection.
- $\mu$  : le taux de mortalité naturelle, représentant la probabilité de décès par causes naturelles. Ce taux s'applique à tous les compartiments.
- $\nu$  : le taux de natalité, représentant le taux auquel de nouveaux individus entrent dans la population.
- $N$  : la taille totale de la population, où  $N = S + E + I + R$ .



Le système d'équations différentielles gouvernant le modèle SEIR est donné par :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} &= \nu N - \beta SI - \mu S, \\ \frac{dE}{dt} &= \beta SI - \sigma E - \mu E, \\ \frac{dI}{dt} &= \sigma E - \gamma I - \mu I, \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \mu R. \end{cases}$$

## 2.13 Modèles compartimentaux stochastiques

Les systèmes écologiques sont des réseaux complexes d'interactions entre les organismes et leur environnement, où les modèles mathématiques servent d'outils essentiels pour comprendre et prédire les comportements dynamiques. Par exemple, le modèle de Lotka-Volterra capture la dynamique oscillatoire des relations prédateur-proie, fournissant des insights sur les fluctuations de population. Ce modèle a été largement appliqué, depuis l'étude des dynamiques prédateur-proie dans les écosystèmes naturels jusqu'à l'analyse de la transmission des maladies infectieuses dans les populations humaines.

Le modèle de Gilpin-Ayala étend son champ d'application au-delà des interactions prédateur-proie pour explorer des phénomènes écologiques plus larges, comme la coexistence des espèces, la compétition et la structure des communautés. Il fournit une compréhension plus profonde des dynamiques au sein des communautés microbiennes, des populations de vertébrés et d'autres systèmes écologiques, éclairant les mécanismes qui sous-tendent la stabilité et la résilience des écosystèmes [63-66].

Ces modèles, parmi d'autres, sont indispensables dans la recherche écologique. Ils fournissent des cadres pour analyser les données empiriques à travers des analyses de sensibilité, l'estimation des paramètres et des études de simulation. Ce faisant, les chercheurs peuvent découvrir les principes fondamentaux qui gouvernent la dynamique des populations et le comportement des écosystèmes. De tels modèles améliorent non seulement notre compréhension de la résilience, de l'adaptabilité et de l'interconnectivité de la vie sur Terre, mais informent également les stratégies de conservation et les pratiques de gestion visant à préserver la biodiversité et les services écosystémiques [67, 68].

Dans les écosystèmes naturels, les perturbations sont courantes et peuvent influencer significativement la dynamique écologique. Les perturbations désignent des facteurs externes ou internes qui provoquent des écarts par rapport au comportement attendu d'un système. Parmi les exemples, on trouve les catastrophes naturelles comme les tremblements de terre, les éruptions volcaniques et les ouragans, qui peuvent radicalement modifier les paysages et les écosystèmes. Dans les systèmes biologiques, les perturbations peuvent impliquer des changements climatiques soudains, l'introduction d'espèces invasives ou des épidémies. Ces événements peuvent entraîner des changements dans la dynamique des populations, la distribution des espèces et la structure des communautés

[69-71].

Dans les modèles épidémiologiques, les effets stochastiques sont particulièrement importants pour comprendre la propagation des maladies infectieuses. Les perturbations dans ce contexte peuvent inclure des variations aléatoires dans les taux de contact entre individus, des mutations pathogènes ou des changements dans les interventions de santé publique. Par exemple, l'émergence d'une nouvelle souche virale ou des changements comportementaux inattendus pendant une épidémie peuvent significativement altérer les schémas de transmission des maladies. Les modèles stochastiques en épidémiologie incorporent ces effets aléatoires, offrant des prédictions plus réalistes et des informations sur la propagation des maladies et les stratégies de contrôle [72-74].

En résumé, la modélisation mathématique en écologie fait le pont entre l'observation empirique et la compréhension théorique, permettant d'explorer les systèmes écologiques complexes et leurs dynamiques sous-jacentes. Que ce soit à travers le modèle de Lotka-Volterra, le modèle de Gilpin-Ayala ou d'autres cadres, ces outils offrent des perspectives uniques sur la toile complexe de la vie et sa prolifération au sein des systèmes écologiques [75].

### 2.13.1 Bruit blanc

Dans le domaine de la modélisation des maladies infectieuses, les modèles compartimentaux déterministes, comme le modèle Susceptible-Infectieux-Rétablissement (SIR), ont traditionnellement été utilisés pour étudier la dynamique des maladies. Cependant, ces modèles échouent souvent à capturer l'aléatoire inhérent et la variabilité observées dans les processus épidémiologiques réels. Pour pallier cette limitation, des modèles compartimentaux stochastiques sont employés, incorporant des sources d'aléatoire comme le **bruit blanc**, analogue au **mouvement brownien**.

Le bruit blanc est caractérisé par sa variance constante et ses fluctuations non corrélées, ce qui en fait une représentation idéale de l'incertitude et de la variabilité dans la transmission et la progression des maladies. Lorsqu'il est intégré dans les modèles épidémiologiques, le bruit blanc introduit un élément dynamique qui capture les événements aléatoires susceptibles d'altérer significativement la dynamique de la maladie. Par exemple, les fluctuations dans le comportement humain, les variations saisonnières ou les événements inattendus de superpropagation peuvent tous être modélisés en utilisant le bruit blanc.

Une approche courante pour incorporer le bruit blanc consiste à modifier le taux de transmission, noté  $\beta$ , qui représente la probabilité de transmission de la maladie d'un individu infecté à un individu susceptible. En introduisant des fluctuations dans  $\beta$  via le bruit blanc, le modèle peut refléter les changements dans les schémas de contact, l'efficacité des mesures préventives ou d'autres facteurs stochastiques influençant la dynamique de transmission. Cette approche stochastique permet des simulations plus réalistes captant l'imprévisibilité des épidémies.

De plus, le bruit blanc peut être appliqué à d'autres paramètres des modèles épidémiologiques, comme le taux de guérison ( $\gamma$ ) ou la durée de contagiosité. L'introduction d'aléatoire dans ces paramètres permet au modèle de tenir compte des variations dans la progression de la maladie, l'efficacité des traitements et la susceptibilité de la population au cours du temps. Ce cadre stochastique reflète mieux les complexités des dynamiques épidémiologiques réelles, permettant aux chercheurs d'explorer un plus large éventail de scénarios et d'évaluer l'efficacité de différentes stratégies d'intervention.

En résumé, le bruit blanc joue un rôle central pour améliorer le réalisme et la précision prédictive des modèles compartimentaux stochastiques en épidémiologie des maladies infectieuses. En simulant le caractère aléatoire et la variabilité inhérents à la transmission et à la progression des maladies, le bruit blanc facilite des prédictions plus précises et une compréhension plus approfondie des facteurs conduisant aux épidémies.

Considérons les équations standard du modèle SIR :

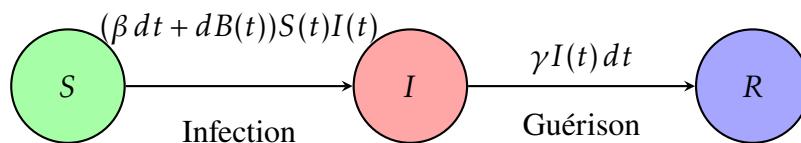
$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} &= -\beta S(t)I(t), \\ \frac{dI(t)}{dt} &= \beta S(t)I(t) - \gamma I(t), \\ \frac{dR(t)}{dt} &= \gamma I(t), \end{cases} \quad (2.1)$$

où

- $S$  : Nombre d'individus susceptibles,
- $I$  : Nombre d'individus infectieux,
- $R$  : Nombre d'individus guéris et immunisés,
- $\beta$  : Taux de transmission,
- $\gamma$  : Taux de guérison.

Pour incorporer l'effet du bruit blanc sur le taux de transmission  $\beta$ , nous l'exprimons comme  $\beta + B(t)$ , où  $B(t)$  représente le bruit blanc ou le mouvement brownien au temps  $t$ . L'intégration de ce taux de transmission modifié dans le modèle SIR donne les équations différentielles stochastiques suivantes :

$$\begin{cases} dS(t) &= -(\beta S(t)I(t)) dt - S(t)I(t)dB(t), \\ dI(t) &= (\beta S(t)I(t) - \gamma I(t)) dt + S(t)I(t)dB(t), \\ dR(t) &= \gamma I(t)dt. \end{cases}$$



**FIGURE 2.11.** Modèle SIR avec bruit blanc.

Cette extension introduit un taux de transmission variable dans le temps, influencé par les fluctuations aléatoires capturées par le terme de bruit blanc  $B(t)$ . L'inclusion du bruit blanc permet au modèle de prendre en compte l'imprévisibilité et la variabilité inhérentes à la transmission des maladies, le rendant plus représentatif des scénarios réels.

Dans les sections suivantes, nous explorerons les propriétés mathématiques des modèles SIR stochastiques avec bruit blanc, analyserons leur comportement à travers des simulations et étudierons leurs implications pour comprendre la dynamique des maladies infectieuses dans un contexte stochastique.

### 2.13.2 Bruit télégraphique

Dans l'étude de la dynamique des maladies infectieuses, les modèles déterministes compartimentaux tels que le modèle SIR ont été largement utilisés. Cependant, ces modèles ne tiennent souvent pas compte du caractère aléatoire et imprévisible observé dans les processus épidémiologiques réels. Pour remédier à cette limitation, on utilise des modèles compartimentaux stochastiques incorporant des sources d'aléa telles que le **bruit télégraphique**, qui peut être modélisé à l'aide d'une **chaîne de Markov**  $r(t)$ . Le bruit télégraphique se caractérise par des changements abrupts et discrets des paramètres du système, simulant des événements soudains ou des modifications de comportement pouvant influencer significativement la dynamique des maladies.

Le bruit télégraphique reproduit le comportement d'un signal télégraphique, alternant entre des états distincts. Dans le contexte de la modélisation des maladies infectieuses, il peut représenter des changements soudains dans les interventions de santé publique, tels que la mise en œuvre ou l'assouplissement de mesures de confinement, des variations dans les stratégies de dépistage ou des fluctuations dans l'adhésion du public aux mesures préventives. Ces changements abrupts peuvent entraîner des variations significatives dans les taux de transmission des maladies, les pics épidémiques et l'efficacité des stratégies de contrôle.

En incorporant le bruit télégraphique dans les modèles épidémiologiques, les chercheurs peuvent mieux capturer la nature dynamique des interventions réelles et des changements comportementaux. Cette approche stochastique améliore le réalisme des modèles compartimentaux, fournissant des insights plus profonds sur la dynamique complexe des épidémies. Par exemple, le bruit télégraphique peut simuler l'impact de changements politiques soudains sur la transmission, permettant d'évaluer les stratégies d'intervention dans des conditions réalistes et imprévisibles.

De plus, le bruit télégraphique peut modéliser d'autres processus stochastiques en épidémiologie, tels que l'émergence de souches résistantes aux médicaments, des changements dans la virulence des pathogènes ou des fluctuations dans la susceptibilité de la population. En capturant la nature discontinue et imprévisible de ces événements, le bruit télégraphique enrichit les capacités prédictives des modèles épidémiologiques,

permettant aux chercheurs de mieux anticiper et répondre aux menaces infectieuses émergentes.

En résumé, le bruit télégraphique est un outil puissant pour améliorer le réalisme et la précision prédictive des modèles compartimentaux stochastiques en épidémiologie. En simulant des changements soudains et discrets dans les processus épidémiologiques réels, il permet aux chercheurs de mieux comprendre la dynamique de propagation des maladies et d'évaluer l'efficacité des mesures de contrôle pour atténuer les épidémies.

Considérons les équations standard du modèle SIR :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta SI, \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I, \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I, \end{cases} \quad (2.2)$$

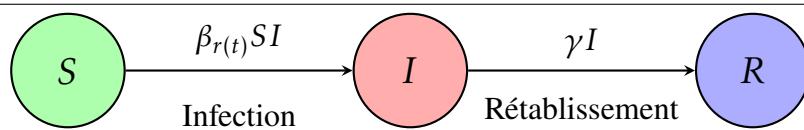
où

- $S$  : Nombre d'individus susceptibles
- $I$  : Nombre d'individus infectieux
- $R$  : Nombre d'individus rétablis
- $\beta$  : Taux de transmission
- $\gamma$  : Taux de rétablissement

Pour incorporer le bruit télégraphique dans le taux de transmission  $\beta$ , nous le notons  $\beta_{r(t)}$ , où  $r(t)$  est une chaîne de Markov représentant le bruit télégraphique. Le taux de transmission  $\beta_{r(t)}$  commute entre des valeurs discrètes  $\beta_1, \beta_2, \dots, \beta_n$  selon l'état de la chaîne de Markov. Chaque  $\beta_i$  correspond à une condition épidémiologique distincte, telle que différents niveaux d'interventions de santé publique ou changements comportementaux.

L'incorporation de ce taux de transmission modifié dans le modèle SIR donne les équations suivantes :

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta_{r(t)} S(t) I(t), \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta_{r(t)} S(t) I(t) - \gamma I(t), \\ \frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t). \end{cases} \quad (2.3)$$



**FIGURE 2.12.** Modèle SIR avec bruit télégraphique.

Ici,  $\beta_{r(t)}$  introduit une variabilité dans le taux de transmission, reflétant les changements dynamiques dans la transmission de la maladie dus au bruit télégraphique. La chaîne de

Markov  $r(t)$  gouverne le comportement de commutation entre les différentes valeurs  $\beta_i$ , capturant la nature imprévisible de la dynamique des maladies infectieuses.

Dans les sections suivantes, nous explorerons les propriétés mathématiques des modèles SIR stochastiques avec bruit télégraphique, analyserons leur comportement à travers des simulations et étudierons les implications de cette stochasticité pour comprendre la propagation des maladies infectieuses dans des scénarios réels.

### 2.13.3 Bruit blanc et bruit télégraphique dans les modèles épidémiologiques

Dans la littérature scientifique, l'importance des vaccins en épidémiologie est bien documentée, en particulier leur rôle crucial dans la prévention de la transmission des maladies infectieuses [66]. Les programmes de vaccination ciblant des maladies telles que la tuberculose, la coqueluche, le tétanos, la diphtérie, la polio et la rougeole sont essentiels pour atteindre l'immunité collective, un seuil clé pour prévenir les épidémies [67]. Les chercheurs utilisent également des modèles épidémiologiques, tels que **SIS**, **SIR**, **SIRS**, **SEIR** et **SVIS**, pour analyser l'impact de la vaccination sur la dynamique des maladies [73]. Plus spécifiquement, cette étude explore comment différents types de bruit peuvent être incorporés dans ces modèles. Des exemples détaillés et des analyses approfondies seront fournis dans les sections suivantes.

Pour illustrer l'impact de la vaccination dans un cadre déterministe, considérons le modèle **SIR** étendu pour inclure la vaccination :

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -(1-q)\vartheta S(t) - (\vartheta + p)S(t) - \beta S(t)I(t) + \gamma I(t) + \delta V(t), \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta S(t)I(t) - (\vartheta + \gamma)I(t), \\ \frac{dV(t)}{dt} = q\vartheta + pS(t) - (\vartheta + \delta)V(t), \end{cases} \quad (2.4)$$

où

- $S$  : Proportion d'individus susceptibles
- $I$  : Proportion d'individus infectés
- $V$  : Proportion d'individus vaccinés
- $\beta$  : Taux de transmission
- $\gamma$  : Taux de rétablissement
- $\vartheta$  : Taux de natalité/mortalité
- $p$  : Taux de vaccination des individus susceptibles
- $q$  : Fraction des nouveau-nés vaccinés
- $\delta$  : Taux de perte d'immunité chez les vaccinés

Ce modèle déterministe suppose des paramètres constants et ne tient pas compte des fluctuations aléatoires ou des changements abrupts [65].

Pour incorporer le caractère aléatoire inhérent à la transmission des maladies, nous introduisons des éléments stochastiques tels que le **bruit blanc** et le **bruit télégraphique**.

Le bruit blanc représente des fluctuations aléatoires continues, tandis que le bruit télégraphique modélise des changements soudains [69].

Considérons d'abord l'inclusion du bruit blanc, qui introduit des fluctuations stochastiques continues dans le taux de transmission :

$$\begin{cases} dS(t) = \left[ -(1-q)\vartheta S(t) - (\vartheta + p)S(t) - \beta S(t)I(t) + \gamma I(t) + \delta V(t) \right] dt \\ \quad - \sigma S(t)I(t)dB(t), \\ dI(t) = \left[ \beta S(t)I(t) - (\vartheta + \gamma)I(t) \right] dt + \sigma S(t)I(t)dB(t), \\ dV(t) = \left[ q\vartheta S(t) + pS(t) - (\vartheta + \delta)V(t) \right] dt, \end{cases} \quad (2.5)$$

où  $\sigma$  représente l'intensité du bruit blanc et  $B(t)$  est un **mouvement brownien** standard.

Ensuite, pour incorporer le bruit télégraphique, nous supposons que le taux de transmission  $\beta$  commute entre des valeurs discrètes  $\beta_1, \beta_2, \dots, \beta_n$  selon une **chaîne de Markov**  $r(t)$  [76] :

$$\begin{cases} dS(t) = \left[ -(1-q_{r(t)})\vartheta_{r(t)}S(t) - (\vartheta_{r(t)} + p_{r(t)})S(t) - \beta_{r(t)}S(t)I(t) \right. \\ \quad \left. + \gamma_{r(t)}I(t) + \delta_{r(t)}V(t) \right] dt, \\ dI(t) = \left[ \beta_{r(t)}S(t)I(t) - (\vartheta_{r(t)} + \gamma_{r(t)})I(t) \right] dt, \\ dV(t) = \left[ q_{r(t)}\vartheta_{r(t)} + p_{r(t)}S(t) - (\vartheta_{r(t)} + \delta_{r(t)})V(t) \right] dt. \end{cases} \quad (2.6)$$

Enfin, nous combinons à la fois le bruit blanc et le bruit télégraphique dans un modèle stochastique unique :

$$\begin{cases} dS(t) = \left[ -(1-q_{r(t)})\vartheta_{r(t)}S(t) - (\vartheta_{r(t)} + p_{r(t)})S(t) - \beta_{r(t)}S(t)I(t) \right. \\ \quad \left. + \gamma_{r(t)}I(t) + \delta_{r(t)}V(t) \right] dt - \sigma_{r(t)}S(t)I(t)dB(t), \\ dI(t) = \left[ \beta_{r(t)}S(t)I(t) - (\vartheta_{r(t)} + \gamma_{r(t)})I(t) \right] dt + \sigma_{r(t)}S(t)I(t)dB(t), \\ dV(t) = \left[ q_{r(t)}\vartheta_{r(t)} + p_{r(t)}S(t) - (\vartheta_{r(t)} + \delta_{r(t)})V(t) \right] dt. \end{cases} \quad (2.7)$$

Dans ce modèle combiné :

- $r(t)$  est une chaîne de Markov représentant le bruit télégraphique, avec des états correspondant à différentes conditions épidémiologiques.
- $\sigma_{r(t)}$  représente l'intensité du bruit blanc, variant selon l'état de la chaîne de Markov.
- Les paramètres  $\beta_{r(t)}$ ,  $\vartheta_{r(t)}$ ,  $p_{r(t)}$ ,  $\gamma_{r(t)}$  et  $\delta_{r(t)}$  dépendent de l'état courant de la chaîne de Markov  $r(t)$ .

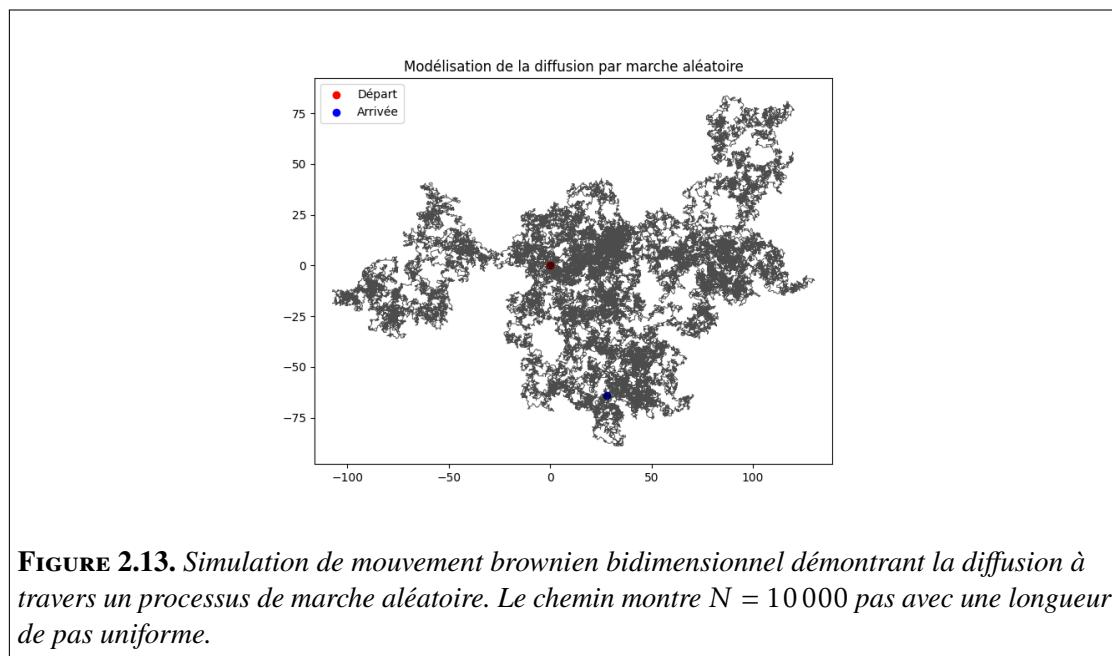
En intégrant à la fois le bruit blanc et le bruit télégraphique, nous pouvons analyser les effets des fluctuations continues et des changements abrupts sur la transmission des maladies et la dynamique vaccinale. Cette approche complète fournit une représentation plus réaliste de l'aléa dans les processus épidémiologiques, offrant un éclairage précieux

sur l'efficacité des stratégies vaccinales et les seuils d'immunité collective sous influences stochastiques.

La **diffusion** désigne le processus par lequel un agent en expansion (comme une particule, une molécule, une information ou une maladie) se propage à travers un milieu approprié pour atteindre une distribution plus homogène. Ce phénomène s'observe dans divers domaines, notamment la chimie, les sciences de l'information, les télécommunications, la biologie et l'épidémiologie.

## 2.14 Marche aléatoire et diffusion

La Figure 2.13 illustre une marche aléatoire bidimensionnelle, un modèle fondamental utilisé pour représenter la diffusion des particules dans divers systèmes physiques et biologiques. Chaque pas discret représente un mouvement stochastique, modélisant efficacement des phénomènes de dispersion allant du mouvement atomique à la propagation épidémique. Cette visualisation a été générée par l'algorithme présenté dans la liste A.6.



## 2.15 Caractéristiques clés de la diffusion

Le processus de diffusion présente plusieurs propriétés fondamentales :

- **Dynamique stochastique :**

$$X_{t+1} = X_t + \xi_t, \quad \xi_t \sim \mathcal{N}(0, \sigma^2)$$

où  $\xi_t$  représente des incrémentations aléatoires indépendantes et identiquement distribuées (i.i.d.).

- **Invariance d'échelle** : Le phénomène se manifeste de manière similaire à travers plusieurs ordres de grandeur :
  - Échelle microscopique ( $\mu m$ ) : Diffusion moléculaire dans les fluides
  - Échelle mésoscopique (mm-cm) : Dispersion des nutriments dans les tissus
  - Échelle macroscopique (km) : Propagation épidémique entre populations.
- **Comportement asymptotique** : Le déplacement quadratique moyen croît linéairement avec le temps,

$$\mathbb{E}[X_t^2] \propto t,$$

ce qui est caractéristique des processus de diffusion normale.

Dans la modélisation épidémiologique, la diffusion spatiale fournit des insights cruciaux sur la dynamique de propagation des maladies. Le cadre de la marche aléatoire permet de quantifier :

- Les taux de transmission entre régions adjacentes
- Les effets de la densité de population sur la vitesse de propagation
- L'impact des restrictions de mobilité sur les coefficients de diffusion

La visualisation démontre plusieurs caractéristiques clés :

- **Irregularité du trajet** : Trajectoire non différentiable caractéristique des processus de Wiener
- **Comportement exploratoire** : Couverture progressive du plan par mouvement ergodique
- **Propriétés sans échelle** : Motifs auto-similaires à différents niveaux de résolution

Cette représentation mathématique établit un pont entre les processus stochastiques microscopiques et les phénomènes observables macroscopiques, fournissant un cadre uniifié d'analyse à travers les disciplines scientifiques.

# Chapitre 3

## Outils mathématiques et stochastiques pour les modèles épidémiologiques dynamiques

Le calcul stochastique offre un cadre rigoureux pour analyser les systèmes affectés par l’aléa et le bruit, en particulier ceux modélisés par des processus stochastiques tels que le mouvement brownien. Ce chapitre propose une exploration progressive et approfondie des concepts clés, des techniques et des outils mathématiques nécessaires pour comprendre et résoudre les équations différentielles stochastiques, en partant des principes fondamentaux et en abordant des sujets avancés tels que la stabilité et l’ergodicité.

La discussion commence par un aperçu général du mouvement brownien et des constructions associées en théorie des probabilités. Un rappel de la notation fondamentale et de la théorie des processus stochastiques prépare le terrain pour une exploration plus approfondie. Nous introduisons ensuite des processus tels que les processus de Lévy, de Poisson et les processus de Poisson composés, qui enrichissent le cadre classique en incorporant des sauts et des discontinuités. Le mouvement brownien, avec ses trajectoires continues mais non différentiables en tout point, demeure l’élément central de la modélisation stochastique, et ses propriétés servent de porte d’entrée naturelle pour l’étude de l’intégration stochastique.

L’accent suivant porte sur la construction et les propriétés de l’intégrale stochastique d’Itô. Cela commence par les préliminaires nécessaires et les définitions, puis se poursuit vers le cas multidimensionnel et son extension aux intégrandes locaux. Un résultat clé dans ce contexte est la formule d’Itô, qui généralise la règle de chaîne classique aux processus stochastiques. La théorie est ensuite consolidée par l’étude des inégalités de moments et des estimations de type Gronwall, qui fournissent des bornes cruciales pour les intégrales stochastiques et préparent le terrain pour l’analyse des équations différentielles stochastiques.

Avec la base de l'intégration stochastique établie, nous tournons notre attention vers les équations différentielles stochastiques. Ces équations, généralement exprimées sous la forme

$$X_t = X_0 + \int_0^t \sigma(X_s) dB_s + \int_0^t b(X_s) ds,$$

décrivent des systèmes dans lesquels l'évolution d'une variable au cours du temps est influencée à la fois par des tendances déterministes et des fluctuations aléatoires. Ici,  $B_t$  désigne le mouvement brownien, et les fonctions  $\sigma$  et  $b$  représentent respectivement les coefficients de diffusion et de dérive. La formulation et la solution de telles équations reposent sur la théorie des intégrales d'Itô et nécessitent des conditions telles que la continuité locale de Lipschitz pour garantir l'existence et l'unicité. Les solutions approximatives, en particulier le schéma d'Euler–Maruyama, fournissent des méthodes pratiques pour les simulations numériques et contribuent à l'étude plus large de la convergence et de l'analyse des erreurs.

Une partie essentielle de la théorie concerne la stabilité des solutions. Différentes notions de stabilité sont considérées, y compris la stabilité en probabilité, la stabilité exponentielle presque sûre, et la stabilité exponentielle des moments. Ces concepts décrivent comment les solutions se comportent au fil du temps sous de petites perturbations ou en présence de bruit. De plus, nous analysons les conditions sous lesquelles les effets stochastiques peuvent stabiliser ou déstabiliser un système, mettant en évidence l'interaction complexe entre la structure déterministe et les fluctuations aléatoires.

Le chapitre se termine par une enquête approfondie sur le comportement à long terme des systèmes stochastiques. Cela implique l'étude de la récurrence et de la transience, fournissant un cadre probabiliste pour déterminer si un processus revient à un état donné ou s'en éloigne. Une attention particulière est accordée à la distinction entre récurrence positive et récurrence nulle, ainsi qu'aux critères de leur occurrence. Des raffinements supplémentaires explorent les excursions de trajectoire et la récurrence sous linéarisation. Enfin, nous abordons le concept d'ergodicité, qui concerne la convergence des moyennes temporelles vers les moyennes d'ensemble et reflète les propriétés d'équilibre statistique des systèmes stochastiques. En établissant quand et comment le comportement ergodique se manifeste, nous obtenons un aperçu de la fiabilité et de la prévisibilité des observations à long terme.

Ce chapitre offre à la fois des aperçus théoriques et des outils pratiques pour comprendre la dynamique stochastique. Les éléments couverts sont fondamentaux pour des applications dans des domaines tels que la finance quantitative, la physique, la biologie, l'ingénierie et les sciences des données, où les systèmes sont souvent influencés par l'aléa. Le développement du calcul stochastique est en grande partie dû au travail pionnier de Kolmogorov, Lévy, Doob et Itô, dont les contributions continuent de guider les recherches contemporaines et les applications en théorie des probabilités et en

modélisation stochastique.

$$(\Omega, \mathcal{F}, (\mathcal{F}_t)_{t \geq 0}, \mathbf{P})$$

Sauf indication contraire, les variables aléatoires et les processus stochastiques considérés dans ce chapitre sont définis sur cet **espace de probabilité filtré**. De plus, la filtration est supposée être complète et **droite-continue**.

Ces notes s'inspirent de plusieurs sources. Les travaux de Laurence Craig Evans [77] et Bernt Øksendal [78] offrent une introduction accessible. Les livres de Richard Durrett [79], Philip Protter [80], et Hui-Hsiung Kuo [81] sont également abordables. Des références plus avancées incluent les livres de Michel Métivier [82], Chris Rogers et David Williams [83, 84], Daniel Stroock et Srinivasa Varadhan [85], Ioannis Karatzas et Steven Shreve [86], Daniel Revuz et Marc Yor [87], Jean Jacod [88], Iosif Gikhman et Anatoli Skorokhod [89], A. V. Skorokhod [90], Rafail Khasminskii [91], G. George Yin et Chao Zhu [92], et Claude Dellacherie et Paul-André Meyer [93, 94]. Enfin, des références accessibles avec des exercices incluent le livre de Francis Comets et Thierry Meyre [95] (en français) et Paolo Baldi [96], parmi d'autres.

## 3.1 Mouvement Brownien et Généralités

### 3.1.1 Généralités et Notations en Théorie des Probabilités

- **Espace des échantillons** :  $(\Omega)$  L'ensemble de tous les résultats possibles (événements élémentaires).
- **Événements observables** :  $(\mathcal{F})$  Une famille de sous-ensembles de  $\Omega$  représentant des événements mesurables.
- Une  $\sigma$ -algèbre :  $\mathcal{F}$  sur  $\Omega$  doit satisfaire
  - $\emptyset \in \mathcal{F}$  (contient l'ensemble vide).
  - Fermée sous compléments : Si  $A \in \mathcal{F}$ , alors  $A^C = \Omega \setminus A \in \mathcal{F}$ .
  - Fermée sous unions dénombrables : Si  $\{A_i\}_{i \geq 1} \subset \mathcal{F}$ , alors  $\bigcup_{i=1}^{\infty} A_i \in \mathcal{F}$ .
- **Espace mesurable** : Le couple  $(\Omega, \mathcal{F})$ .
- $\sigma$ -algèbre générée par  $\mathcal{C}$  : La plus petite  $\sigma$ -algèbre  $\sigma(\mathcal{C})$  contenant  $\mathcal{C}$ .
- **Borel  $\sigma$ -algèbre sur  $\mathbb{R}^d$**  :  $\mathcal{B}^d = \sigma(\text{ouverts de } \mathbb{R}^d)$ .
- **Variable aléatoire à valeurs réelles** : Une fonction  $X : \Omega \rightarrow \mathbb{R}$  est  $\mathcal{F}$ -mesurable, si
 
$$\{\omega \mid X(\omega) \leq a\} \in \mathcal{F} \quad \forall a \in \mathbb{R}.$$

- **Vecteur/matrice aléatoire** : Mesurable si toutes leurs composantes sont mesurables.

- **Fonction indicatrice d'un ensemble**  $A \subset \Omega$

$$\mathbb{1}_A(\omega) = \begin{cases} 1 & \text{si } \omega \in A, \\ 0 & \text{sinon.} \end{cases}$$

$\mathbb{1}_A$  est  $\mathcal{F}$ -mesurable si et seulement si  $A \in \mathcal{F}$ .

- **Variable aléatoire prenant des valeurs dans  $(\Omega', \mathcal{F}')$**  Un mapping  $X : \Omega \rightarrow \Omega'$  est  $(\mathcal{F}, \mathcal{F}')$ -mesurable si

$$\{\omega \mid X(\omega) \in A'\} \in \mathcal{F} \quad \forall A' \in \mathcal{F}'.$$

- Pour  $X : \Omega \rightarrow \mathbb{R}^d$ , la  $\sigma$ -algèbre générée par  $X$  est

$$\sigma(X) = \sigma\left(\{\omega \in \Omega \mid X(\omega) \in U\} \mid U \subset \mathbb{R}^d \text{ ouvert}\right).$$

- Pour une famille  $\{X_i; i \in I\}$  :

$$\sigma(X_i; i \in I) = \sigma\left(\bigcup_{i \in I} \sigma(X_i)\right).$$

- La  $\sigma$ -algèbre  $\sigma(X)$  caractérise la mesurabilité des fonctions par rapport à  $X$ .

**Lemme 3.1.1** (Condition de mesurabilité). *Soient  $X, Y : \Omega \rightarrow \mathbb{R}^d$  deux fonctions données, alors  $Y$  est  $\sigma(X)$ -mesurable si et seulement s'il existe une fonction mesurable de Borel  $g : \mathbb{R}^d \rightarrow \mathbb{R}^d$  telle que  $Y = g(X)$ .*

**Définition 3.1.2** (Mesure de probabilité). *Une mesure de probabilité  $\mathbf{P}$  sur un espace mesurable  $(\Omega, \mathcal{F})$  est une fonction  $\mathbf{P} : \mathcal{F} \rightarrow [0, 1]$  vérifiant*

- $\mathbf{P}(\Omega) = 1$  (normalisation).
- Pour toute suite disjointe  $\{A_i\}_{i \geq 1} \subset \mathcal{F}$  (c'est-à-dire,  $A_i \cap A_j = \emptyset$  pour  $i \neq j$ ),

$$\mathbf{P}\left(\bigcup_{i=1}^{\infty} A_i\right) = \sum_{i=1}^{\infty} \mathbf{P}(A_i) \quad (\text{additivité dénombrable}).$$

**Définition 3.1.3** (Espace de probabilité). *Le triplet  $(\Omega, \mathcal{F}, \mathbf{P})$  est appelé un espace de probabilité.*

**Définition 3.1.4** (Complétion d'une  $\sigma$ -algèbre). *Pour un espace de probabilité  $(\Omega, \mathcal{F}, \mathbf{P})$ , on définit*

$$\bar{\mathcal{F}} = \{A \subset \Omega : \exists B, C \in \mathcal{F} \text{ avec } B \subset A \subset C \text{ et } \mathbf{P}(B) = \mathbf{P}(C)\}.$$

- $\bar{\mathcal{F}}$  est une  $\sigma$ -algèbre appelée la complétion de  $\mathcal{F}$ .
- Si  $\mathcal{F} = \bar{\mathcal{F}}$ , l'espace est dit complet.
- Sinon,  $\mathbf{P}$  peut être étendue à  $\bar{\mathcal{F}}$  en posant  $\mathbf{P}(A) = \mathbf{P}(B) = \mathbf{P}(C)$ , rendant  $(\Omega, \bar{\mathcal{F}}, \mathbf{P})$  complet.

**Définition 3.1.5** (Espérance et moments). Soit  $X$  une variable aléatoire à valeurs réelles définie sur un espace de probabilité  $(\Omega, \mathcal{F}, \mathbf{P})$ . L'espérance de  $X$  est définie par  $\mathbb{E}(X) = \int_{\Omega} X d\mathbf{P}$ , sa variance par  $V(X) = \mathbb{E}[(X - \mathbb{E}(X))^2]$ , et pour  $p > 0$ , le  $p$ -ème moment est donné par  $\mathbb{E}(|X|^p)$ .

**Définition 3.1.6** (Covariance). Pour deux variables aléatoires à valeurs réelles  $X$  et  $Y$ ,

$$\text{Cov}(X, Y) = \mathbb{E}[(X - \mathbb{E}(X))(Y - \mathbb{E}(Y))].$$

- $X$  et  $Y$  sont non corrélées si  $\text{Cov}(X, Y) = 0$ .

Pour des variables aléatoires à valeurs dans  $\mathbb{R}^d$  :

- $X = (X_1, \dots, X_d)^T$  a pour espérance  $\mathbb{E}(X) = (\mathbb{E}(X_1), \dots, \mathbb{E}(X_d))^T$ .
- Pour une matrice de variables aléatoires  $X = (X_{ij})_{d \times m}$ ,  $\mathbb{E}(X) = (\mathbb{E}(X_{ij}))_{d \times m}$ .
- La matrice de covariance est

$$\text{Cov}(X, Y) = \mathbb{E}[(X - \mathbb{E}(X))(Y - \mathbb{E}(Y))^T],$$

qui est symétrique et semi-défini positif.

**Définition 3.1.7** (Distribution d'une variable aléatoire). Soit  $X$  une variable aléatoire à valeurs dans  $\mathbb{R}^d$ . Alors  $X$  induit une mesure de probabilité  $\mu_X$  sur  $(\mathbb{R}^d, \mathcal{B}^d)$ , appelée sa distribution, définie par

$$\mu_X(B) = \mathbf{P}\{\omega \mid X(\omega) \in B\} \quad \text{pour } B \in \mathcal{B}^d.$$

L'espérance peut alors être exprimée sous la forme

$$\mathbb{E}(X) = \int_{\mathbb{R}^d} x d\mu_X(x).$$

**Proposition 3.1.8** (Formule de transformation). Si  $g : \mathbb{R}^d \rightarrow \mathbb{R}^m$  est Borel mesurable, alors

$$\mathbb{E}(g(X)) = \int_{\mathbb{R}^d} g(x) d\mu_X(x).$$

**Définition 3.1.9** ( $\mathbf{L}^p$  espaces). Pour  $p \in (0, \infty)$ , on définit

$$\mathbf{L}^p = \mathbf{L}^p(\Omega, \mathbb{R}^d) = \left\{ X : \text{variables aléatoires à valeurs dans } \mathbb{R}^d \text{ avec } \mathbb{E}(|X|^p) < \infty \right\}.$$

Dans  $\mathbf{L}^1$ , on a l'inégalité fondamentale

$$|\mathbb{E}(X)| \leq \mathbb{E}(|X|).$$

**Théorème 3.1.10** (Inégalités fondamentales).     • **Inégalité de Hölder** : Pour  $p > 1$ , où  $\frac{1}{p} + \frac{1}{q} = 1$ ,  $X \in \mathbf{L}^p$ , et  $Y \in L^q$ ,

$$|\mathbb{E}(X^T Y)| \leq (\mathbb{E}(|X|^p))^{1/p} (\mathbb{E}(|Y|^q))^{1/q}.$$

• **Inégalité de Minkowski** : Pour  $p \geq 1$  et  $X, Y \in \mathbf{L}^p$ ,

$$(\mathbb{E}(|X + Y|^p))^{1/p} \leq (\mathbb{E}(|X|^p))^{1/p} + (\mathbb{E}(|Y|^p))^{1/p}.$$

• **Inégalité de Tchebychev** : Pour  $c > 0$ ,  $p > 0$ , et  $X \in \mathbf{L}^p$ ,

$$\mathbf{P}\{|X| \geq c\} \leq c^{-p} \mathbb{E}(|X|^p).$$

**Corollaire 3.1.11** (Comparaison des moments). Pour  $0 < r < p < \infty$  et  $X \in \mathbf{L}^p$ , on a

$$(\mathbb{E}(|X|^r))^{1/r} \leq (\mathbb{E}(|X|^p))^{1/p}.$$

**Définition 3.1.12** (Modes de convergence). Soit  $X$  et  $\{X_k\}_{k \geq 1}$  des variables aléatoires à valeurs dans  $\mathbb{R}^d$ .

• **Convergence presque sûre** :  $X_k \rightarrow X$  p.s. si il existe un ensemble nul  $\mathbf{P}$ -nul  $\Omega_0 \in \mathcal{F}$  tel que pour chaque  $\omega \notin \Omega_0$ ,

$$\lim_{k \rightarrow \infty} X_k(\omega) = X(\omega) \quad (\text{dans le sens habituel dans } \mathbb{R}^d).$$

Notée  $\lim_{k \rightarrow \infty} X_k = X$  p.s.

• **Convergence en probabilité** :  $X_k \xrightarrow{\mathbf{P}} X$  si pour tout  $\varepsilon > 0$ ,

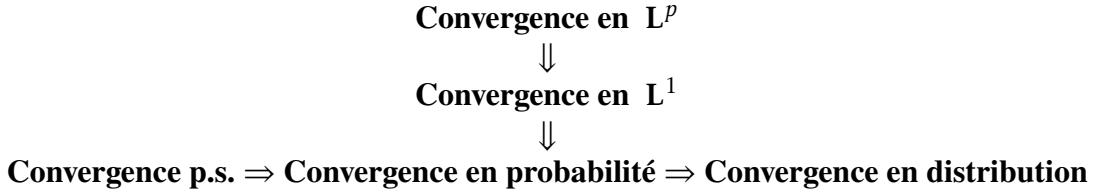
$$\lim_{k \rightarrow \infty} \mathbf{P}\{|X_k - X| > \varepsilon\} = 0.$$

• **Convergence en  $\mathbf{L}^p$**  : Pour  $X_k, X \in \mathbf{L}^p$ ,  $X_k \xrightarrow{\mathbf{L}^p} X$  si

$$\lim_{k \rightarrow \infty} \mathbb{E}(|X_k - X|^p) = 0.$$

• **Convergence en distribution** :  $X_k \xrightarrow{d} X$  si pour toute fonction continue et bornée  $g : \mathbb{R}^d \rightarrow \mathbb{R}$ ,

$$\lim_{k \rightarrow \infty} \mathbb{E}(g(X_k)) = \mathbb{E}(g(X)).$$

**TABLEAU 3.1.** Hiérarchie des modes de convergence pour les variables aléatoires

**Théorème 3.1.13** (Caractérisations de la convergence). Soit  $\{X_k\}_{k \in \mathbb{N}}$  une suite de variables aléatoires et  $X$  une variable aléatoire. Alors :

- $X_k \xrightarrow{\mathbf{P}} X$  si et seulement si toute sous-suite  $\{X_{k_n}\}_{n \in \mathbb{N}}$  contient une sous-suite supplémentaire  $\{X_{k_{n_m}}\}_{m \in \mathbb{N}}$  qui converge presque sûrement vers  $X$ .
- Si  $\sum_{k=1}^{\infty} \mathbb{E}[|X_k - X|^p] < \infty$  pour un certain  $p > 0$ , alors  $X_k \xrightarrow{p.s.} X$ .

**Théorème 3.1.14** (Théorème de convergence monotone). Si  $\{X_k\}$  est une suite croissante de variables aléatoires non négatives, alors

$$\lim_{k \rightarrow \infty} \mathbb{E}(X_k) = \mathbb{E}\left(\lim_{k \rightarrow \infty} X_k\right).$$

**Théorème 3.1.15** (Théorème de convergence dominée). Soit  $p \geq 1$ ,  $\{X_k\} \subset \mathbf{L}^p(\Omega, \mathbb{R}^d)$ , et  $Y \in \mathbf{L}^p(\Omega, \mathbb{R})$ . Si

$$|X_k| \leq Y \quad \text{presque sûrement},$$

et  $X_k \xrightarrow{\mathbf{P}} X$ , alors

$$X \in \mathbf{L}^p(\Omega, \mathbb{R}^d),$$

$$X_k \xrightarrow{\mathbf{L}^p} X,$$

et

$$\lim_{k \rightarrow \infty} \mathbb{E}(X_k) = \mathbb{E}(X).$$

Lorsque  $Y$  est borné, il s'agit du théorème de convergence bornée.

**Définition 3.1.16** (Indépendance). • Une collection  $\{A_i \mid i \in I\} \subset \mathcal{F}$  est indépendante si pour tout sous-ensemble fini  $\{i_1, \dots, i_k\} \subset I$ ,

$$\mathbf{P}\left(\bigcap_{j=1}^k A_{i_j}\right) = \prod_{j=1}^k \mathbf{P}(A_{i_j}).$$

- Deux sous- $\sigma$ -algèbres  $\mathcal{F}_1, \mathcal{F}_2 \subset \mathcal{F}$  sont indépendantes si

$$\mathbf{P}(A_1 \cap A_2) = \mathbf{P}(A_1)\mathbf{P}(A_2) \quad \forall A_1 \in \mathcal{F}_1, A_2 \in \mathcal{F}_2.$$

- Une collection  $\{\mathcal{F}_i \mid i \in I\}$  est indépendante si pour tout sous-ensemble fini  $\{i_1, \dots, i_k\} \subset I$  et  $A_{i_j} \in \mathcal{F}_{i_j}$ ,

$$\mathbf{P}\left(\bigcap_{j=1}^k A_{i_j}\right) = \prod_{j=1}^k \mathbf{P}(A_{i_j}).$$

**Définition 3.1.17** (Variables aléatoires indépendantes). *Une famille  $\{X_i \mid i \in I\}$  est indépendante si les  $\sigma$ -algèbres  $\{\sigma(X_i) \mid i \in I\}$  sont indépendantes. Deux variables aléatoires  $X : \Omega \rightarrow \mathbb{R}^d$  et  $Y : \Omega \rightarrow \mathbb{R}^m$  sont indépendantes si et seulement si*

$$\mathbf{P}(X \in A, Y \in B) = \mathbf{P}(X \in A)\mathbf{P}(Y \in B)$$

pour tous  $A \in \mathcal{B}^d$  et  $B \in \mathcal{B}^m$ .

**Théorème 3.1.18** (Propriétés des variables indépendantes). *Pour des variables aléatoires intégrables indépendantes :*

- Si  $X, Y$  sont indépendantes et intégrables, alors  $XY$  est intégrable et

$$\mathbb{E}(XY) = \mathbb{E}(X) \cdot \mathbb{E}(Y).$$

- Pour  $X, Y \in \mathbf{L}^2(\Omega, \mathbb{R})$  :
  - Si  $X$  et  $Y$  sont non corrélées, alors  $V(X + Y) = V(X) + V(Y)$ ,
  - Si  $X$  et  $Y$  sont indépendantes, alors elles sont non corrélées,
  - Pour des variables aléatoires indépendantes jointement normales,  $X$  et  $Y$  sont non corrélées si et seulement si elles sont indépendantes.

**Définition 3.1.19** (Limite supérieure des ensembles). *Pour une suite  $\{A_k\} \subset \mathcal{F}$ , la limite supérieure est définie par*

$$\limsup_{k \rightarrow \infty} A_k = \{\omega \in \Omega \mid \omega \in A_k \text{ pour une infinité de } k\} = \bigcap_{i=1}^{\infty} \bigcup_{k=i}^{\infty} A_k \in \mathcal{F}.$$

**Lemme 3.1.20** (Lemme de Borel-Cantelli).     • Si  $\sum_{k=1}^{\infty} \mathbf{P}(A_k) < \infty$ , alors

$$\mathbf{P}\left(\limsup_{k \rightarrow \infty} A_k\right) = 0$$

- Si  $\{A_k\} \subset \mathcal{F}$  est une famille indépendante et  $\sum_{k=1}^{\infty} \mathbf{P}(A_k) = \infty$ , alors

$$\mathbf{P}\left(\limsup_{k \rightarrow \infty} A_k\right) = 1$$

. C'est-à-dire, il existe un ensemble  $\Omega_\theta \in \mathcal{F}$  avec  $\mathbf{P}(\Omega_\theta) = 1$  tel que pour tout  $\omega \in \Omega_\theta$ ,  $\omega$  appartient à une infinité de  $A_k$ .

**Définition 3.1.21** (Probabilité conditionnelle). Pour  $A, B \in \mathcal{F}$  avec  $\mathbf{P}(B) > 0$ , la probabilité conditionnelle est donnée par

$$\mathbf{P}(A | B) = \frac{\mathbf{P}(A \cap B)}{\mathbf{P}(B)}.$$

**Définition 3.1.22** (Espérance conditionnelle). Soit  $X \in \mathbf{L}^1(\Omega, \mathbb{R})$  et  $\mathcal{G} \subset \mathcal{F}$  une sous- $\sigma$ -algèbre. L'espérance conditionnelle  $\mathbb{E}(X | \mathcal{G})$  est la variable aléatoire  $\mathcal{G}$ -mesurable presque sûrement unique satisfaisant

$$\int_G X d\mathbf{P} = \int_G \mathbb{E}(X | \mathcal{G}) d\mathbf{P} \quad \forall G \in \mathcal{G}.$$

Lorsque  $\mathcal{G} = \sigma(Y)$ , nous écrivons  $\mathbb{E}(X | Y)$ .

**Exemple 3.1.23** (Cas discret). Considérons une partition dénombrable  $\{A_k\} \subset \mathcal{F}$  qui satisfait  $\bigcup_k A_k = \Omega$  avec  $\mathbf{P}(A_k) > 0$  et  $A_k \cap A_j = \emptyset$  pour  $k \neq j$ . Pour  $\mathcal{G} = \sigma(\{A_k\})$ , l'espérance conditionnelle devient

$$\mathbb{E}(X | \mathcal{G}) = \sum_k \frac{\mathbb{E}(X \mathbb{1}_{A_k})}{\mathbf{P}(A_k)} \mathbb{1}_{A_k}.$$

Pour tout  $\omega \in A_k$ , cela se simplifie en

$$\mathbb{E}(X | \mathcal{G})(\omega) = \frac{\mathbb{E}(X \mathbb{1}_{A_k})}{\mathbf{P}(A_k)} = \mathbb{E}(X | A_k).$$

**Proposition 3.1.24** (Propriétés de l'espérance conditionnelle). Pour  $X \in \mathbf{L}^1(\Omega, \mathbb{R})$  et une sous- $\sigma$ -algèbre  $\mathcal{G} \subset \mathcal{F}$ , les propriétés suivantes sont vérifiées presque sûrement :

- Propriété de la tour :

$$\mathbb{E}[\mathbb{E}(X | \mathcal{G})] = \mathbb{E}(X).$$

- Inégalité de Jensen :

$$|\mathbb{E}(X | \mathcal{G})| \leq \mathbb{E}(|X| | \mathcal{G}).$$

- **Sous- $\sigma$ -algèbre triviale** : Si  $\mathcal{G} = \{\emptyset, \Omega\}$ , alors

$$\mathbb{E}(X | \mathcal{G}) = \mathbb{E}(X).$$

- **Positivité** : Si  $X \geq 0$ , alors

$$\mathbb{E}(X | \mathcal{G}) \geq 0.$$

- **Mesurabilité** : Si  $X$  est  $\mathcal{G}$ -mesurable, alors

$$\mathbb{E}(X | \mathcal{G}) = X.$$

- **Constantes** : Si  $X = c$  pour une constante  $c \in \mathbb{R}$ , alors

$$\mathbb{E}(X | \mathcal{G}) = c.$$

- **Linéarité** : Pour  $a, b \in \mathbb{R}$ , nous avons

$$\mathbb{E}(aX + bY | \mathcal{G}) = a\mathbb{E}(X | \mathcal{G}) + b\mathbb{E}(Y | \mathcal{G}).$$

- **Monotonie** : Si  $X \leq Y$ , alors

$$\mathbb{E}(X | \mathcal{G}) \leq \mathbb{E}(Y | \mathcal{G}).$$

- **Propriété de retrait** : Si  $X$  est  $\mathcal{G}$ -mesurable, alors

$$\mathbb{E}(XY | \mathcal{G}) = X\mathbb{E}(Y | \mathcal{G}).$$

- **Indépendance** : Si  $\sigma(X)$  et  $\mathcal{G}$  sont indépendantes, alors

$$\mathbb{E}(X | \mathcal{G}) = \mathbb{E}(X).$$

- **Conditionnement imbriqué** : Si  $\mathcal{G}_1 \subset \mathcal{G}_2$ , alors

$$\mathbb{E}\left[\mathbb{E}(X | \mathcal{G}_2) | \mathcal{G}_1\right] = \mathbb{E}(X | \mathcal{G}_1).$$

**Définition 3.1.25** (Espérance conditionnelle vectorielle). Pour  $X = (X_1, \dots, X_d)^T \in L^1(\Omega, \mathbb{R}^d)$ , l'espérance conditionnelle vectorielle est donnée par

$$\mathbb{E}(X | \mathcal{G}) = (\mathbb{E}(X_1 | \mathcal{G}), \dots, \mathbb{E}(X_d | \mathcal{G}))^T.$$

### 3.1.2 Processus Stochastiques

**Définition 3.1.26** (Filtration). *Une filtration  $\{\mathcal{F}_t\}_{t \geq 0}$  est définie comme*

- *Une famille de sous- $\sigma$ -algèbres croissantes ( $\mathcal{F}_t \subset \mathcal{F}_s$  pour  $t < s$ ),*
- *Continue à droite si  $\mathcal{F}_t = \bigcap_{s > t} \mathcal{F}_s$ ,*
- *Satisfaire les conditions usuelles si elle est continue à droite et si  $\mathcal{F}_0$  contient tous les ensembles de mesure nulle de  $\mathbf{P}$ .*

**Définition 3.1.27** (Processus stochastique). *Un processus stochastique est une famille  $\{X_t\}_{t \in I}$  de variables aléatoires à valeurs dans  $\mathbb{R}^d$  où*

- *I est typiquement  $\mathbb{R}_+ = [0, \infty)$ , un intervalle  $[a, b]$ , ou  $\mathbb{N}$ ,*
- *Pour chaque  $t \in I$ ,  $X_t : \Omega \rightarrow \mathbb{R}^d$  est une variable aléatoire.*

**Définition 3.1.28** (Filtration complète). *Soit  $(\Omega, \mathcal{F}, \{\mathcal{F}_t\}_{t \geq 0}, \mathbf{P})$  un espace de probabilité filtré. Nous définissons*

$$\mathcal{F}_\infty = \sigma \left( \bigcup_{t \geq 0} \mathcal{F}_t \right),$$

où  $\sigma(\bigcup_{t \geq 0} \mathcal{F}_t)$  désigne la plus petite  $\sigma$ -algèbre contenant tous les ensembles mesurables par les  $\mathcal{F}_t$  pour  $t \geq 0$ .

**Définition 3.1.29** (Trajectoires). *Pour un processus stochastique  $\{X_t\}_{t \in I}$ ,*

- *Pour un  $\omega$  fixé dans  $\Omega$ , l'application  $t \mapsto X_t(\omega)$  est appelée une trajectoire,*
- *Une notation alternative  $X(t, \omega)$  met en évidence la nature à deux paramètres.*

**Définition 3.1.30** (Régularité du processus). *Un processus à valeurs dans  $\mathbb{R}^d$ ,  $\{X_t\}_{t \geq 0}$ , est dit*

- *Continu : si presque toutes les trajectoires sont continues,*
- *Càdlàg : (continu à droite avec limites à gauche) si le processus est continu à droite et  $\lim_{s \uparrow t} X_s(\omega)$  existe et est fini pour tout  $t > 0$ , presque sûrement,*
- *Intégrable : si  $X_t \in L^1$  pour tout  $t \geq 0$ .*

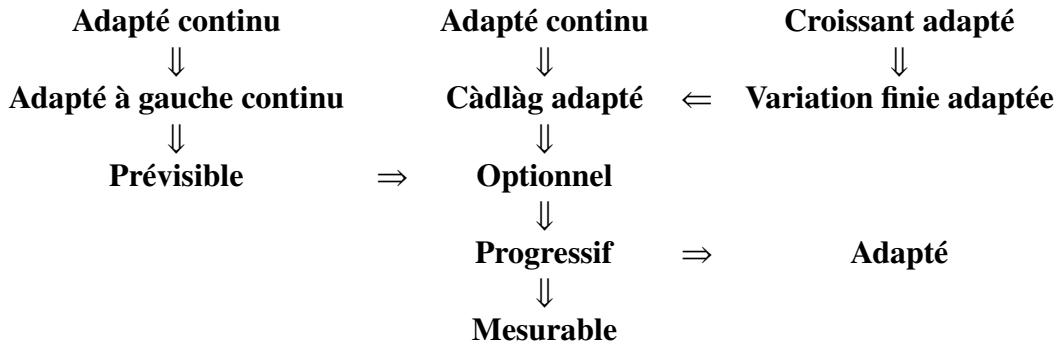
**Définition 3.1.31** (Propriétés de mesurabilité). *Un processus  $\{X_t\}_{t \geq 0}$  est dit*

- *Adapté : si  $X_t$  est mesurable par rapport à  $\mathcal{F}_t$  pour tout  $t$ ,*
- *Mesurable : si  $(t, \omega) \mapsto X_t(\omega)$  est mesurable par rapport à  $\mathcal{B}(\mathbb{R}_+) \times \mathcal{F}$ ,*
- *Progressivement mesurable : si pour tout  $T > 0$ , le processus  $\{X_t\}_{0 \leq t \leq T}$  est mesurable par rapport à  $\mathcal{B}([0, T]) \times \mathcal{F}_T$ .*

**Définition 3.1.32** (Classes de processus spéciaux). *Les classes suivantes sont des classes de processus spéciaux :*

- *Optionnel : ( $\mathcal{O}$ -mesurable) La plus petite  $\sigma$ -algèbre rendant mesurables tous les processus adaptés càdlàg,*

- **Prédictible** : ( $\mathcal{P}$ -mesurable) La plus petite  $\sigma$ -algèbre rendant mesurables tous les processus adaptés continus à gauche,
- **Processus croissant** : Un processus dont les trajectoires sont presque sûrement non négatives, non décroissantes, et continues à droite,
- **Variation finie** : Un processus qui peut s'écrire comme  $A_t = \bar{A}_t - \hat{A}_t$  où  $\bar{A}_t$  et  $\hat{A}_t$  sont des processus croissants.



**TABLEAU 3.2.** Hiérarchie des classes de processus stochastiques. Les relations entre les différents types de processus stochastiques sont résumées.

**Définition 3.1.33** (Modifications et Indistinguabilité des Processus). Deux processus stochastiques  $\{X_t\}_{t \geq 0}$  et  $\{Y_t\}_{t \geq 0}$  sont appelés

- **Modifications (ou versions)** : l'un de l'autre si pour tout  $t \geq 0$ ,  $\mathbf{P}(X_t = Y_t) = 1$ ,
- **Indistinguables** : si  $\mathbf{P}(\forall t \geq 0, X_t = Y_t) = 1$ .

**Définition 3.1.34** (Temps d'arrêt). Une variable aléatoire  $\tau : \Omega \rightarrow [0, \infty]$  est un **temps d'arrêt**  $\{\mathcal{F}_t\}$ -adapté si

$$\{\tau \leq t\} \in \mathcal{F}_t \quad \text{pour tout } t \geq 0.$$

**Définition 3.1.35** (Intervals stochastiques). Pour des temps d'arrêt  $\tau \leq \rho$ , définissons l'intervalle

$$[[\tau, \rho]] = \{(t, \omega); \tau(\omega) \leq t \leq \rho(\omega)\}.$$

Les autres intervalles, tels que  $((\tau, \rho]]$ ,  $[[\tau, \rho))$ , et  $((\tau, \rho))$ , sont définis de manière similaire.

**Définition 3.1.36** (Algèbre  $\sigma$  arrêtée). Pour un temps d'arrêt  $\tau$ , l'algèbre  $\sigma$  arrêtée est définie par

$$\mathcal{F}_\tau = \{A \in \mathcal{F}; A \cap \{\tau \leq t\} \in \mathcal{F}_t \text{ pour tout } t \geq 0\}.$$

Si  $\tau \leq \rho$ , alors  $\mathcal{F}_\tau \subseteq \mathcal{F}_\rho$ .

**Théorème 3.1.37** (Mesurabilité des processus arrêtés). *Pour tout processus progressivement mesurable  $\{X_t\}$  et un temps d'arrêt  $\tau$ , la variable aléatoire  $X_\tau \mathbb{1}_{\{\tau < \infty\}}$  est mesurable par rapport à  $\mathcal{F}_\tau$ . De plus, si  $\tau < \infty$  presque sûrement, alors  $X_\tau$  est mesurable par rapport à  $\mathcal{F}_\tau$ .*

**Théorème 3.1.38** (Temps de sortie). *Soit  $\{X_t\}$  un processus càdlàg  $\{\mathcal{F}_t\}$ -adapté, et soit  $D \subset \mathbb{R}^d$  ouvert. Alors*

- $\tau = \inf\{t \geq 0 ; X_t \notin D\}$  est un temps d'arrêt.
- Pour tout temps d'arrêt  $\rho$ ,  $\theta = \inf\{t \geq \rho ; X_t \notin D\}$  est un temps d'arrêt.

**Définition 3.1.39** (Martingale). *Un processus intégrable à valeurs dans  $\mathbb{R}^d$  et  $\{\mathcal{F}_t\}$ -adapté  $\{M_t\}$  est une **martingale** si*

$$\mathbb{E}(M_t | \mathcal{F}_s) = M_s \quad \text{presque sûrement pour tout } 0 \leq s < t.$$

- Toute martingale possède une modification càdlàg.
- Le processus arrêté est défini comme  $M^\tau = \{M_{\tau \wedge t}\}_{t \geq 0}$ .

**Théorème 3.1.40** (Théorème d'arrêt de Doob). *Pour une martingale  $\{M_t\}$  et des temps d'arrêt finis  $\theta, \rho$ , nous avons*

$$\mathbb{E}(M_\theta | \mathcal{F}_\rho) = M_{\theta \wedge \rho} \quad \text{presque sûrement.}$$

**Théorème 3.1.41** (Propriété du processus martingale arrêté). *Pour toute martingale  $\{M_t\}$  et un temps d'arrêt  $\tau$ , le processus arrêté  $M_{\tau \wedge t}$  est une martingale vérifiant*

$$\mathbb{E}(M_{\tau \wedge t} | \mathcal{F}_s) = M_{\tau \wedge s} \quad \text{presque sûrement pour tout } 0 \leq s < t.$$

**Définition 3.1.42** (Processus carré-intégrable). *Un processus  $\{X_t\}$  est carré-intégrable si  $\mathbb{E}(|X_t|^2) < \infty$  pour tout  $t \geq 0$ .*

**Définition 3.1.43** (Variation quadratique d'un processus stochastique). *Soit  $X = (X_t)_{t \geq 0}$  un processus stochastique càdlàg adapté sur l'espace filtré complet  $(\Omega, \mathcal{F}, (\mathcal{F}_t)_{t \geq 0}, \mathbb{P})$ . La variation quadratique de  $X$  est le processus  $[X] = ([X]_t)_{t \geq 0}$  défini comme la limite en probabilité suivante :*

$$[X]_t \triangleq \lim_{n \rightarrow +\infty} \sum_{k=1}^{2^n} (X_{t \wedge k2^{-n}} - X_{t \wedge (k-1)2^{-n}})^2, \quad (3.1)$$

où la convergence est uniforme sur les compacts en temps. Plus généralement, pour toute suite de partitions  $(\pi_n)_{n \in \mathbb{N}}$  de  $\mathbb{R}^+$  dont le maillage tend vers zéro, c'est-à-dire  $\|\pi_n\| \rightarrow 0$ , on a :

$$[X]_t = \lim_{n \rightarrow +\infty} \sum_{t_i \in \pi_n} (X_{t_{i+1} \wedge t} - X_{t_i \wedge t})^2 \quad \text{en probabilité.} \quad (3.2)$$

Cette limite existe toujours pour les semimartingales et définit un processus croissant, adapté et càdlàg.

**Définition 3.1.44** (Crochet angulaire d'une martingale locale continue). Soit  $M \in \mathcal{M}_{loc,c}$  une martingale locale continue. Il existe un unique processus  $\langle M \rangle = (\langle M \rangle_t)_{t \geq 0}$  vérifiant les propriétés suivantes :

- $\langle M \rangle$  est prévisible, c'est-à-dire  $\mathcal{P}$ -mesurable, où  $\mathcal{P}$  désigne la tribu prévisible,
- $t \mapsto \langle M \rangle_t$  est presque sûrement continue, croissante, et telle que  $\langle M \rangle_0 = 0$ ,
- le processus  $M^2 - \langle M \rangle$  est une martingale locale.

Dans le cas d'une martingale locale générale  $M \in \mathcal{M}_{loc}$ , le crochet angulaire est défini comme la projection prévisible de sa variation quadratique, à savoir :

$$\langle M \rangle \triangleq [M]^p, \quad (3.3)$$

où  $p$  désigne la projection prévisible (dual prévisible dans la décomposition de Doob–Meyer).

**Théorème 3.1.45** (Décomposition canonique de la variation quadratique). Soit  $M$  une martingale locale. Sa variation quadratique admet la décomposition suivante, valable pour tout  $t \geq 0$  :

$$[M]_t = \langle M^c \rangle_t + \sum_{0 < s \leq t} (\Delta M_s)^2, \quad (3.4)$$

où  $M^c$  désigne la partie continue de  $M$  et  $\Delta M_s := M_s - M_{s-}$  représente les sauts de  $M$ . Plus précisément :

- si  $M$  est continue, alors  $[M] = \langle M \rangle$  est un processus continu,
- si  $M$  est purement discontinu, alors  $[M]_t = \sum_{s \leq t} (\Delta M_s)^2$ ,
- dans le cas général,  $\langle M \rangle = \langle M^c \rangle$  correspond à la partie compensée (prévisible) de  $[M]$ .

Cette décomposition constitue l'analogue stochastique de la formule classique  $d(x^2) = 2x dx + d\langle x \rangle$  en calcul différentiel régulier.

**Théorème 3.1.46** (Variation quadratique). Pour une martingale réelle continue et carré-intégrable  $\{M_t\}_{t \geq 0}$ , les résultats suivants sont valables :

- Il existe un unique processus continu, croissant, intégrable et adapté  $\langle M \rangle_t$  tel que  $\{M_t^2 - \langle M \rangle_t\}$  soit une martingale continue qui s'annule en  $t = 0$ .
- Pour tout temps d'arrêt fini  $\tau$ , nous avons

$$\mathbb{E}[M_\tau^2] = \mathbb{E}[\langle M \rangle_\tau].$$

**Définition 3.1.47** (Variation quadratique conjointe). *Pour des martingales continues carré-intégrables  $M$  et  $N$ , la variation quadratique conjointe est définie par*

$$\langle M, N \rangle_t = \frac{1}{4} (\langle M + N \rangle_t - \langle M - N \rangle_t).$$

- *Le processus  $\{M_t N_t - \langle M, N \rangle_t\}$  est une martingale.*
- *Pour un temps d'arrêt fini  $\tau$ , nous avons*

$$\mathbb{E}(M_\tau N_\tau) = \mathbb{E}(\langle M, N \rangle_\tau).$$

**Définition 3.1.48** (Martingale locale). *Un processus  $\{M_t\}$  adapté et à droite-continu est appelé une martingale locale s'il existe des temps d'arrêt  $\tau_k \uparrow \infty$  presque sûrement tels que les processus  $\{M_{\tau_k \wedge t} - M_0\}$  soient des martingales.*

**Théorème 3.1.49** (Variation quadratique pour les martingales locales). *Pour des martingales locales continues  $M$  et  $N$ , les résultats suivants sont valables :*

- *Il existe un unique processus de variation finie  $\langle M, N \rangle_t$  rendant  $\{M_t N_t - \langle M, N \rangle_t\}$  une martingale locale.*
- *Lorsque  $M = N$ ,  $\langle M \rangle_t$  est la variation quadratique.*

**Théorème 3.1.50** (Loi forte des martingales). *Pour une martingale locale continue  $\{M_t\}$  avec  $M_0 = 0$ , les résultats suivants sont valables :*

- *Si  $\lim_{t \rightarrow \infty} \langle M \rangle_t = \infty$  presque sûrement, alors*

$$\lim_{t \rightarrow \infty} \frac{M_t}{\langle M \rangle_t} = 0 \quad \text{presque sûrement.}$$

- *Si  $\limsup_{t \rightarrow \infty} \frac{\langle M \rangle_t}{t} < \infty$  presque sûrement, alors*

$$\lim_{t \rightarrow \infty} \frac{M_t}{t} = 0 \quad \text{presque sûrement.}$$

- *Pour un processus croissant continu adapté  $\{A_t\}$  tel que*

$$\lim_{t \rightarrow \infty} A_t = \infty \quad \text{presque sûrement, et} \quad \int_0^\infty \frac{d\langle M \rangle_t}{(1 + A_t)^2} < \infty \quad \text{presque sûrement,}$$

*nous avons*

$$\lim_{t \rightarrow \infty} \frac{M_t}{A_t} = 0 \quad \text{presque sûrement.}$$

**Définition 3.1.51** (Supermartingales et Submartingales). *Un processus intégrable adapté  $\{M_t\}$  est*

- Une **supermartingale** si  $\mathbb{E}(M_t | \mathcal{F}_s) \leq M_s$  presque sûrement pour tout  $s \leq t$ ,
- Une **submartingale** si  $\mathbb{E}(M_t | \mathcal{F}_s) \geq M_s$  presque sûrement pour tout  $s \leq t$ .

**Propriétés :**

- Si  $\{M_t\}$  est une martingale, alors  $\{|M_t|^p\}$  est une submartingale pour  $p \geq 1$ ,
- $\mathbb{E}(M_t)$  diminue pour les supermartingales et augmente pour les submartingales,
- Le théorème d'arrêt de Doob s'étend aux supermartingales et aux submartingales.

**Théorème 3.1.52** (Théorème de convergence des martingales de Doob). *Pour une supermartingale adaptée à droite satisfaisant  $\sup_t \mathbb{E}[M_t^-] < \infty$ , les résultats suivants sont valables :*

- La limite  $M_t \rightarrow M_\infty$  existe presque sûrement, avec  $M_\infty \in L^1$  (cette propriété est toujours valable pour les supermartingales non négatives).
- Une supermartingale adaptée à droite est uniformément intégrable si et seulement si  $M_t \rightarrow M_\infty$  à la fois presque sûrement et dans  $L^1$ , pour un certain  $M_\infty \in L^1$ .
- Pour tout  $X \in L^1$ , les espérances conditionnelles satisfont

$$\mathbb{E}(X | \mathcal{F}_t) \rightarrow \mathbb{E}(X | \mathcal{F}_\infty)$$

avec convergence à la fois presque sûrement et dans  $L^1$ .

**Théorème 3.1.53** (Inégalités de Doob pour les supermartingales). *Pour une supermartingale à valeurs réelles  $\{M_t\}$  et un intervalle  $[a, b] \subset \mathbb{R}_+$ , les inégalités suivantes sont valables pour tout  $c > 0$  :*

$$\begin{aligned} c\mathbf{P}\left(\sup_{a \leq t \leq b} M_t \geq c\right) &\leq \mathbb{E}[M_a] + \mathbb{E}[M_b^-], \\ c\mathbf{P}\left(\inf_{a \leq t \leq b} M_t \leq -c\right) &\leq \mathbb{E}[M_b^-]. \end{aligned}$$

**Théorème 3.1.54** (Inégalités de Doob pour les submartingales). *Pour  $p > 1$  et une submartingale non négative  $\{M_t\} \subset \mathbf{L}^p(\Omega, \mathbb{R})$ , l'inégalité suivante est valable pour tout intervalle borné  $[a, b] \subset \mathbb{R}_+$  :*

$$\mathbb{E}\left[\sup_{a \leq t \leq b} M_t^p\right] \leq \left(\frac{p}{p-1}\right)^p \mathbb{E}[M_b^p].$$

**Théorème 3.1.55** (Inégalités de Doob pour les martingales). *Pour une martingale à valeurs dans  $\mathbb{R}^d$   $\{M_t\}$  et un intervalle  $[a, b] \subset \mathbb{R}_+$ , les inégalités suivantes sont valables :*

- Si  $p \geq 1$  et  $M_t \in \mathbf{L}^p(\Omega, \mathbb{R}^d)$ , alors

$$\mathbf{P}\left(\sup_{a \leq t \leq b} |M_t| \geq c\right) \leq \frac{\mathbb{E}[|M_b|^p]}{c^p} \quad \text{pour tout } c > 0.$$

- Si  $p > 1$  et  $M_t \in \mathbf{L}^p(\Omega, \mathbb{R}^d)$ , alors

$$\mathbb{E} \left[ \sup_{a \leq t \leq b} |M_t|^p \right] \leq \left( \frac{p}{p-1} \right)^p \mathbb{E}[|M_b|^p].$$

**Théorème 3.1.56** (Théorème de décomposition). Soient  $\{A_t\}_{t \geq 0}$  et  $\{U_t\}_{t \geq 0}$  deux processus continus croissants adaptés avec  $A_0 = U_0 = 0$  presque sûrement. Soit  $\{M_t\}_{t \geq 0}$  une martingale locale continue à valeurs réelles avec  $M_0 = 0$  presque sûrement. Soit  $\xi$  une variable aléatoire non négative mesurable par rapport à  $\mathcal{F}_0$ . On définit

$$X_t = \xi + A_t - U_t + M_t \quad \text{pour } t \geq 0.$$

Si  $X_t$  est non négatif, alors

$$\left\{ \lim_{t \rightarrow \infty} A_t < \infty \right\} \cap \left\{ \lim_{t \rightarrow \infty} X_t \text{ existe et est fini} \right\} \cap \left\{ \lim_{t \rightarrow \infty} U_t < \infty \right\} \quad \text{presque sûrement},$$

où  $B \subset D$  presque sûrement signifie  $\mathbf{P}(B \cap D^c) = 0$ . En particulier, si  $\lim_{t \rightarrow \infty} A_t < \infty$  presque sûrement, alors pour presque chaque  $\omega \in \Omega$ ,

$$\lim_{t \rightarrow \infty} X_t(\omega) \text{ existe et est fini, et } \lim_{t \rightarrow \infty} U_t(\omega) < \infty.$$

### 3.1.3 Processus de Lévy, Poisson et Poisson composé

**Définition 3.1.57** (Processus de Lévy). Un processus stochastique  $X = (X_t)_{t \geq 0}$  défini sur un espace de probabilité  $(\Omega, \mathcal{F}, \mathbf{P})$  est appelé un processus de Lévy s'il satisfait les propriétés suivantes :

- **Valeur initiale nulle** :  $X_0 = 0$  presque sûrement.
- **Incréments indépendants** : Pour tout  $0 \leq t_1 < t_2 < \dots < t_n$ , les variables aléatoires  $X_{t_2} - X_{t_1}, \dots, X_{t_n} - X_{t_{n-1}}$  sont indépendantes.
- **Incréments stationnaires** :  $X_t - X_s \stackrel{d}{=} X_{t-s}$  pour tout  $0 \leq s < t$ .
- **Chemins càdlàg** : Les trajectoires  $t \mapsto X_t(\omega)$  sont continues à droite avec des limites à gauche presque sûrement.
- **Continuité stochastique** :  $\lim_{s \rightarrow t} \mathbf{P}(|X_t - X_s| > \varepsilon) = 0$  pour tout  $\varepsilon > 0$  et  $t \geq 0$ .

**Théorème 3.1.58** (Représentation de Lévy-Khintchine). La fonction caractéristique d'un processus de Lévy  $X_t$  peut être exprimée comme  $\mathbb{E}[e^{iuX_t}] = e^{t\eta(u)}$ , où l'exposant de Lévy  $\eta: \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{C}$  a la forme

$$\eta(u) = ibu - \frac{1}{2}\sigma^2 u^2 + \int_{\mathbb{R} \setminus \{0\}} (e^{iux} - 1 - iux \mathbb{1}_{\{|x|<1\}}) v(dx),$$

où  $b \in \mathbb{R}$  est le coefficient de dérive,  $\sigma \geq 0$  est le coefficient de diffusion et  $\nu$  est la mesure de Lévy satisfaisant  $\int_{\mathbb{R}}(1 \wedge x^2)\nu(dx) < \infty$ .

**Définition 3.1.59** (Processus de Poisson). *Un processus de Poisson avec intensité  $\lambda > 0$  est un processus de comptage  $(N_t)_{t \geq 0}$  satisfaisant :*

- $N_0 = 0$  presque sûrement,
- Incréments indépendants,
- Pour  $0 \leq s < t$ , l'incrément  $N_t - N_s$  suit une loi de Poisson

$$\mathbf{P}(N_t - N_s = k) = \frac{(\lambda(t-s))^k}{k!} e^{-\lambda(t-s)}, \quad k \in \mathbb{N}_0.$$

Pour une intensité dépendant du temps  $\lambda_t > 0$ , la fonction de masse de probabilité devient

$$\mathbf{P}(N_t - N_s = k) = \frac{\left(\int_s^t \lambda_u du\right)^k}{k!} \exp\left(-\int_s^t \lambda_u du\right).$$

**Définition 3.1.60** (Processus de Poisson composé). *Un processus stochastique  $(Y_t)_{t \geq 0}$  est appelé un processus de Poisson composé s'il satisfait les conditions suivantes :*

- **Base de comptage de Poisson** :  $(N_t)_{t \geq 0}$  est un processus de Poisson avec intensité  $\lambda > 0$ ,
- **Sauts indépendants** :  $(\xi_k)_{k \geq 1}$  sont des variables aléatoires i.i.d. avec distribution commune  $F$ ,
- **Indépendance** :  $(\xi_k)$  et  $(N_t)$  sont indépendants,
- **Structure composée** :  $Y_t = \sum_{k=1}^{N_t} \xi_k$ ,  $Y_0 = 0$  p.s.,
- **Temps des sauts** :  $\tau_k = \inf\{t \geq 0, N_t \geq k\}$  sont les temps d'arrivée.

**Remarque 3.1.61** (Relations). *Le processus de Poisson composé relie plusieurs concepts fondamentaux :*

- **Lien avec le processus de Poisson** : Lorsque  $\xi_k \equiv 1$ ,  $Y_t$  devient  $N_t$ ,
- **Fonction génératrice des moments** :  $\mathbb{E}[e^{uY_t}] = \exp\left(\lambda t(\mathbb{E}[e^{u\xi_1}] - 1)\right)$ ,
- **Lien avec la mesure de Lévy** :  $\nu(dx) = \lambda F(dx)$ , où  $\nu$  est la mesure de Lévy,
- **Incréments** :  $Y_t - Y_s \stackrel{d}{=} \sum_{k=1}^{N_{t-s}} \xi_k$  pour  $0 \leq s < t$ ,
- **Propriété de martingale** :  $Y_t - \lambda t \mathbb{E}[\xi_1]$  est une martingale.

**Définition 3.1.62** (Mesure aléatoire de Poisson). *Pour un processus de Lévy donné  $X$ , la mesure aléatoire de Poisson sur  $\mathbb{R}_+ \times \mathbb{R} \setminus \{0\}$  est définie par*

$$N(\omega; dt, dx) = \sum_{s>0} \mathbb{1}_{\{\Delta X_s(\omega) \neq 0\}} \delta_{(s, \Delta X_s(\omega))}(dt, dx),$$

où  $\Delta X_s = X_s - X_{s-}$  désigne le saut au temps  $s$ . Sa version compensée est donnée par

$$\tilde{N}(dt, dx) = N(dt, dx) - \nu(dx)dt,$$

où  $\nu$  représente la mesure de Lévy du processus.

**Théorème 3.1.63** (Décomposition de Lévy-Itô). *Tout processus de Lévy  $X_t$  admet la décomposition suivante :*

$$X_t = bt + \sigma B_t + Z_t + M_t,$$

où

$$\begin{aligned} Z_t &= \int_{[0,t] \times \{|x|>1\}} x N(ds, dx), \\ M_t &= \lim_{\epsilon \downarrow 0} \int_{[0,t] \times \{\epsilon < |x| \leq 1\}} x \tilde{N}(ds, dx). \end{aligned}$$

Ici,  $(B_t)_{t \geq 0}$  est un mouvement Brownien standard,  $Z_t$  capture tous les grands sauts (avec  $|x| > 1$ ), et  $M_t$  résulte de la limite des petits sauts compensés (avec  $0 < |x| \leq 1$ ).

**Proposition 3.1.64** (Propriété de martingale). *Le composant des petits sauts*

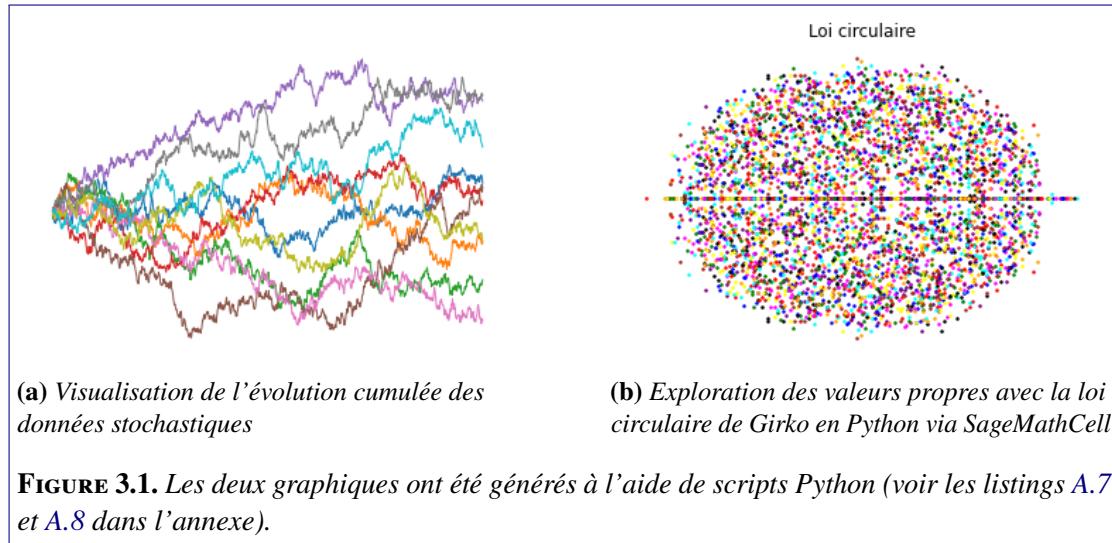
$$M_t^\epsilon = \int_{[0,t] \times \{\epsilon < |x| \leq 1\}} x \tilde{N}(ds, dx),$$

satisfait

$$\mathbb{E}[(M_t^\epsilon - M_t^{\epsilon'})^2] = t \int_{\epsilon'}^{\epsilon} x^2 \nu(dx), \quad 0 < \epsilon' < \epsilon \leq 1,$$

et converge dans  $\mathbb{M}^2(\mathbf{P})$  lorsque  $\epsilon \downarrow 0$  vers  $M_t$ .

- Pour tout processus de Lévy  $\sum_{s \leq t} |\Delta X_s|^2 < \infty$  presque sûrement, mais  $\sum_{s \leq t} |\Delta X_s|$  peut être infini.
- Le triplet de Lévy  $(b, \sigma^2, \nu)$  caractérise complètement la loi du processus.
- Les mesures aléatoires de Poisson satisfont  $N(A) \sim \text{Pois}(\nu \otimes \lambda(A))$  pour  $A \in \mathcal{B}(\mathbb{R}_+ \times \mathbb{R} \setminus \{0\})$ .
- Les processus stables  $\alpha$  satisfont la propriété de mise à l'échelle  $X_t \sim t^{1/\alpha} X_1$  pour  $\alpha \in (0, 2]$ .



### 3.1.4 Mouvement Brownien

Le mouvement brownien décrit le mouvement aléatoire des particules dans un fluide, observé pour la première fois par Robert Brown en 1827. Mathématiquement, un mouvement brownien standard  $\{B_t\}_{t \geq 0}$  est un processus stochastique à incrément indépendants et à trajectoires continues presque sûrement. Ce processus fondamental apparaît dans toute l'analyse stochastique et les mathématiques appliquées.

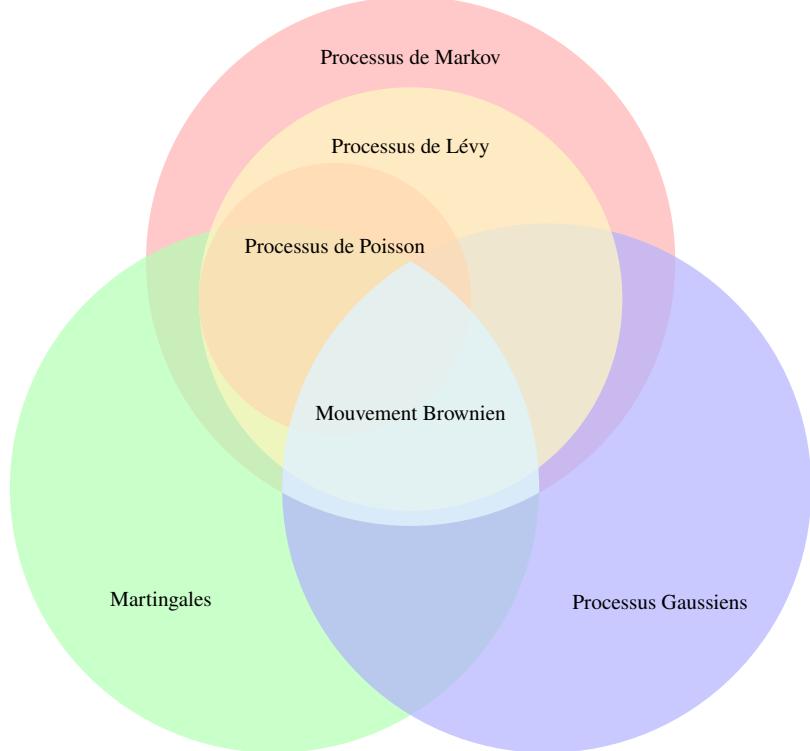
**Définition 3.1.65** (Mouvement brownien standard à une dimension). *Soit  $(\Omega, \mathcal{F}, \mathbf{P})$  un espace de probabilité avec une filtration  $\{\mathcal{F}_t\}_{t \geq 0}$ . Un mouvement brownien standard à une dimension est un processus stochastique à valeurs réelles  $\{B_t\}_{t \geq 0}$  satisfaisant les propriétés suivantes :*

- $B_0 = 0$  presque sûrement,
- $B_t$  a des trajectoires continues presque sûrement,
- Pour  $0 \leq s < t$ , l'incrément  $B_t - B_s$  est distribué normalement avec une moyenne de 0 et une variance de  $t - s$ , c'est-à-dire,  $B_t - B_s \sim \mathcal{N}(0, t - s)$ ,
- Pour tout  $s < t$ , l'incrément  $B_t - B_s$  est indépendant de  $\mathcal{F}_s$ .

**Remarque 3.1.66.** La définition s'étend naturellement aux intervalles de temps finis  $[0, T]$  pour tout  $T > 0$  en restreignant le processus à  $t \in [0, T]$ .

**Proposition 3.1.67** (Propriétés des incrément du mouvement brownien). *Pour un mouvement brownien standard à une dimension  $\{B_t\}_{t \geq 0}$  et tout  $0 \leq t_0 < t_1 < \dots < t_k$ , les propriétés suivantes sont valables :*

- Les incrément  $B_{t_i} - B_{t_{i-1}}$  pour  $i = 1, \dots, k$  sont indépendants (propriété des incrément indépendants),



**FIGURE 3.2.** Diagramme montrant les relations hiérarchiques entre différentes classes de processus stochastiques. Le diagramme de Venn illustre comment le mouvement brownien se situe à l'intersection des processus de Markov, des martingales et des processus gaussiens, tout en étant un cas particulier des processus de Lévy. Les processus de Poisson sont montrés comme un sous-ensemble des processus de Lévy et de Markov.

- Chaque incrément  $B_{t_i} - B_{t_{i-1}}$  suit une distribution normale avec une moyenne de 0 et une variance de  $t_i - t_{i-1}$ , c'est-à-dire,  $B_{t_i} - B_{t_{i-1}} \sim \mathcal{N}(0, t_i - t_{i-1})$  (propriété des incréments stationnaires).

**Définition 3.1.68** (Filtration naturelle). La **filtration naturelle** de  $\{B_t\}$  est  $\mathcal{F}_t^B = \sigma(B_s | 0 \leq s \leq t)$ .

**Lemme 3.1.69** (Extension de la filtration). Si  $\{\mathcal{F}_t\}$  satisfait  $\mathcal{F}_t^B \subset \mathcal{F}_t$  et  $B_t - B_s \perp\!\!\!\perp \mathcal{F}_s$  pour  $s < t$ , alors  $\{B_t\}$  reste un mouvement brownien par rapport à  $\{\mathcal{F}_t\}$ .

**Théorème 3.1.70** (Complétion de l'espace). La complétion  $(\Omega, \overline{\mathcal{F}}, \mathbf{P})$  préserve les propriétés du mouvement brownien, où

$$\overline{\mathcal{F}}_t = \sigma(\mathcal{F}_t^B \cup \mathcal{N}), \quad \mathcal{N} = \{A \in \overline{\mathcal{F}} ; \mathbf{P}(A) = 0\}.$$

**Définition 3.1.71** (Filtration augmentée). *La filtration augmentée  $\{\bar{\mathcal{F}}_t\}$  satisfait les propriétés suivantes :*

- *Les conditions usuelles (continue à droite, complète).*
- *$\{B_t\}$  reste brownien par rapport à  $\{\bar{\mathcal{F}}_t\}$ .*

**Remarque 3.1.72.** *Sauf indication contraire, nous travaillons avec des espaces de probabilité complets et des filtrations satisfaisant les conditions usuelles.*

**Proposition 3.1.73** (Propriétés fondamentales). *Pour un mouvement brownien à 1 dimension  $\{B_t\}$*

- *$\{-B_t\}$  est un mouvement brownien (propriété de symétrie),*
- *$X_t = c^{-1/2}B_{ct}$  est brownien pour  $c > 0$  (propriété de mise à l'échelle),*
- *$\{B_t\}$  est une martingale carré-intégrable avec  $\langle B \rangle_t = t$ ,*
- *Loi forte  $\lim_{t \rightarrow \infty} \frac{B_t}{t} = 0$  presque sûrement,*
- *Les trajectoires sont partout non dérивables presque sûrement,*
- *Régularité des trajectoires*
  - *Continue de Hölder pour  $\delta \in (0, 1/2)$ ,*
  - *N'est pas de Hölder pour  $\delta > 1/2$ .*

**Théorème 3.1.74** (Loi du logarithme itéré). *Presque sûrement, les limites suivantes sont vérifiées :*

$$\begin{array}{ll} \bullet \limsup_{t \downarrow 0} \frac{B_t}{\sqrt{2t \log \log(1/t)}} = 1 & \bullet \limsup_{t \rightarrow \infty} \frac{B_t}{\sqrt{2t \log \log t}} = 1 \\ \bullet \liminf_{t \downarrow 0} \frac{B_t}{\sqrt{2t \log \log(1/t)}} = -1 & \bullet \liminf_{t \rightarrow \infty} \frac{B_t}{\sqrt{2t \log \log t}} = -1 \end{array}$$

**Corollaire 3.1.75** (Bornes des trajectoires). *Pour tout  $\varepsilon > 0$ , il existe une variable aléatoire  $\rho_\varepsilon > 0$  telle que, presque sûrement,*

$$-(1 + \varepsilon) \sqrt{2t \log \log t} \leq B_t \leq (1 + \varepsilon) \sqrt{2t \log \log t}, \quad \forall t \geq \rho_\varepsilon.$$

*De plus, pour tout  $0 < \varepsilon < 1$ , presque chaque trajectoire dépasse les bornes*

$$-(1 - \varepsilon) \sqrt{2t \log \log t} \quad \text{et} \quad (1 - \varepsilon) \sqrt{2t \log \log t}$$

*infiniment souvent lorsque  $t \rightarrow \infty$ .*

**Définition 3.1.76** ( $d$ -Mouvement brownien). *On dit qu'un processus stochastique  $B_t = (B_t^1, \dots, B_t^d)_{t \geq 0}$  est un mouvement brownien  $d$ -dimensionnel si*

- *Chaque composant  $\{B_t^i\}_{t \geq 0}$  est un mouvement brownien standard à une dimension,*
- *Les composants  $\{B_t^1\}, \dots, \{B_t^d\}$  sont mutuellement indépendants.*

**Théorème 3.1.77** (Comportement asymptotique). *Pour un mouvement brownien  $d$ -dimensionnel  $B_t$ , il existe :*

$$\limsup_{t \rightarrow \infty} \frac{\|B_t\|}{\sqrt{2t \log \log t}} = 1 \quad \text{presque sûrement,}$$

où  $\|\cdot\|$  désigne la norme euclidienne.

**Remarque 3.1.78.** Ce résultat montre que les composants ne peuvent pas atteindre simultanément leur taux de croissance maximal, car cela donnerait  $\sqrt{d}$  au lieu de 1 dans la limite.

**Proposition 3.1.79** (Propriétés de martingale du mouvement brownien). *Un mouvement brownien  $d$ -dimensionnel  $B_t = (B_t^1, \dots, B_t^d)_{t \geq 0}$  est une martingale continue avec variation quadratique donnée par*

$$\langle B^i, B^j \rangle_t = \delta_{ij}t \quad \text{pour } 1 \leq i, j \leq d,$$

où  $\delta_{ij}$  est le delta de Kronecker, défini comme

$$\delta_{ij} = \begin{cases} 1 & \text{si } i = j, \\ 0 & \text{sinon.} \end{cases}$$

**Théorème 3.1.80** (Théorème de caractérisation de Lévy). *Soit  $M_t = (M_t^1, \dots, M_t^d)_{t \geq 0}$  un mouvement local continu de dimension  $d$  avec  $M_0 = \mathbf{0}$  presque sûrement. Si la variation quadratique satisfait*

$$\langle M^i, M^j \rangle_t = \delta_{ij}t \quad \text{pour } 1 \leq i, j \leq d,$$

alors  $M_t$  est un mouvement brownien de dimension  $d$ .

**Théorème 3.1.81** (Changement de temps pour les martingales). *Soit  $M = \{M_t\}_{t \geq 0}$  un mouvement local continu à valeurs réelles avec  $M_0 = 0$  et  $\lim_{t \rightarrow \infty} \langle M \rangle_t = \infty$  presque sûrement. Définissons le temps d'arrêt*

$$\tau_t = \inf\{s > 0 : \langle M \rangle_s > t\}.$$

Alors le processus changé dans le temps  $\{M_{\tau_t}\}_{t \geq 0}$  est un mouvement brownien standard à une dimension.

## 3.2 Intégrale stochastique

### 3.2.1 Préliminaires et définitions

L'intégrale stochastique par rapport au mouvement brownien ne peut pas être définie de manière pathwise, car les trajectoires de Brownien sont presque sûrement non différentiables. Kiyoshi Itô a d'abord défini rigoureusement cette intégrale en 1949, établissant ce que l'on connaît aujourd'hui sous le nom d'intégrale stochastique d'Itô. Nous développons cette théorie de manière systématique ci-dessous. Soit  $(\Omega, \mathcal{F}, \mathbf{P})$  un espace de probabilité complet avec une filtration  $\{\mathcal{F}_t\}_{t \geq 0}$  satisfaisant les conditions usuelles, et soit  $\{B_t\}_{t \geq 0}$  un mouvement brownien à une dimension, adapté à  $\{\mathcal{F}_t\}$ .

**Définition 3.2.1** (Espace des processus intégrables). *Pour  $0 \leq a < b < \infty$ , on définit  $\mathbb{M}^2([a, b], \mathbb{R})$  comme l'espace de tous les processus mesurables à valeurs réelles, adaptés à  $\{\mathcal{F}_t\}$ ,  $f = \{f(t)\}_{a \leq t \leq b}$ , satisfaisant*

$$\|f\|_{a,b}^2 = \mathbb{E} \left( \int_a^b |f(t)|^2 dt \right) < \infty. \quad (3.5)$$

On identifie les processus  $f$  et  $\tilde{f}$  dans  $\mathbb{M}^2([a, b], \mathbb{R})$  lorsque  $\|f - \tilde{f}\|_{a,b}^2 = 0$ , écrivant  $f \equiv \tilde{f}$ .

**Remarque 3.2.2.** L'espace  $(\mathbb{M}^2([a, b], \mathbb{R}), \|\cdot\|_{a,b})$  est complet. Tout processus  $f \in \mathbb{M}^2([a, b], \mathbb{R})$  possède une modification prévisible  $\widehat{f}$  telle que  $f \equiv \widehat{f}$ , donnée par

$$\widehat{f}(t) = \limsup_{h \downarrow 0} \frac{1}{h} \int_{t-h}^t \widehat{f}(s) ds,$$

où  $\widehat{f}$  est une modification progressivement mesurable.

**Définition 3.2.3** (Processus simples). *Un processus  $g = \{g(t)\}_{a \leq t \leq b}$  est simple si existe une partition  $a = t_0 < t_1 < \dots < t_k = b$  et des variables aléatoires bornées mesurables  $\mathcal{F}_{t_i}$ ,  $\xi_i$  ( $0 \leq i \leq k-1$ ), telles que*

$$g(t) = \xi_0 \mathbb{1}_{[t_0, t_1]}(t) + \sum_{i=1}^{k-1} \xi_i \mathbb{1}_{(t_i, t_{i+1}]}(t). \quad (3.6)$$

On note  $\mathbb{M}_0([a, b], \mathbb{R})$  l'espace de tous les processus simples.

**Définition 3.2.4** (Intégrale d'Itô pour les processus simples). *Pour  $g \in \mathbb{M}_0([a, b], \mathbb{R})$  donnée par (3.6), on définit son intégrale d'Itô comme*

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

**Lemme 3.2.5** (Propriétés de l'intégrale d'Itô). *Pour tout  $g \in \mathbb{M}_0([a, b], \mathbb{R})$ , on a*

$$\mathbb{E}\left(\int_a^b g(t) dB_t\right) = 0 \quad \text{et} \quad \mathbb{E}\left(\left|\int_a^b g(t) dB_t\right|^2\right) = \mathbb{E}\left(\int_a^b |g(t)|^2 dt\right). \quad (3.7)$$

**Lemme 3.2.6** (Linéarité de l'intégrale d'Itô). *Pour tout  $g_1, g_2 \in \mathbb{M}_0([a, b], \mathbb{R})$  et des constantes réelles  $c_1, c_2$  :*

- $c_1 g_1 + c_2 g_2 \in \mathbb{M}_0([a, b], \mathbb{R})$ .
- L'intégrale satisfait

$$\int_a^b [c_1 g_1(t) + c_2 g_2(t)] dB_t = c_1 \int_a^b g_1(t) dB_t + c_2 \int_a^b g_2(t) dB_t.$$

**Lemme 3.2.7** (Densité des processus simples). *Pour tout  $f \in \mathbb{M}^2([a, b], \mathbb{R})$ , il existe une suite  $\{g_n\}_{n \geq 1}$  dans  $\mathbb{M}_0([a, b], \mathbb{R})$  telle que*

$$\lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{E}\left(\int_a^b |f(t) - g_n(t)|^2 dt\right) = 0.$$

En utilisant le lemme 3.2.7, pour tout  $f \in \mathbb{M}^2([a, b], \mathbb{R})$ , nous pouvons construire l'intégrale d'Itô par approximation. Soit  $\{g_n\}$  une suite de processus simples approximant  $f$  dans le sens où

$$\lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{E}\left(\int_a^b |f(t) - g_n(t)|^2 dt\right) = 0.$$

Par l'isométrie d'Itô (Lemme 3.2.5), la suite  $\left\{\int_a^b g_n(t) dB_t\right\}$  est de Cauchy dans  $\mathbf{L}^2(\Omega, \mathbb{R})$  car

$$\begin{aligned} \mathbb{E}\left(\left|\int_a^b g_n(t) dB_t - \int_a^b g_m(t) dB_t\right|^2\right) &= \mathbb{E}\left(\int_a^b |g_n(t) - g_m(t)|^2 dt\right) \\ &\rightarrow 0 \quad \text{lorsque } n, m \rightarrow \infty. \end{aligned}$$

**Définition 3.2.8** (Intégrale d'Itô). *Pour  $f \in \mathbb{M}^2([a, b], \mathbb{R})$ , l'intégrale d'Itô est définie par*

$$\int_a^b f(t) dB_t = \mathbf{L}^2\text{-}\lim_{n \rightarrow \infty} \int_a^b g_n(t) dB_t,$$

où  $\{g_n\}$  est toute suite approchante de processus simples.

**Théorème 3.2.9** (Propriétés de l'intégrale d'Itô). *Pour  $f, g \in \mathbb{M}^2([a, b], \mathbb{R})$  et  $\alpha, \beta \in \mathbb{R}$  :*

- $\int_a^b f(t)dB_t$  est mesurable par rapport à  $\mathcal{F}_b$ ,
- $\mathbb{E}\left(\int_a^b f(t)dB_t\right) = 0$ ,
- Isométrie d'Itô :  $\mathbb{E}\left(\left|\int_a^b f(t)dB_t\right|^2\right) = \mathbb{E}\left(\int_a^b |f(t)|^2 dt\right)$ ,
- Linéarité :  $\int_a^b [\alpha f(t) + \beta g(t)]dB_t = \alpha \int_a^b f(t)dB_t + \beta \int_a^b g(t)dB_t$ .

**Théorème 3.2.10** (Propriétés conditionnelles). Pour  $f \in \mathbb{M}^2([a, b], \mathbb{R})$  :

$$\begin{aligned}\mathbb{E}\left(\int_a^b f(t)dB_t \middle| \mathcal{F}_a\right) &= 0, \\ \mathbb{E}\left(\left|\int_a^b f(t)dB_t\right|^2 \middle| \mathcal{F}_a\right) &= \mathbb{E}\left(\int_a^b |f(t)|^2 dt \middle| \mathcal{F}_a\right) \\ &= \int_a^b \mathbb{E}(|f(t)|^2 | \mathcal{F}_a) dt.\end{aligned}$$

**Lemme 3.2.11** (Multiplication par une variable aléatoire mesurable de  $\mathcal{F}_a$ ). Pour  $f \in \mathbb{M}^2([a, b], \mathbb{R})$  et  $\xi$  mesurable et bornée par rapport à  $\mathcal{F}_a$  :

$$\int_a^b \xi f(t)dB_t = \xi \int_a^b f(t)dB_t.$$

**Proposition 3.2.12** (Propriété additive). Soit  $T > 0$  et  $f \in \mathbb{M}^2([0, T], \mathbb{R})$ . Pour tout  $0 \leq a < b \leq T$ , la restriction  $\{f(t)\}_{a \leq t \leq b}$  appartient à  $\mathbb{M}^2([a, b], \mathbb{R})$ , ce qui rend  $\int_a^b f(t)dB_t$  bien défini. L'intégrale satisfait

$$\int_a^b f(t)dB_t + \int_b^c f(t)dB_t = \int_a^c f(t)dB_t \quad \text{pour } 0 \leq a < b < c \leq T.$$

**Définition 3.2.13** (Intégrale d'Itô indéfinie). Pour  $f \in \mathbb{M}^2([0, T], \mathbb{R})$ , l'intégrale d'Itô indéfinie est le processus

$$I(t) = \int_0^t f(s)dB_s \quad \text{pour } 0 \leq t \leq T,$$

avec  $I(0) = 0$  par convention.

**Théorème 3.2.14** (Propriété de martingale). Pour  $f \in \mathbb{M}^2([0, T], \mathbb{R})$ , l'intégrale indéfinie  $\{I(t)\}$  est :

- Une martingale  $\{\mathcal{F}_t\}$ -adaptée et à intégrale quadratique,

- Elle satisfait l'inégalité maximale :

$$\mathbb{E} \left[ \sup_{0 \leq t \leq T} \left| \int_0^t f(s) dB_s \right|^2 \right] \leq 4 \mathbb{E} \left( \int_0^T |f(s)|^2 ds \right).$$

**Théorème 3.2.15** (Continuité). Pour  $f \in \mathbb{M}^2([0, T], \mathbb{R})$ , l'intégrale indéfinie  $\{I(t)\}$  a une version continue.

**Théorème 3.2.16** (Variation quadratique). Pour  $f \in \mathbb{M}^2([0, T], \mathbb{R})$ , l'intégrale indéfinie  $I(t)$  a une variation quadratique

$$\langle I \rangle_t = \int_0^t |f(s)|^2 ds \quad \text{pour } 0 \leq t \leq T.$$

Pour les applications aux temps d'arrêt, il est à noter que le processus indicateur  $\mathbb{1}_{[[0, \tau]]}(t)$  est  $\{\mathcal{F}_t\}$ -adapté, borné, à droite continu, et prévisible car

$$\{\omega; \mathbb{1}_{[[0, \tau]]}(t, \omega) \leq r\} \in \mathcal{F}_t \quad \text{pour tout } r \in \mathbb{R}.$$

**Définition 3.2.17** (Intégrale d'Itô arrêtée). Pour  $f \in \mathbb{M}^2([0, T], \mathbb{R})$  et un temps d'arrêt  $\tau \leq T$ ,

$$\int_0^\tau f(s) dB_s = \int_0^T \mathbb{1}_{[[0, \tau]]}(s) f(s) dB_s.$$

Pour les temps d'arrêt  $\rho \leq \tau \leq T$ ,

$$\int_\rho^\tau f(s) dB_s = \int_0^\tau f(s) dB_s - \int_0^\rho f(s) dB_s = \int_0^T \mathbb{1}_{(\rho, \tau]}(s) f(s) dB_s.$$

**Théorème 3.2.18** (Propriétés de l'intégrale arrêtée). Pour  $f \in \mathbb{M}^2([0, T], \mathbb{R})$  et  $\rho \leq \tau \leq T$ ,

$$\begin{aligned} \mathbb{E} \left( \int_\rho^\tau f(s) dB_s \right) &= 0, \\ \mathbb{E} \left( \left| \int_\rho^\tau f(s) dB_s \right|^2 \right) &= \mathbb{E} \left( \int_\rho^\tau |f(s)|^2 ds \right). \end{aligned}$$

**Théorème 3.2.19** (Propriétés conditionnelles). Pour  $f \in \mathbb{M}^2([0, T], \mathbb{R})$  et  $\rho \leq \tau \leq T$ ,

$$\begin{aligned}\mathbb{E}\left(\int_{\rho}^{\tau} f(s) dB_s \middle| \mathcal{F}_{\rho}\right) &= 0, \\ \mathbb{E}\left(\left|\int_{\rho}^{\tau} f(s) dB_s\right|^2 \middle| \mathcal{F}_{\rho}\right) &= \mathbb{E}\left(\int_{\rho}^{\tau} |f(s)|^2 ds \middle| \mathcal{F}_{\rho}\right).\end{aligned}$$

**Lemme 3.2.20** (Représentation de l'intégrale arrêtée). Pour  $f \in \mathbb{M}^2([0, T], \mathbb{R})$  et un temps d'arrêt  $\tau \leq T$ ,

$$\int_0^{\tau} f(s) dB_s = I(\tau),$$

où  $I(t)$  est l'intégrale indéfinie de la Définition 3.2.13.

**Corollaire 3.2.21** (Propriété de covariance). Pour  $f, g \in \mathbb{M}^2([0, T], \mathbb{R})$  et  $\rho \leq \tau \leq T$ ,

$$\mathbb{E}\left(\left(\int_{\rho}^{\tau} f(s) dB_s\right)\left(\int_{\rho}^{\tau} g(s) dB_s\right) \middle| \mathcal{F}_{\rho}\right) = \mathbb{E}\left(\int_{\rho}^{\tau} f(s)g(s) ds \middle| \mathcal{F}_{\rho}\right).$$

### 3.2.2 Intégrale d'Itô multidimensionnelle

Soit  $B_t = (B_t^1, \dots, B_t^m)^{\top}$  un mouvement brownien de dimension  $m$ . Définissons

$$\mathbb{M}^2([0, T], \mathbb{R}^{d \times m})$$

comme l'espace des processus à valeurs matricielles  $d \times m$  noté  $f = (f_{ij})$  avec

$$\mathbb{E}\left(\int_0^T \|f(s)\|^2 ds\right) < \infty, \quad \|f\| = \sqrt{\text{trace}(f^{\top} f)}.$$

**Définition 3.2.22** (Intégrale d'Itô multidimensionnelle). Pour  $f \in \mathbb{M}^2([0, T], \mathbb{R}^{d \times m})$ , l'intégrale est le processus à valeurs dans  $\mathbb{R}^d$

$$\int_0^t f(s) dB_s = \left( \sum_{j=1}^m \int_0^t f_{1j}(s) dB_s^j, \dots, \sum_{j=1}^m \int_0^t f_{dj}(s) dB_s^j \right)^{\top}.$$

**Théorème 3.2.23** (Propriétés multidimensionnelles). Pour  $f \in \mathbb{M}^2([0, T], \mathbb{R}^{d \times m})$  et

$\rho \leq \tau \leq T$ ,

$$\begin{aligned}\mathbb{E}\left(\int_{\rho}^{\tau} f(s) dB_s \middle| \mathcal{F}_{\rho}\right) &= 0, \\ \mathbb{E}\left(\left\|\int_{\rho}^{\tau} f(s) dB_s\right\|^2 \middle| \mathcal{F}_{\rho}\right) &= \mathbb{E}\left(\int_{\rho}^{\tau} \|f(s)\|^2 ds \middle| \mathcal{F}_{\rho}\right).\end{aligned}$$

Les affirmations suivent de la définition de l'intégrale d'Itô multidimensionnelle, du Théorème 3.2.19 et du lemme suivant.

**Lemme 3.2.24** (Orthogonalité des intégrales de Brownien indépendantes). *Pour deux mouvements browniens indépendants  $\{B_t^1\}$  et  $\{B_t^2\}$ , et  $f, g \in \mathbb{M}^2([0, T], \mathbb{R})$  avec des temps d'arrêt  $\rho \leq \tau \leq T$ ,*

$$\mathbb{E}\left(\int_{\rho}^{\tau} f(s) dB_s^1 \int_{\rho}^{\tau} g(s) dB_s^2 \middle| \mathcal{F}_{\rho}\right) = 0.$$

### 3.2.3 Extension aux intégrandes locaux

Soit  $\mathbb{M}_{loc}^2(\mathbb{R}_+, \mathbb{R}^{d \times m})$  l'espace de tous les processus  $\{\mathcal{F}_t\}$ -adaptés à valeurs matricielles  $d \times m$  satisfaisant

$$\int_0^T \|f(t)\|^2 dt < \infty \quad \text{presque sûrement pour tout } T > 0,$$

où  $\|f(t)\| = \sqrt{\text{trace}(f(t)^\top f(t))}$ .

**Définition 3.2.25** (Intégrale d'Itô locale). *Pour  $f \in \mathbb{M}_{loc}^2(\mathbb{R}_+, \mathbb{R}^{d \times m})$ , définissons les temps d'arrêt*

$$\tau_n = n \wedge \inf \left\{ t \geq 0 ; \int_0^t \|f(s)\|^2 ds \geq n \right\}.$$

*Alors l'intégrale d'Itô locale est le processus continu à valeurs dans  $\mathbb{R}^d$*

$$I(t) = \lim_{n \rightarrow \infty} \int_0^{t \wedge \tau_n} f(s) dB_s,$$

*qui satisfait  $I(t \wedge \tau_n) = \int_0^{t \wedge \tau_n} f(s) dB_s$  pour chaque  $n$ .*

**Remarque 3.2.26.** *L'intégrale d'Itô locale est*

- Une martingale locale continue.
- Indépendante du choix de la séquence de localisation  $\{\tau_n\}$ .
- Elle coïncide avec l'intégrale d'Itô standard lorsque  $f \in \mathbb{M}^2$ .

**Théorème 3.2.27** (Propriétés de l'intégrale d'Itô locale). Pour  $f \in \mathbb{M}_{loc}^2(\mathbb{R}_+, \mathbb{R}^{d \times m})$

- Le processus de variation quadratique est

$$\left\langle \int_0^\cdot f(s) dB_s \right\rangle_t = \int_0^t \|f(s)\|^2 ds.$$

- Pour les temps d'arrêt  $\rho \leq \tau$

$$\begin{aligned} \mathbb{E}\left(\int_\rho^\tau f(s) dB_s \middle| \mathcal{F}_\rho\right) &= 0 \\ \mathbb{E}\left(\left\|\int_\rho^\tau f(s) dB_s\right\|^2 \middle| \mathcal{F}_\rho\right) &= \mathbb{E}\left(\int_\rho^\tau \|f(s)\|^2 ds \middle| \mathcal{F}_\rho\right) \end{aligned}$$

### 3.2.4 Formule d'Itô

La formule d'Itô constitue le théorème fondamental du calcul stochastique, analogue à la règle de la chaîne dans le calcul différentiel classique. Alors que l'intégration de Lebesgue repose sur le théorème fondamental du calcul pour les calculs, l'intégration stochastique nécessite la formule d'Itô en raison de la nature non différentiable du mouvement brownien.

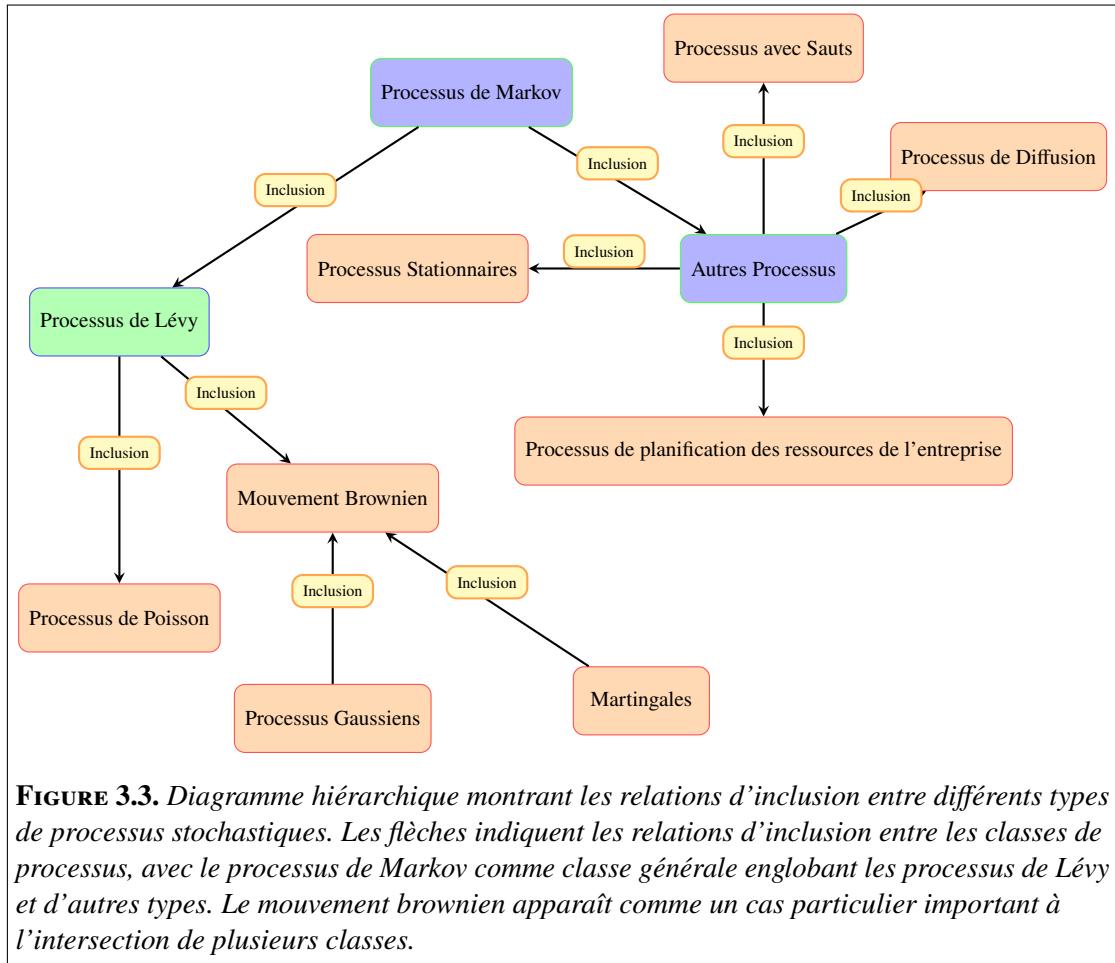
**Définition 3.2.28** (Processus d'Itô). Un processus d'Itô unidimensionnel est un processus stochastique continu et adapté  $\{x(t)\}_{t \geq 0}$  sous la forme

$$x(t) = x(0) + \int_0^t f(s) ds + \int_0^t g(s) dB_s,$$

où  $f \in \mathbf{L}^1(\mathbb{R}_+, \mathbb{R})$  (coefficient de dérive) et  $g \in \mathbf{L}^2(\mathbb{R}_+, \mathbb{R})$  (coefficient de diffusion). Nous exprimons ceci sous forme différentielle :

$$dx(t) = f(t) dt + g(t) dB_t.$$

**Définition 3.2.29** (Espace de fonctions). Soit  $\mathcal{C}^{2,1}(\mathbb{R}^d \times \mathbb{R}_+)$  l'espace des fonctions  $V(x, t)$  qui sont deux fois continûment dérивables en  $x \in \mathbb{R}^d$  et une fois continûment



**FIGURE 3.3.** Diagramme hiérarchique montrant les relations d'inclusion entre différents types de processus stochastiques. Les flèches indiquent les relations d'inclusion entre les classes de processus, avec le processus de Markov comme classe générale englobant les processus de Lévy et d'autres types. Le mouvement brownien apparaît comme un cas particulier important à l'intersection de plusieurs classes.

dérivables en  $t \in \mathbb{R}_+$ . Pour de telles fonctions, nous définissons

$$\begin{aligned} V_t &= \frac{\partial V}{\partial t}, \quad V_x = \left( \frac{\partial V}{\partial x_1}, \dots, \frac{\partial V}{\partial x_d} \right), \\ V_{xx} &= \left( \frac{\partial^2 V}{\partial x_i \partial x_j} \right)_{d \times d}. \end{aligned}$$

**Théorème 3.2.30** (Formule d'Itô unidimensionnelle). Soit  $x(t)$  un processus d'Itô avec

$dx(t) = f(t)dt + g(t)dB_t$ . Pour  $V \in \mathcal{C}^{2,1}(\mathbb{R} \times \mathbb{R}_+)$ ,

$$\begin{aligned} dV(x(t), t) &= \underbrace{\left[ V_t(x(t), t) + V_x(x(t), t)f(t) + \frac{1}{2}V_{xx}(x(t), t)g^2(t) \right] dt}_{\text{Terme dérivé temporel et diffusion}} \\ &\quad + \underbrace{V_x(x(t), t)g(t)dB_t}_{\text{Terme stochastique}} \quad p.s. \end{aligned}$$

**Définition 3.2.31** (Processus d'Itô multidimensionnel). *Un processus d'Itô d dimensionnel  $\{x(t)\}_{t \geq 0}$  dans  $\mathbb{R}^d$  a la forme*

$$x(t) = x(0) + \int_0^t f(s)ds + \int_0^t g(s)dB(s),$$

où  $f \in \mathbf{L}^1(\mathbb{R}_+, \mathbb{R}^d)$  et  $g \in \mathbf{L}^2(\mathbb{R}_+, \mathbb{R}^{d \times m})$ , avec la forme différentielle

$$dx(t) = f(t)dt + g(t)dB(t).$$

**Théorème 3.2.32** (Formule d'Itô multidimensionnelle). *Pour un processus d'Itô d dimensionnel  $x(t)$  et  $V \in \mathcal{C}^{2,1}(\mathbb{R}^d \times \mathbb{R}_+)$ ,*

$$\begin{aligned} dV(x(t), t) &= \underbrace{\left[ V_t(x(t), t) + V_x(x(t), t)f(t) + \frac{1}{2}\text{trace}\left(g^T(t)V_{xx}(x(t), t)g(t)\right) \right] dt}_{\text{Dérivée temporelle, dérive et termes de diffusion (forme multivariée)}} \\ &\quad + \underbrace{V_x(x(t), t)g(t)dB(t)}_{\text{Terme stochastique (mouvement brownien)}} \quad p.s. \end{aligned}$$

**Remarque 3.2.33** (Tableau de multiplication d'Itô). *Le calcul différentiel stochastique suit ces règles pour ( $i \neq j$ )*

$\times$	$dt$	$dB_i$	$dB_j$
$dt$	0	0	0
$dB_i$	0	$dt$	0
$dB_j$	0	0	$dt$

**TABLEAU 3.3.** Règles de multiplication pour les différentielles stochastiques

- Pour  $i = j$   $dB_i \cdot dB_i = dt$  (variation quadratique d'Itô).

- Pour  $i \neq j$   $dB_i \cdot dB_j = 0$  (mouvements browniens indépendants).
  - Tous les produits impliquant  $dt$  disparaissent  $dt^2 = 0$  et  $dt \cdot dB_i = 0$ .
- Cela conduit à la formule de la variation croisée

$$dx_i(t)dx_j(t) = \sum_{k=1}^m g_{ik}(t)g_{jk}(t)dt.$$

**Théorème 3.2.34** (Intégration stochastique par parties). Soit  $x(t)$  un processus d'Itô et  $y(t)$  un processus à variation finie. Alors, la formule suivante d'intégration stochastique par parties est valable :

$$d[x(t)y(t)] = y(t)dx(t) + x(t)dy(t).$$

Sous forme intégrale, nous avons

$$x(t)y(t) - x(0)y(0) = \int_0^t y(s)dx(s) + \int_0^t x(s)dy(s),$$

où la seconde intégrale est entendue dans le sens de Lebesgue-Stieltjes.

### 3.2.5 Inégalités de moments

Cette section établit les inégalités fondamentales de moments pour les intégrales stochastiques en utilisant la formule d'Itô, démontrant ainsi ses applications puissantes. Soit  $\{B(t)\}_{t \geq 0} = (B_1(t), \dots, B_m(t))^\top$  un mouvement brownien de dimension  $m$  défini sur un espace de probabilité complet  $(\Omega, \mathcal{F}, \mathbf{P})$  avec une filtration  $\{\mathcal{F}_t\}_{t \geq 0}$ .

**Théorème 3.2.35** (Inégalité de moments). Pour  $p \geq 2$  et  $g \in \mathbb{M}^2([0, T], \mathbb{R}^{d \times m})$  satisfaisant

$$\mathbb{E}\left(\int_0^T \|g(s)\|^p ds\right) < \infty,$$

l'inégalité suivante est vérifiée

$$\mathbb{E}\left(\left\|\int_0^T g(s)dB(s)\right\|^p\right) \leq \left(\frac{p(p-1)}{2}\right)^{\frac{p}{2}} T^{\frac{p-2}{2}} \mathbb{E}\left(\int_0^T \|g(s)\|^p ds\right). \quad (3.8)$$

L'égalité est atteinte lorsque  $p = 2$ .

**Proposition 3.2.36** (Inégalité maximale de moments). Sous les mêmes conditions que

Processus	Dynamiques	Formule d'Itô
Cas général avec sauts	$dX_t = \mu_t dt + \sigma_t dB_t + dJ_t$ $J_t$ processus de saut	$df(t, X_t) = \left( \partial_t f + \mu_t \partial_x f + \frac{1}{2} \sigma_t^2 \partial_{xx} f \right) dt + \sigma_t \partial_x f dB_t + [f(t, X_t) - f(t, X_{t^-})] dN_t + \int_{\mathbb{R}} [f(t, X_{t^-} + z) - f(t, X_{t^-}) - z \partial_x f] \tilde{N}(dt, dz)$
Diffusion d'Itô	$dX_t = \mu(t, X_t) dt + \sigma(t, X_t) dB_t$	$df = \left( \partial_t f + \mu \partial_x f + \frac{1}{2} \sigma^2 \partial_{xx} f \right) dt + \sigma \partial_x f dB_t$
Mouvement brownien	$dX_t = dB_t$	$df = \partial_t f dt + \partial_x f dB_t + \frac{1}{2} \partial_{xx} f dt$
GBM (Mouvement Brownien Géométrique)	$dS_t = \mu S_t dt + \sigma S_t dB_t$	$df = \left( \partial_t f + \mu S \partial_S f + \frac{1}{2} \sigma^2 S^2 \partial_{SS} f \right) dt + \sigma S \partial_S f dB_t$
Processus de Poisson	$dN_t$ sauts de taille 1 $\lambda$ intensité	$df(t, N_t) = \partial_t f dt + [f(t, N_{t^-} + 1) - f(t, N_{t^-})] dN_t$
Processus de Lévy	$dL_t = \gamma dt + \sigma dB_t + \int_{ z <1} z \tilde{N}(dt, dz) + \int_{ z \geq 1} z N(dt, dz)$	$df(t, L_t) = \left( \partial_t f + \gamma \partial_x f + \frac{1}{2} \sigma^2 \partial_{xx} f \right) dt + \sigma \partial_x f dB_t + \int_{\mathbb{R}} [f(t, L_{t^-} + z) - f(t, L_{t^-}) - z \mathbb{1}_{ z <1} \partial_x f] N(dt, dz)$

- $\nu(dz, dt)$  est la mesure compensée des sauts .
- Le mouvement brownien est un cas particulier d'une diffusion d'Itô avec  $\mu = 0$  et  $\sigma = 1$ .
- La GBM (Geometric Brownian Motion) est largement utilisée en finance pour la modélisation des prix d'actifs.
- $N_t$  est un processus de comptage pur sans composante continue .
- $\tilde{N}(dt, dz) = N(dt, dz) - \nu(dz)dt$  est la mesure compensée de Poisson .
- Notations :

$$\partial_t f \equiv \frac{\partial f}{\partial t}, \quad \partial_x f \equiv \frac{\partial f}{\partial x}, \quad \partial_{xx} f \equiv \frac{\partial^2 f}{\partial x^2}, \quad \partial_S f \equiv \frac{\partial f}{\partial S}, \quad \partial_{SS} f \equiv \frac{\partial^2 f}{\partial S^2}.$$

TABLEAU 3.4. Formules d'Itô pour différents processus stochastiques (cas continu et avec sauts)

dans le théorème 3.2.35, on a

$$\mathbb{E} \left( \sup_{0 \leq t \leq T} \left\| \int_0^t g(s) dB(s) \right\|^p \right) \leq \left( \frac{p^3}{2(p-1)} \right)^{p/2} T^{\frac{p-2}{2}} \mathbb{E} \left( \int_0^T \|g(s)\|^p ds \right).$$

**Théorème 3.2.37** (Inégalité de Burkholder-Davis-Gundy). Soit  $g \in L^2(\mathbb{R}_+, \mathbb{R}^{d \times m})$ , et définissons

$$x(t) = \int_0^t g(s) dB(s) \quad \text{et} \quad A(t) = \int_0^t \|g(s)\|^2 ds.$$

Pour tout  $p > 0$ , il existe des constantes  $c_p, C_p > 0$  (dépendant seulement de  $p$ ) telles que

$$c_p \mathbb{E}(|A(t)|^{p/2}) \leq \mathbb{E} \left( \sup_{0 \leq s \leq t} \|x(s)\|^p \right) \leq C_p \mathbb{E}(|A(t)|^{p/2}).$$

Les constantes peuvent être spécifiées comme suit

$$\begin{aligned} 0 < p < 2 & \quad c_p = (p/2)^p, \quad C_p = (32/p)^{p/2}, \\ p = 2 & \quad c_p = 1, \quad C_p = 4, \\ p > 2 & \quad c_p = (2p)^{-p/2}, \quad C_p = \left( \frac{p^{p+1}}{2(p-1)^{p-1}} \right)^{p/2}. \end{aligned}$$

**Théorème 3.2.38** (Inégalité martingale exponentielle). Soit  $g \in L^2(\mathbb{R}_+, \mathbb{R}^{1 \times m})$  et les constantes positives  $T, \alpha, \beta$ . Alors, on a

$$\mathbf{P} \left( \sup_{0 \leq t \leq T} \left[ \int_0^t g(s) dB(s) - \frac{\alpha}{2} \int_0^t \|g(s)\|^2 ds \right] > \beta \right) \leq e^{-\alpha\beta}.$$

### 3.2.6 Inégalités de type Gronwall

Les inégalités intégrales de type Gronwall ont été largement appliquées dans la théorie des équations différentielles ordinaires et des équations différentielles stochastiques pour prouver des résultats sur l'existence, l'unicité, la bornitude, la comparaison, la dépendance continue, la perturbation, et la stabilité, entre autres. Naturellement, les inégalités de Gronwall joueront un rôle important dans ce travail. Pour la commodité du lecteur, nous présentons plusieurs inégalités bien connues de ce type dans cette sous-section.

**Théorème 3.2.39** (Inégalité classique de Gronwall). Soit  $T > 0$  et  $c \geq 0$ . Soit  $u(\cdot)$  une fonction mesurable de Borel, bornée, et non négative sur  $[0, T]$ , et soit  $v(\cdot)$  une fonction

intégrable et non négative sur  $[0, T]$ . Si

$$u(t) \leq c + \int_0^t v(s)u(s) ds \quad \text{pour tout } 0 \leq t \leq T,$$

alors

$$u(t) \leq c \exp\left(\int_0^t v(s) ds\right) \quad \text{pour tout } 0 \leq t \leq T.$$

**Théorème 3.2.40** (Inégalité de Bihari). Soit  $T > 0$  et  $c > 0$ . Soit  $K : \mathbb{R}_+ \rightarrow \mathbb{R}_+$  une fonction continue et non décroissante telle que  $K(t) > 0$  pour tout  $t > 0$ . Soit  $u : [0, T] \rightarrow \mathbb{R}_+$  une fonction mesurable de Borel, bornée et non négative, et soit  $v : [0, T] \rightarrow \mathbb{R}_+$  une fonction intégrable et non négative. Si

$$u(t) \leq c + \int_0^t v(s)K(u(s)) ds \quad \text{pour tout } t \in [0, T],$$

alors

$$u(t) \leq G^{-1}\left(G(c) + \int_0^t v(s) ds\right),$$

pour tout  $t \in [0, T]$  tel que

$$G(c) + \int_0^t v(s) ds \in \text{Dom}(G^{-1}).$$

Ici,  $G$  est défini par

$$G(r) = \int_1^r \frac{ds}{K(s)} \quad \text{pour } r > 0,$$

et  $G^{-1}$  désigne la fonction inverse de  $G$ . Le domaine de  $G^{-1}$ ,  $\text{Dom}(G^{-1})$ , est l'ensemble image de  $G$ .

**Théorème 3.2.41** (Inégalité de Gronwall non linéaire). Soit  $T > 0$ ,  $\alpha \in [0, 1)$ , et  $c > 0$ . Soit  $u(\cdot)$  une fonction mesurable de Borel, bornée et non négative sur  $[0, T]$ , et soit  $v(\cdot)$  une fonction intégrable et non négative sur  $[0, T]$ . Si

$$u(t) \leq c + \int_0^t v(s)[u(s)]^\alpha ds \quad \text{pour tout } 0 \leq t \leq T,$$

*alors*

$$u(t) \leq \left( c^{1-\alpha} + (1-\alpha) \int_0^t v(s) ds \right)^{\frac{1}{1-\alpha}},$$

*pour tout*  $t \in [0, T]$ .

## 3.3 Équations différentielles stochastiques

### 3.3.1 Introduction

Dans cette section, nous nous concentrons sur la recherche de solutions aux équations différentielles stochastiques. Plus précisément, nous étudions les solutions de l'équation différentielle stochastique non linéaire

$$dx(t) = f(x(t), t) dt + g(x(t), t) dB(t), \quad t \in [t_0, T], \quad (3.9)$$

avec la condition initiale  $x(t_0) = x_0$ , où  $0 \leq t_0 < T < \infty$ . Les questions clés auxquelles nous répondons sont les suivantes :

- Qu'est-ce qu'une solution ?
- Les théorèmes d'existence et d'unicité s'appliquent-ils à ces solutions ?
- Quelles propriétés la solution possède-t-elle ?
- Comment peut-on obtenir la solution en pratique ?

Nous explorons ces questions de manière systématique. De plus, comme application importante des équations différentielles stochastiques, nous dérivons la célèbre **formule de Feynman-Kac**, qui fournit une représentation stochastique de la solution d'une équation différentielle partielle parabolisée linéaire en termes de la solution à l'équation différentielle stochastique correspondante.

Soit  $(\Omega, \mathcal{F}, \mathbf{P})$  un espace de probabilité complet équipé d'une filtration  $\{\mathcal{F}_t\}_{t \geq 0}$  qui satisfait les conditions usuelles.

Tout au long de cette section, sauf mention contraire,  $B(t) = (B_1(t), \dots, B_m(t))^\top$  désigne un mouvement brownien de dimension  $m$  défini sur cet espace. Soit  $0 \leq t_0 < T < \infty$ , et soit  $x_0$  une variable aléatoire de  $\mathcal{F}_{t_0}$ -mesurable à valeurs dans  $\mathbb{R}^d$  telle que  $\mathbb{E}[|x_0|^2] < \infty$ . Considérons les fonctions mesurables de Borel  $f : \mathbb{R}^d \times [t_0, T] \rightarrow \mathbb{R}^d$  et  $g : \mathbb{R}^d \times [t_0, T] \rightarrow \mathbb{R}^{d \times m}$ .

Par la définition de l'intégrale stochastique, l'équation (3.9) est équivalente à l'équation intégrale stochastique

$$x(t) = x_0 + \int_{t_0}^t f(x(s), s) ds + \int_{t_0}^t g(x(s), s) dB(s), \quad t_0 \leq t \leq T. \quad (3.10)$$

**Définition 3.3.1.** Un processus stochastique à valeurs dans  $\mathbb{R}^d$ ,  $\{x(t)\}_{t_0 \leq t \leq T}$ , est appelé solution de l'équation (3.9) s'il satisfait les propriétés suivantes :

- $\{x(t)\}$  est continue et  $\mathcal{F}_t$ -adaptée,
- $\{f(x(t), t)\} \in L^1([t_0, T], \mathbb{R}^d)$  et  $\{g(x(t), t)\} \in L^2([t_0, T], \mathbb{R}^{d \times m})$ ,
- L'équation (3.10) est vérifiée pour chaque  $t \in [t_0, T]$  avec probabilité 1.

Une solution  $\{x(t)\}$  est dite unique si toute autre solution  $\{\bar{x}(t)\}$  est indiscernable de  $\{x(t)\}$ , c'est-à-dire,

$$\mathbf{P}\{x(t) = \bar{x}(t) \text{ pour tout } t_0 \leq t \leq T\} = 1.$$

**Remarque 3.3.2.** • On désigne la solution de (3.9) par  $x(t, t_0, x_0)$ . À partir de (3.10), pour tout  $s \in [t_0, T]$ ,

$$x(t) = x(s) + \int_s^t f(x(r), r) dr + \int_s^t g(x(r), r) dB(r), \quad s \leq t \leq T.$$

Cela décrit une équation différentielle stochastique définie sur l'intervalle  $[s, T]$ , avec sa solution représentée par  $x(t, s, x(s, t_0, x_0))$ . La condition initiale est donnée par  $x(s) = x(s, t_0, x_0)$ . Par conséquent, la solution de l'équation (3.9) possède la propriété de semigroupe :

$$x(t, t_0, x_0) = x(t, s, x(s, t_0, x_0)), \quad t_0 \leq s \leq t \leq T.$$

- Les coefficients  $f$  et  $g$  peuvent dépendre de  $\omega$  de manière générale, à condition qu'ils soient adaptés. Pour plus de détails, voir Gihman & Skorohod [97].
- Bien que nous demandions que la valeur initiale  $x_0$  soit dans  $L^2$ , il est généralement suffisant que  $x_0$  soit une variable aléatoire  $\mathcal{F}_{t_0}$ -mesurable. Pour plus de détails, se référer à Gihman & Skorohod [97].

### 3.3.2 Existence et unicité des solutions

**Théorème 3.3.3** (Existence et unicité). Supposons qu'il existe deux constantes positives  $\bar{K}$  et  $K$  telles que

- (Condition de Lipschitz) Pour tous  $x, y \in \mathbb{R}^d$  et  $t \in [t_0, T]$ ,

$$|f(x, t) - f(y, t)|^2 \vee |g(x, t) - g(y, t)|^2 \leq \bar{K}|x - y|^2; \quad (3.11)$$

- (Condition de croissance linéaire) Pour tous  $(x, t) \in \mathbb{R}^d \times [t_0, T]$ ,

$$|f(x, t)|^2 \vee |g(x, t)|^2 \leq K(1 + |x|^2). \quad (3.12)$$

Alors, il existe une solution unique  $x(t)$  à l'équation (3.9), et cette solution appartient à l'espace  $\mathbb{M}^2([t_0, T], \mathbb{R}^d)$ .

**Remarque 3.3.4.** Les conditions (3.11) et (3.12) sont naturelles au regard des deux exemples simples issus des équations différentielles déterministes (c'est-à-dire,  $g = 0$ )

- L'équation

$$\frac{dX_t}{dt} = X_t^2, \quad X_0 = 1 \quad (3.13)$$

correspondant à  $f(x) = x^2$  (qui ne satisfait pas (3.12)) a la solution (unique)

$$X_t = \frac{1}{1-t}; \quad 0 \leq t < 1.$$

Ainsi, il est impossible de trouver une solution globale (définie pour tout  $t$ ) dans ce cas. De manière plus générale, la condition (3.12) garantit que la solution  $X_t(\omega)$  de (3.9) ne "explose" pas, c'est-à-dire que  $|X_t(\omega)|$  ne tend pas vers  $\infty$  en un temps fini.

- L'équation

$$\frac{dX_t}{dt} = 3X_t^{2/3}; \quad X_0 = 0 \quad (3.14)$$

admet plusieurs solutions. En effet, pour tout  $a > 0$ , la fonction

$$X_t = \begin{cases} 0 & \text{pour } t \leq a \\ (t-a)^3 & \text{pour } t > a \end{cases}$$

résout (3.14). Dans ce cas,  $f(x) = 3x^{2/3}$  ne satisfait pas la condition de Lipschitz (3.11) en  $x = 0$ . Ainsi, la condition (3.11) garantit que l'équation (3.9) a une solution unique. Ici, l'unicité signifie que si  $X_1(t, \omega)$  et  $X_2(t, \omega)$  sont deux processus  $t$ -continus satisfaisant (3.9), (3.3.1), et (3.3.1), alors

$$X_1(t, \omega) = X_2(t, \omega) \quad \text{pour tout } t \leq T, \text{ p.s.}$$

**Lemme 3.3.5** (Majorant de la solution). Supposons que la condition de croissance linéaire (3.12) soit satisfaite. Si  $x(t)$  est une solution de l'équation (3.9), alors

$$\mathbb{E} \left( \sup_{t_0 \leq t \leq T} |x(t)|^2 \right) \leq (1 + 3\mathbb{E}(|x_0|^2)) e^{3K(T-t_0)(T-t_0+4)}.$$

En particulier,  $x(t)$  appartient à  $\mathbb{M}^2([t_0, T], \mathbb{R}^d)$ .

**Théorème 3.3.6** (Convergence des itérations de Picard). Soit les hypothèses du théorème 3.3.3 vérifiées. Soit  $x(t)$  la solution unique de (3.9), et soit  $x_n(t)$  les itérations de Picard.

Alors,

$$\mathbb{E} \left( \sup_{t_0 \leq t \leq T} |x_n(t) - x(t)|^2 \right) \leq \frac{8C[M(T-t_0)]^n}{n!} e^{8M(T-t_0)},$$

pour tout  $n \geq 1$ , où  $C$  et  $M$  sont les mêmes que définis dans la preuve du théorème 3.3.3, c'est-à-dire

$$C = 2K(T-t_0+1)(T-t_0)(1 + \mathbb{E}(|x_0|^2)) \quad \text{et} \quad M = 2K(T-t_0+1).$$

La condition de Lipschitz (3.11) implique que les coefficients  $f(x, t)$  et  $g(x, t)$  ne changent pas plus vite qu'une fonction linéaire de  $x$  lorsque  $x$  varie. Cela implique particulièrement la continuité de  $f(x, t)$  et  $g(x, t)$  en  $x$  pour tout  $t \in [t_0, T]$ . Ainsi, les fonctions discontinues par rapport à  $x$  sont exclues en tant que coefficients. De plus, des fonctions telles que  $\sin(x^2)$  ne satisfont pas la condition de Lipschitz. Ces observations indiquent que la condition de Lipschitz est restrictive. Le théorème suivant généralise le théorème 3.3.3 en remplaçant la condition de Lipschitz (uniforme) par une condition de Lipschitz locale.

**Théorème 3.3.7** (Existence et unicité sous la condition de Lipschitz locale). *Supposons que la condition de croissance linéaire (3.12) soit satisfaite, mais que la condition de Lipschitz (3.11) soit remplacée par la condition de Lipschitz locale suivante : Pour chaque entier  $n \geq 1$ , il existe une constante positive  $K_n$  telle que, pour tout  $t \in [t_0, T]$  et tout  $x, y \in \mathbb{R}^d$  avec  $|x| \vee |y| \leq n$ ,*

$$|f(x, t) - f(y, t)|^2 \vee |g(x, t) - g(y, t)|^2 \leq K_n |x - y|^2. \quad (3.15)$$

Alors, il existe une solution unique  $x(t)$  à l'équation (3.9) dans l'espace  $\mathbb{M}^2([t_0, T], \mathbb{R}^d)$ .

La condition de Lipschitz locale nous permet d'inclure de nombreuses fonctions comme coefficients  $f(x, t)$  et  $g(x, t)$ , telles que des fonctions avec des dérivées partielles continues d'ordre un par rapport à  $x$  dans  $\mathbb{R}^d \times [t_0, T]$ . Cependant, la condition de croissance linéaire exclut encore certaines fonctions importantes, telles que  $-|x|^2 x$ , en tant que coefficients. Le résultat suivant améliore cette situation.

**Théorème 3.3.8** (Existence et unicité sous la condition monotone). *Supposons que la condition de Lipschitz locale (3.15) soit satisfaite, mais que la condition de croissance linéaire (3.12) soit remplacée par la condition monotone suivante : Il existe une constante positive  $K$  telle que pour tout  $(x, t) \in \mathbb{R}^d \times [t_0, T]$ ,*

$$x^\top f(x, t) + \frac{1}{2} |g(x, t)|^2 \leq K(1 + |x|^2). \quad (3.16)$$

Alors, il existe une solution unique  $x(t)$  à l'équation (3.9) dans l'espace  $\mathbb{M}^2([t_0, T], \mathbb{R}^d)$ .

Ce théorème peut être prouvé de manière similaire au théorème 3.3.7. La condition de Lipschitz locale garantit que la solution existe sur  $[t_0, \tau_\infty]$ , où  $\tau_\infty = \lim_{n \rightarrow \infty} \tau_n$ , mais la condition monotone (au lieu de la condition de croissance linéaire) assure que  $\tau_\infty = T$ , ce qui signifie que la solution existe sur l'intervalle entier  $[t_0, T]$ . Nous laissons les détails au lecteur. Il est à noter que si la condition de croissance linéaire (3.12) est vérifiée, alors la condition monotone (3.16) est également satisfaite, mais l'inverse n'est pas vrai.

Dans cette note, nous discutons souvent d'une équation différentielle stochastique sur  $[t_0, \infty)$ , c'est-à-dire,

$$dx(t) = f(x(t), t) dt + g(x(t), t) dB(t) \quad \text{pour } t \in [t_0, \infty), \quad (3.17)$$

avec la condition initiale  $x(t_0) = x_0$ . Si les hypothèses du théorème d'existence et d'unicité sont vérifiées sur chaque sous-intervalle fini  $[t_0, T]$  de  $[t_0, \infty)$ , alors l'équation (3.17) a une solution unique  $x(t)$  sur  $[t_0, \infty)$ . Cette solution est appelée *solution globale*. Par commodité, nous énonçons le théorème suivant.

**Théorème 3.3.9** (Condition de Lipschitz locale dépendante du temps). *Supposons que pour chaque réel  $T > t_0$  et chaque entier  $n \geq 1$ , il existe une constante positive  $K_{T,n}$  telle que pour tout  $t \in [t_0, T]$  et tout  $x, y \in \mathbb{R}^d$  avec  $|x| \vee |y| \leq n$ ,*

$$|f(x, t) - f(y, t)|^2 \vee |g(x, t) - g(y, t)|^2 \leq K_{T,n}|x - y|^2.$$

*Supposons également que pour chaque  $T > t_0$ , il existe une constante positive  $K_T$  telle que pour tout  $(x, t) \in \mathbb{R}^d \times [t_0, T]$ ,*

$$x^\top f(x, t) + \frac{1}{2}|g(x, t)|^2 \leq K_T(1 + |x|^2).$$

*Alors, il existe une solution globale unique  $x(t)$  à l'équation (3.17), et la solution appartient à  $\mathbb{M}^2([t_0, \infty), \mathbb{R}^d)$ .*

**Proposition 3.3.10** (Formule de Dynkin). *Pour tout  $x \in \mathbb{R}^q$ , toute variable d'arrêt  $\tau$  avec  $\mathbb{E}_x(\tau) < \infty$ , et toute fonction  $f \in \mathcal{C}^2(\mathbb{R}^q, \mathbb{R})$  à support compact,*

$$\mathbb{E}_x(f(X_\tau)) = f(x) + \mathbb{E}_x \int_0^\tau \mathcal{L}f(X_s) ds.$$

*Si  $\tau$  est le temps de sortie d'un ensemble borné, alors nous pouvons abandonner la restriction du support compact.*

**Définition 3.3.11** (Dynamique stochastique de la population infectée dans un modèle SIRS). *Soit  $I(t)$  la taille de la population infectée à l'instant  $t$ .*

- **Extinction exponentielle**

*La population infectée s'éteint exponentiellement presque sûrement si*

$$\limsup_{t \rightarrow +\infty} \frac{\ln(I(t))}{t} < 0 \quad p.s.$$

- **Extinction**

*La population infectée s'éteint presque sûrement si*

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} I(t) = 0 \quad p.s.$$

- **Non-persistante en moyenne**

*La population infectée ne persiste pas en moyenne presque sûrement si*

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} \frac{1}{t} \int_0^t I(s) ds = 0 \quad p.s.$$

- **Persistante faible en moyenne**

*La population infectée persiste faiblement en moyenne presque sûrement si*

$$\limsup_{t \rightarrow +\infty} \frac{1}{t} \int_0^t I(s) ds > 0 \quad p.s.$$

- **Persistante forte en moyenne**

*La population infectée persiste fortement en moyenne presque sûrement si*

$$\liminf_{t \rightarrow +\infty} \frac{1}{t} \int_0^t I(s) ds > 0 \quad p.s.$$

- **Permanence stochastique**

*Pour tout  $\varepsilon > 0$ , il existe des constantes  $C_1, C_2 > 0$  telles que :*

- **Bornitude ultime**

$$\limsup_{t \rightarrow +\infty} \mathbf{P}(I(t) > C_1) \leq \varepsilon.$$

- **Persistante**

$$\liminf_{t \rightarrow +\infty} \mathbf{P}(I(t) \geq C_2) \geq 1 - \varepsilon.$$

- **Borné stochastiquement**

*Pour chaque  $\varepsilon > 0$ , il existe  $\gamma_\varepsilon = \gamma_\varepsilon(t_0, I_0) > 0$  tel que*

$$\inf_{t \in [t_0, T]} \mathbb{P}(|I(t)| \leq \gamma_\varepsilon) > 1 - \varepsilon.$$

*Si  $\gamma_\varepsilon$  dépend uniquement de  $I_0$ , alors  $I(t)$  est dit uniformément borné stochastique-*

ment.

- **Continuité sur  $[t_0, T]$**

*Il existe une constante  $\rho > 0$  telle que, pour tous  $s, t \in [t_0, T]$ ,*

$$|I(t) - I(s)|^2 \leq \rho |t - s|,$$

où

$$I(t) - I(s) = \int_s^t f(u, I(u)) du + \int_s^t g(u, I(u)) dB(u).$$

**Théorème 3.3.12.** Soient  $Y(t)$  et  $Z(t)$  des processus tels que

$$\lim_{t \rightarrow \infty} \frac{Z(t)}{t} = 0 \quad p.s.$$

- Si pour tout  $t \geq 0$

$$\ln(Y(t)) \geq vt - v_0 \int_0^t Y(s) ds + Z(t),$$

alors

$$\liminf_{t \rightarrow \infty} \frac{1}{t} \int_0^t Y(s) ds \geq \frac{v}{v_0} \quad p.s..$$

- Si pour tout  $t \geq 0$

$$\ln Y(t) \leq vt - v_0 \int_0^t Y(s) ds + Z(t),$$

alors

$$\limsup_{t \rightarrow \infty} \frac{1}{t} \int_0^t Y(s) ds \leq \frac{v}{v_0} \quad p.s..$$

### 3.3.3 Solutions approximatives d'Euler-Maruyama

Nous discutons maintenant des solutions approximatives d'Euler-Maruyama, définies comme suit. Pour chaque entier  $n \geq 1$ , posons  $x_n(t_0) = x_0$ , et pour  $t_0 + (k-1)/n < t \leq (t_0 + k/n) \wedge T$ ,  $k = 1, 2, \dots$ , nous avons

$$\begin{aligned} x_n(t) &= x_n\left(t_0 + \frac{k-1}{n}\right) + \int_{t_0 + \frac{k-1}{n}}^t f\left(x_n\left(t_0 + \frac{k-1}{n}\right), s\right) ds \\ &+ \int_{t_0 + \frac{k-1}{n}}^t g\left(x_n\left(t_0 + \frac{k-1}{n}\right), s\right) dB(s). \end{aligned} \tag{3.18}$$

Notez que si nous définissons

$$\hat{x}_n(t) = x_0 \mathbb{1}_{\{t_0\}}(t) + \sum_{k \geq 1} x_n \left( t_0 + \frac{k-1}{n} \right) \mathbb{1}_{(t_0 + \frac{k-1}{n}, t_0 + \frac{k}{n}]}(t),$$

pour  $t_0 \leq t \leq T$ , alors (3.18) implique

$$x_n(t) = x_0 + \int_{t_0}^t f(\hat{x}_n(s), s) ds + \int_{t_0}^t g(\hat{x}_n(s), s) dB(s).$$

**Lemme 3.3.13** (Majorant des approximations d'Euler-Maruyama). *Sous la condition de croissance linéaire (3.12), les solutions approximatives d'Euler-Maruyama  $\{x_n(t)\}$  satisfont*

$$\sup_{t_0 \leq t \leq T} \mathbb{E}(|x_n(t)|^2) \leq C_1 = (1 + 3\mathbb{E}(|x_0|^2)) e^{3K(T-t_0)(T-t_0+1)}.$$

**Lemme 3.3.14** (Majorant des incrément). *Sous la condition de croissance linéaire (3.12), les solutions approximatives d'Euler-Maruyama  $\{x_n(t)\}$  satisfont, pour  $t_0 \leq s < t \leq T$  avec  $t-s \leq 1$ ,*

$$\mathbb{E}(|x_n(t) - x_n(s)|^2) \leq C_2(t-s),$$

où  $C_2 = 4K(1 + C_1)$  et  $C_1$  est défini dans le lemme 3.3.13.

**Théorème 3.3.15** (Taux de convergence). *Supposons que la condition de Lipschitz (3.11) et la condition de croissance linéaire (3.12) soient vérifiées. Soit  $x(t)$  la solution unique de (3.9), et  $\{x_n(t)\}_{n \geq 1}$  les solutions approximatives d'Euler-Maruyama. Alors*

$$\mathbb{E}\left(\sup_{t_0 \leq t \leq T} |x_n(t) - x(t)|^2\right) \leq \frac{C_3}{n},$$

où  $C_3 = 4C_2\bar{K}(T-t_0)(T-t_0+4)\exp[4\bar{K}(T-t_0)(T-t_0+4)]$  et  $C_2$  est défini dans le lemme 3.3.14.

Nous omettons les preuves de ces résultats. De plus, nous avons le théorème de convergence plus général suivant.

**Théorème 3.3.16** (Convergence générale). *Sous les mêmes conditions, les solutions approximatives d'Euler-Maruyama  $\{x_n(t)\}$  convergent vers la solution unique  $x(t)$  de (3.9) en ce sens que*

$$\lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{E}\left[\sup_{t_0 \leq t \leq T} \|x_n(t) - x(t)\|^2\right] = 0. \quad (3.19)$$

Ce résultat a été établi par Kaneko & Nakao [98]. Le théorème 3.3.16 montre que les solutions approximatives d'Euler-Maruyama et de Carathéodory convergent toutes deux vers la solution unique de (3.9) sous des conditions générales. Cependant, il reste une question ouverte de savoir si les solutions approximatives de Picard convergent sous ces mêmes conditions.

Pour les équations différentielles stochastiques homogènes en temps de la forme

$$dx(t) = f(x(t)) dt + g(x(t)) dB(t),$$

l'approximation d'Euler-Maruyama se simplifie en  $x_n(t_0) = x_0$  et

$$\begin{aligned} x_n(t) &= x_n\left(t_0 + \frac{k-1}{n}\right) + f\left(x_n\left(t_0 + \frac{k-1}{n}\right)\right)\left[t - t_0 - \frac{k-1}{n}\right] \\ &\quad + g\left(x_n\left(t_0 + \frac{k-1}{n}\right)\right)\left[B(t) - B\left(t_0 + \frac{k-1}{n}\right)\right], \end{aligned} \quad (3.20)$$

pour  $t_0 + \frac{k-1}{n} < t \leq \left(t_0 + \frac{k}{n}\right) \wedge T$ ,  $k = 1, 2, \dots$ .

**Remarque 3.3.17.** Dans les sous-sections précédentes, nous avons travaillé sur un espace de probabilité donné  $(\Omega, \mathcal{F}, \mathbf{P})$  avec filtration  $\{\mathcal{F}_t\}_{t \geq 0}$ , mouvement brownien  $B(t)$ , et coefficients  $f(x, t)$ ,  $g(x, t)$ , puis avons construit la solution  $x(t)$ . Ces solutions sont appelées solutions fortes. Si seuls les coefficients  $f(x, t)$  et  $g(x, t)$  sont donnés, et que nous pouvons construire un espace de probabilité approprié, une filtration, un mouvement brownien et une solution, le résultat est appelé une solution faible. Deux solutions (faibles ou fortes) sont faiblement uniques si elles ont les mêmes lois de probabilité (c'est-à-dire les mêmes distributions finies-dimensionnelles). Si deux solutions faibles construites sous des espaces de probabilité différents sont indiscernables, on dit que l'unicité de chemin est vérifiée.

De toute évidence, chaque solution forte est une solution faible, mais l'inverse n'est généralement pas vrai (voir l'exemple de Tanaka dans Rogers & Williams [99, Sec. V.16]). L'unicité de chemin implique l'unicité faible. De plus, les conditions données ci-dessus (par exemple, la condition de Lipschitz) garantissent l'unicité de chemin puisque les preuves d'unicité sont valables pour des espaces de probabilité arbitraires. Dans ce travail, nous nous concentrerons exclusivement sur les solutions fortes, sauf mention contraire.

## 3.4 Stabilité des Équations Différentielles Stochastiques

### 3.4.1 Introduction

En 1892, A.M. Lyapunov a introduit le concept de stabilité pour les systèmes dynamiques. Grossièrement, la stabilité fait référence à l'insensibilité de l'état d'un système aux petites variations des conditions initiales ou des paramètres. Pour un système stable, les trajectoires proches les unes des autres à un instant donné doivent rester proches à tous les instants suivants.

Pour mieux comprendre la théorie de la stabilité stochastique, rappelons d'abord quelques faits de base sur la stabilité des systèmes déterministes décrits par des équations différentielles ordinaires (EDO). Pour plus de détails, voir [100] et [101]. Considérons une EDO de dimension  $d$

$$\dot{x}(t) = f(x(t), t) \quad \text{pour } t \geq t_0. \quad (3.21)$$

On suppose que pour chaque valeur initiale  $x(t_0) = x_0 \in \mathbb{R}^d$ , il existe une solution globale unique, notée  $x(t, t_0, x_0)$ . De plus, on suppose que

$$f(0, t) = 0 \quad \text{pour tous } t \geq t_0.$$

Ainsi, l'équation (3.21) a la solution  $x(t) \equiv 0$  correspondant à la valeur initiale  $x(t_0) = 0$ . Cette solution est appelée *solution triviale* ou *position d'équilibre*.

La solution triviale est dite *stable* si, pour chaque  $\varepsilon > 0$ , il existe un  $\delta = \delta(\varepsilon, t_0) > 0$  tel que

$$|x(t, t_0, x_0)| < \varepsilon \quad \text{pour tous } t \geq t_0,$$

dès que  $|x_0| < \delta$ . Sinon, elle est dite *instable*. La solution triviale est *asymptotiquement stable* si elle est stable et qu'il existe un  $\delta_0 = \delta_0(t_0) > 0$  tel que

$$\lim_{t \rightarrow \infty} x(t, t_0, x_0) = 0,$$

dès que  $|x_0| < \delta_0$ .

Si (3.21) pouvait être résolue explicitement, la détermination de la stabilité serait simple. Cependant, des solutions explicites ne sont possibles que dans des cas particuliers. Heureusement, Lyapunov (1892) a développé une méthode pour évaluer la stabilité sans résoudre l'équation, connue sous le nom de *méthode directe de Lyapunov* (ou *seconde méthode*). Pour expliquer cette méthode, introduisons quelques notations.

- Soit  $\mathcal{K}$  la famille de toutes les fonctions continues non-décroissantes  $\mu : \mathbb{R}_+ \rightarrow \mathbb{R}_+$  telles que  $\mu(0) = 0$  et  $\mu(r) > 0$  pour  $r > 0$ .
- Pour  $h > 0$ , soit  $S_h = \{x \in \mathbb{R}^d \mid |x| < h\}$ .

Une fonction continue  $V(x, t)$  définie sur  $S_h \times [t_0, \infty)$  est *positive-définie* (au sens de

Lyapunov) si  $V(0, t) \equiv 0$  et, pour un certain  $\mu \in \mathcal{K}$ ,

$$V(x, t) \geq \mu(|x|) \quad \text{pour tous } (x, t) \in S_h \times [t_0, \infty).$$

Une fonction  $V$  est *négative-définie* si  $-V$  est positive-définie. Une fonction continue non-négative  $V(x, t)$  est *décroissante* (c'est-à-dire a une borne supérieure arbitrairement petite) si, pour un certain  $\mu \in \mathcal{K}$ ,

$$V(x, t) \leq \mu(|x|) \quad \text{pour tous } (x, t) \in S_h \times [t_0, \infty).$$

Une fonction  $V(x, t)$  définie sur  $\mathbb{R}^d \times [t_0, \infty)$  est *radialement non-bornée* si

$$\lim_{|x| \rightarrow \infty} \inf_{t \geq t_0} V(x, t) = \infty.$$

Soit  $C^{1,1}(S_h \times [t_0, \infty), \mathbb{R}_+)$  la famille de toutes les fonctions continues  $V(x, t)$  de  $S_h \times [t_0, \infty)$  vers  $\mathbb{R}_+$  ayant des dérivées partielles continues de premier ordre en  $x$  et  $t$ . Si  $x(t)$  est une solution de (3.21) et que  $V(x, t) \in C^{1,1}(S_h \times [t_0, \infty), \mathbb{R}_+)$ , alors  $v(t) = V(x(t), t)$  a la dérivée

$$\dot{v}(t) = V_t(x(t), t) + V_x(x(t), t)f(x(t), t) = \frac{\partial V}{\partial t}(x(t), t) + \sum_{i=1}^d \frac{\partial V}{\partial x_i}(x(t), t)f_i(x(t), t).$$

Si  $\dot{v}(t) \leq 0$ , alors  $v(t)$  ne croît pas, ce qui signifie que la distance à l'équilibre (mesurée par  $V(x(t), t)$ ) ne croît pas. Si  $\dot{v}(t) < 0$ , alors  $v(t)$  diminue vers zéro, ce qui implique que  $x(t) \rightarrow 0$ . Ces idées forment la base de la méthode directe de Lyapunov et conduisent au théorème suivant.

**Théorème 3.4.1.** • Si une fonction positive-définie  $V(x, t) \in C^{1,1}(S_h \times [t_0, \infty), \mathbb{R}_+)$  existe telle que

$$\dot{V}(x, t) = V_t(x(t), t) + V_x(x(t), t)f(x(t), t) \leq 0,$$

pour tous  $(x, t) \in S_h \times [t_0, \infty)$ , alors la solution triviale de (3.21) est stable.

- Si une fonction positive-définie, décroissante  $V(x, t) \in C^{1,1}(S_h \times [t_0, \infty), \mathbb{R}_+)$  existe telle que  $\dot{V}(x, t)$  soit négative-définie, alors la solution triviale de (3.21) est asymptotiquement stable.

Une fonction  $V(x, t)$  satisfaisant les conditions du théorème 3.4.1 est appelée une *fonction de Lyapunov* pour l'EDO.

Lorsqu'on étend la théorie de la stabilité de Lyapunov aux systèmes stochastiques, plusieurs questions se posent :

- Quelle est la définition appropriée de la stabilité stochastique ?

- Quelles conditions une fonction de Lyapunov stochastique doit-elle satisfaire ?
- Comment l'inégalité  $\dot{V}(x, t) \leq 0$  doit-elle être modifiée pour obtenir des résultats de stabilité ?

Il existe au moins trois types de stabilité stochastique :

- Stabilité en probabilité,
- Stabilité des moments,
- Stabilité presque sûre.

En 1965, Bucy a montré qu'une fonction de Lyapunov stochastique doit posséder la propriété de supermartingale et a fourni des critères simples pour la stabilité en probabilité et la stabilité des moments. La stabilité presque sûre a été étudiée par Hasminskii (1967) pour les équations différentielles stochastiques linéaires (EDS). La stabilité stochastique reste un domaine de recherche actif, avec des contributions de nombreux mathématiciens, dont Arnold, Baxendale, Chow, Curtain, Elworthy, Friedman, Ichikawa, Kliemann, Kolmanovskii, Kushner, Ladde, Lakshmikantham, Mohammed, Pardoux, Pinsky, Pritchard, Truman, Wihstutz, Zabczyk, et d'autres.

Dans cette section, nous étudions ces types de stabilité pour l'EDS de dimension  $d$

$$dx(t) = f(x(t), t)dt + g(x(t), t)dB(t) \quad \text{pour } t \geq t_0.$$

Pour l'analyse de stabilité, il suffit (comme nous l'expliquerons plus tard) de considérer des valeurs initiales constantes  $x_0 \in \mathbb{R}^d$  plutôt que des variables aléatoires mesurables  $\mathcal{F}_{t_0}, x_0 \in \mathbf{L}^2(\Omega, \mathbb{R}^d)$ . Tout au long de cette section, nous supposons que les conditions du théorème 3.3.9 (existence et unicité) sont remplies. Ainsi, pour toute valeur initiale  $x(t_0) = x_0 \in \mathbb{R}^d$ , l'équation (3.9) a une solution globale unique  $x(t, t_0, x_0)$  avec des trajectoires continues et des moments finis. De plus, supposons que

$$f(0, t) = 0 \quad \text{et} \quad g(0, t) = 0 \quad \text{pour tous } t \geq t_0.$$

Ainsi, (3.9) a la solution triviale  $x(t) \equiv 0$  correspondant à  $x(t_0) = 0$ .

Notation supplémentaire : Soit  $0 < h \leq \infty$ . Soit  $\mathcal{C}^{2,1}(S_h \times \mathbb{R}_+, \mathbb{R}_+)$  la famille de fonctions non-négatives  $V(x, t)$  dans  $S_h \times \mathbb{R}_+$  qui sont deux fois continuellement différentiables en  $x$  et une fois en  $t$ . L'opérateur différentiel  $L$  associé à (3.9) est défini comme

$$\mathcal{L} = \frac{\partial}{\partial t} + \sum_{i=1}^d f_i(x, t) \frac{\partial}{\partial x_i} + \frac{1}{2} \sum_{i,j=1}^d [g(x, t)g^T(x, t)]_{ij} \frac{\partial^2}{\partial x_i \partial x_j}.$$

Pour  $V \in \mathcal{C}^{2,1}(S_h \times \mathbb{R}_+, \mathbb{R}_+)$ ,

$$\mathcal{L}V(x, t) = V_t(x, t) + V_x(x, t)f(x, t) + \frac{1}{2} \text{trace} \left[ g^T(x, t)V_{xx}(x, t)g(x, t) \right].$$

(Voir la définition 3.2.29 pour les définitions de  $V_t$ ,  $V_x$ , et  $V_{xx}$ .) Par la formule d'Itô, si  $x(t) \in S_h$ , alors

$$dV(x(t), t) = \mathcal{L}V(x(t), t)dt + V_x(x(t), t)g(x(t), t)dB(t).$$

Cela justifie la définition de  $L$ . Dans la stabilité stochastique, la condition  $\dot{V}(x, t) \leq 0$  est remplacée par  $\mathcal{L}V(x, t) \leq 0$ .

### 3.4.2 Stabilité en probabilité

Dans cette section, nous discutons de la stabilité en probabilité. Nous soulignons qu'au cours de cette section, la valeur initiale  $x_0$  est supposée être une constante (dans  $\mathbb{R}^d$ ) et non une variable aléatoire. Nous expliquerons pourquoi il suffit de considérer des valeurs initiales constantes après avoir défini la stabilité en probabilité.

**Définition 3.4.2.** • La solution triviale de l'équation (3.9) est dite stochastiquement stable ou stable en probabilité si, pour chaque paire  $\varepsilon \in (0, 1)$  et  $r > 0$ , il existe un  $\delta = \delta(\varepsilon, r, t_0) > 0$  tel que

$$\mathbf{P}\left\{|x(t, t_0, x_0)| < r \text{ pour tout } t \geq t_0\right\} \geq 1 - \varepsilon,$$

chaque fois que  $|x_0| < \delta$ . Sinon, on dit qu'elle est stochastiquement instable.

- La solution triviale est dite stochastiquement asymptotiquement stable si elle est stochastiquement stable et, de plus, pour chaque  $\varepsilon \in (0, 1)$ , il existe un  $\delta_0 = \delta_0(\varepsilon, t_0) > 0$  tel que

$$\mathbf{P}\left\{\lim_{t \rightarrow \infty} x(t, t_0, x_0) = 0\right\} \geq 1 - \varepsilon,$$

chaque fois que  $|x_0| < \delta_0$ .

- La solution triviale est dite stochastiquement asymptotiquement stable en grand si elle est stochastiquement stable et, de plus, pour tout  $x_0 \in \mathbb{R}^d$ ,

$$\mathbf{P}\left\{\lim_{t \rightarrow \infty} x(t, t_0, x_0) = 0\right\} = 1.$$

Expliquons maintenant pourquoi il suffit de considérer des valeurs initiales constantes. Supposons que la valeur initiale  $x_0$  soit une variable aléatoire. Par exemple, remplaçons  $|x_0| < \delta$  par  $|x_0| < \delta$  presque sûrement dans la définition. Bien que cela semble plus général, c'est en réalité équivalent à la définition ci-dessus. Par exemple, si (3.4.1) est

Processus Stochastique	Notation	Générateur Infinitésimal $\mathcal{L}$
Mouvement Brownien standard	$(B_t)_{t \geq 0}$	$\mathcal{L}f(x) = \frac{1}{2} \frac{d^2 f}{dx^2}(x)$
Processus de Poisson homogène	$(N_t)_{t \geq 0}$	$\mathcal{L}f(x) = \lambda(f(x+1) - f(x))$
Processus de diffusion d'Itô	$(X_t)_{t \geq 0},$ $dX_t = \mu(t, X_t)dt + \sigma(t, X_t)dB_t$	$\mathcal{L}f(x) = \mu(t, x)\partial_x f(x) + \frac{1}{2}\sigma^2(t, x)\partial_{xx}f(x)$ (générateur) $\partial_t f + \mu(t, x)\partial_x f + \frac{1}{2}\sigma^2(t, x)\partial_{xx}f$ (opérateur de Kolmogorov)
Processus de Lévy	$(L_t)_{t \geq 0}$	$\mathcal{L}f(x) = \gamma f'(x) + \frac{1}{2}\sigma^2 f''(x)$ + $\int_{\mathbb{R} \setminus \{0\}} [f(x+z) - f(x) - z\mathbb{1}_{\{ z <1\}}f'(x)]\nu(dz)$
Mouvement Brownien géométrique	$(S_t)_{t \geq 0}$ $dS_t = \mu S_t dt + \sigma S_t dB_t$	$\mathcal{L}f(t, x) = \partial_t f + \mu x \partial_x f + \frac{1}{2}\sigma^2 x^2 \partial_{xx}f$
Diffusion à changement de régime de Markov	$(X_t, \alpha_t)_{t \geq 0}$ ( $\alpha_t$ chaîne de Markov)	$\mathcal{L}f(x, i) = \mu_i(x)\partial_x f(x, i) + \frac{1}{2}\sigma_i^2(x)\partial_{xx}f(x, i)$ + $\sum_{j \neq i} q_{ij}(f(x, j) - f(x, i))$

- Diffusions à changement de régime de Markov
- $Q = (q_{ij})$  Matrice génératrice de  $\alpha_t$
- $\mu_i, \sigma_i$  Paramètres dépendants du régime
- $\nu$  désigne la mesure de Lévy
- $\mathcal{L}$  caractérise l'évolution à travers les fonctions de test  $f$

TABLEAU 3.5. Processus Stochastiques et leurs Générateurs Infinitésimaux

valide, alors pour toute variable aléatoire  $x_0$  avec  $|x_0| < \delta$  presque sûrement, nous avons

$$\begin{aligned}\mathbf{P}\{|x(t, t_0, x_0)| < r \text{ pour tout } t \geq t_0\} &= \int_{S_\delta} \mathbf{P}\{|x(t, t_0, y)| < r \text{ pour tout } t \geq t_0\} \mathbf{P}\{x_0 \in dy\} \\ &\geq \int_{S_\delta} (1 - \varepsilon) \mathbf{P}\{x_0 \in dy\} = 1 - \varepsilon.\end{aligned}$$

Il convient également de noter que lorsque  $g(x, t) \equiv 0$ , ces définitions se réduisent à leurs homologues déterministes. Nous allons maintenant étendre le théorème de Lyapunov 3.4.1 au cas stochastique.

**Théorème 3.4.3.** *S'il existe une fonction positive-définie  $V(x, t) \in \mathcal{C}^{2,1}(S_h \times [t_0, \infty), \mathbb{R}_+)$  telle que*

$$\mathcal{L}V(x, t) \leq 0,$$

*pour tous  $(x, t) \in S_h \times [t_0, \infty)$ , alors la solution triviale de l'équation (3.9) est stochastiquement stable.*

**Théorème 3.4.4.** *S'il existe une fonction décroissante positive-définie  $V(x, t) \in \mathcal{C}^{2,1}(S_h \times [t_0, \infty), \mathbb{R}_+)$  telle que  $\mathcal{L}V(x, t)$  soit négative-définie, alors la solution triviale de (3.9) est stochastiquement asymptotiquement stable.*

**Théorème 3.4.5.** *S'il existe une fonction  $V(x, t) \in \mathcal{C}^{2,1}(\mathbb{R}^d \times [t_0, \infty); \mathbb{R}_+)$  qui est positive-définie, décroissante et radiale non bornée telle que  $\mathcal{L}V(x, t)$  soit négative-définie, alors la solution triviale de (3.9) est stochastiquement asymptotiquement stable en grand.*

Les fonctions  $V(x, t)$  utilisées dans les théorèmes 3.4.3 et 3.4.5 sont appelées *fonctions de Lyapunov stochastiques*, et l'application de ces théorèmes dépend de la construction de telles fonctions. Comme dans le cas déterministe, plusieurs techniques peuvent être employées pour trouver des fonctions appropriées. Par exemple, la fonction quadratique

$$V(x, t) = x^T Q x,$$

où  $Q$  est une matrice symétrique positive-définie, est un candidat sous réserve que

$$\mathcal{L}V(x, t) = 2x^T Q f(x, t) + \text{trace}[g^T(x, t) Q g(x, t)] \leq 0,$$

ou soit négative-définie dans un voisinage de  $x = 0$  pour  $t \geq t_0$ . De plus, une solution positive-définie peut être recherchée pour l'équation  $\mathcal{L}V(x, t) = 0$  ou l'inégalité  $\mathcal{L}V(x, t) \leq 0$ . Nous présentons maintenant plusieurs exemples pour illustrer la théorie.

### 3.4.3 Stabilité exponentielle presque sûre

Nous commençons par donner une définition formelle de la stabilité exponentielle presque sûre.

**Définition 3.4.6.** *La solution triviale de l'équation (3.9) est dite exponentiellement stable presque sûrement si*

$$\limsup_{t \rightarrow \infty} \frac{1}{t} \log |x(t, t_0, x_0)| < 0 \quad \text{presque sûrement}, \quad (3.22)$$

pour tout  $x_0 \in \mathbb{R}^d$ .

Le côté gauche de (3.22) définit l'*exposant de Lyapunov de l'échantillon* de la solution. Nous concluons que la solution triviale est exponentiellement stable presque sûrement si et seulement si tous les exposants de Lyapunov de l'échantillon sont négatifs.

Comme discuté dans la section précédente, la stabilité exponentielle presque sûre implique que, avec une probabilité de 1, tous les chemins échantillons de la solution convergent de manière exponentielle vers la position d'équilibre  $x = 0$ .

Pour clarifier pourquoi nous pouvons restreindre notre analyse à des valeurs initiales constantes, considérons une condition initiale générale  $x_0$  (c'est-à-dire, une variable aléatoire  $\mathcal{F}_{t_0}$ -mesurable dans  $\mathbf{L}^2(\Omega, \mathbb{R}^d)$ ). L'équation (3.11) montre que

$$\begin{aligned} \mathbf{P} \left\{ \limsup_{t \rightarrow \infty} \frac{1}{t} \log |x(t, t_0, x_0)| < 0 \right\} &= \int_{\mathbb{R}^d} \mathbf{P} \left\{ \limsup_{t \rightarrow \infty} \frac{1}{t} \log |x(t, t_0, y)| < 0 \right\} \mathbf{P}\{x_0 \in dy\} \\ &= \int_{\mathbb{R}^d} \mathbf{P}\{x_0 \in dy\} = 1, \end{aligned}$$

c'est-à-dire,

$$\limsup_{t \rightarrow \infty} \frac{1}{t} \log |x(t, t_0, x_0)| < 0 \quad \text{presque sûrement.}$$

Pour établir les théorèmes sur la stabilité exponentielle presque sûre, nous avons besoin du lemme utile suivant. Rappelons que nous supposons, tout au long de cette sous-section, que les hypothèses du théorème d'existence et d'unicité 3.3.9 sont remplies et, de plus, que  $f(0, t) \equiv 0$ ,  $g(0, t) \equiv 0$ . Sous ces hypothèses, nous avons le lemme suivant.

**Lemme 3.4.7.** *Pour tout  $x_0 \neq 0$  dans  $\mathbb{R}^d$ ,*

$$\mathbf{P}\{x(t, t_0, x_0) \neq 0 \text{ pour } t \geq t_0\} = 1.$$

*C'est-à-dire, presque tous les chemins échantillons de toute solution partant d'un état non nul ne rejoindront jamais l'origine.*

**Théorème 3.4.8.** Supposons qu'il existe une fonction  $V \in \mathcal{C}^{2,1}(\mathbb{R}^d \times [t_0, \infty), \mathbb{R}_+)$ , et des constantes  $p > 0$ ,  $c_1 > 0$ ,  $c_2 \in \mathbb{R}$ ,  $c_3 \geq 0$ , telles que pour tout  $x \neq 0$  et  $t \geq t_0$

- $c_1|x|^p \leq V(x, t)$ ,
- $\mathcal{L}V(x, t) \leq c_2 V(x, t)$ ,
- $|V_x(x, t)g(x, t)|^2 \geq c_3 V^2(x, t)$ .

Alors

$$\limsup_{t \rightarrow \infty} \frac{1}{t} \log |x(t, t_0, x_0)| \leq -\frac{c_3 - 2c_2}{2p} \quad \text{presque sûrement.}$$

pour tout  $x_0 \in \mathbb{R}^d$ . En particulier, si  $c_3 > 2c_2$ , la solution triviale de l'équation (3.9) est exponentiellement stable presque sûrement.

**Corollaire 3.4.9.** Supposons qu'il existe une fonction  $V \in \mathcal{C}^{2,1}(\mathbb{R}^d \times [t_0, \infty), \mathbb{R}_+)$ , et des constantes positives  $p, \alpha, \lambda$ , telles que pour tout  $x \neq 0$ ,  $t \geq t_0$

$$\alpha|x|^p \leq V(x, t) \quad \text{et} \quad \mathcal{L}V(x, t) \leq -\lambda V(x, t),$$

alors

$$\limsup_{t \rightarrow \infty} \frac{1}{t} \log |x(t, t_0, x_0)| \leq -\frac{\lambda}{p} \quad \text{presque sûrement,}$$

pour tout  $x_0 \in \mathbb{R}^d$ . En d'autres termes, la solution triviale de l'équation (3.9) est exponentiellement stable presque sûrement.

Ce corollaire découle immédiatement du théorème 3.4.8 en posant  $c_1 = \alpha$ ,  $c_2 = -\lambda$ , et  $c_3 = 0$ . Ces résultats fournissent une borne supérieure pour les exposants de Lyapunov de l'échantillon. Nous allons maintenant nous intéresser à la borne inférieure.

**Théorème 3.4.10.** Supposons qu'il existe une fonction  $V \in \mathcal{C}^{2,1}(\mathbb{R}^d \times [t_0, \infty), \mathbb{R}_+)$ , et des constantes  $p > 0$ ,  $c_1 > 0$ ,  $c_2 \in \mathbb{R}$ ,  $c_3 > 0$ , telles que pour tout  $x \neq 0$  et  $t \geq t_0$

- $c_1|x|^p \geq V(x, t) > 0$ ,
- $\mathcal{L}V(x, t) \geq c_2 V(x, t)$ ,
- $|V_x(x, t)g(x, t)|^2 \leq c_3 V^2(x, t)$ .

Alors

$$\liminf_{t \rightarrow \infty} \frac{1}{t} \log |x(t, t_0, x_0)| \geq \frac{2c_2 - c_3}{2p} \quad \text{presque sûrement,}$$

pour tout  $x_0 \neq 0$  dans  $\mathbb{R}^d$ . En particulier, si  $2c_2 > c_3$ , alors presque tous les chemins échantillons de  $|x(t, t_0, x_0)|$  tendront vers l'infini, et dans ce cas, nous disons que la solution triviale de l'équation (3.9) est exponentiellement instable presque sûrement.

### 3.4.4 Stabilité exponentielle du moment

Dans cette sous-section, nous discutons de la stabilité exponentielle du  $p$ -ième moment pour l'équation (3.9), où nous supposons toujours que  $p > 0$ . Nous commençons par définir la stabilité exponentielle du  $p$ -ième moment.

**Définition 3.4.11.** La solution triviale de l'équation (3.9) est dite exponentiellement stable au  $p$ -ième moment s'il existe des constantes positives  $\lambda$  et  $C$  telles que

$$\mathbb{E}(|x(t, t_0, x_0)|^p) \leq C|x_0|^p e^{-\lambda(t-t_0)} \quad \text{pour tout } t \geq t_0, \quad (3.23)$$

pour tout  $x_0 \in \mathbb{R}^d$ . Lorsque  $p = 2$ , on dit généralement que la solution est exponentiellement stable en moyenne quadratique.

Il est clair que la stabilité exponentielle du  $p$ -ième moment implique que le  $p$ -ième moment de la solution tend vers zéro de manière exponentielle. De plus, il découle de (3.23) que

$$\limsup_{t \rightarrow \infty} \frac{1}{t} \log(\mathbb{E}(|x(t, t_0, x_0)|^p)) < 0. \quad (3.24)$$

Le côté gauche de (3.24) définit l'*exposant de Lyapunov du  $p$ -ième moment* de la solution. Par conséquent, dans ce cas, le  $p$ -ième moment est exponentiellement stable au sens de Lyapunov, ce qui signifie que l'exposant de Lyapunov est négatif.

De plus, si la valeur initiale est une variable aléatoire  $\mathcal{F}_{t_0}$ -mesurable  $x_0 \in \mathbf{L}^p(\Omega, \mathbb{R}^d)$ , alors d'après (3.23),

$$\begin{aligned} \mathbb{E}(|x(t, t_0, x_0)|^p) &= \int_{\mathbb{R}^d} \mathbb{E}(|x(t, t_0, y)|^p) \mathbf{P}\{x_0 \in dy\} \\ &\leq \int_{\mathbb{R}^d} C|y|^p e^{-\lambda(t-t_0)} \mathbf{P}\{x_0 \in dy\} = C\mathbb{E}(|x_0|^p) e^{-\lambda(t-t_0)}. \end{aligned}$$

De plus, puisque  $(\mathbb{E}(|x(t)|^{\widehat{p}}))^{1/\widehat{p}} \leq (\mathbb{E}(|x(t)|^p))^{1/p}$  pour  $0 < \widehat{p} < p$ , nous voyons que la stabilité exponentielle du  $p$ -ième moment implique la stabilité exponentielle du  $\widehat{p}$ -ième moment.

En général, la stabilité exponentielle du  $p$ -ième moment et la stabilité exponentielle presque sûre ne s'impliquent pas mutuellement ; des conditions supplémentaires sont nécessaires pour déduire l'une de l'autre. Le théorème suivant fournit des conditions sous lesquelles la stabilité exponentielle du  $p$ -ième moment implique la stabilité exponentielle presque sûre.

**Théorème 3.4.12.** Supposons qu'il existe une constante positive  $K$  telle que

$$x^\top f(x, t) \vee |g(x, t)|^2 \leq K|x|^2 \quad \text{pour tout } (x, t) \in \mathbb{R}^d \times [t_0, \infty). \quad (3.25)$$

*Alors, la stabilité exponentielle du  $p$ -ième moment de la solution triviale de (3.9) implique la stabilité exponentielle presque sûre.*

Bien que la condition (3.25) ne soit pas garantie par les hypothèses du théorème d'existence et d'unicité 3.3.9 (qui sont supposées tout au long de ce chapitre), elle est vérifiée dans de nombreux cas importants. Par exemple, si les coefficients  $f(x, t)$  et  $g(x, t)$  sont uniformément lipschitziens, alors (3.25) est satisfait, en notant que nous supposons toujours  $f(0, t) \equiv 0$  et  $g(0, t) \equiv 0$  dans ce chapitre.

De plus, pour l'équation différentielle stochastique linéaire de dimension  $d$

$$dx(t) = F(t)x(t)dt + \sum_{i=1}^m G_i(t)x(t)dB_i(t),$$

la condition (3.25) est vérifiée si  $F$  et  $G_i$  sont des fonctions matricielles bornées de taille  $d \times d$ . Ainsi, nous obtenons le corollaire suivant.

**Corollaire 3.4.13.** *Soient  $F$  et  $G_i$  des fonctions matricielles bornées de taille  $d \times d$ . Alors, la stabilité exponentielle du  $p$ -ième moment de la solution triviale de l'équation linéaire implique la stabilité exponentielle presque sûre.*

Nous établissons maintenant une condition suffisante pour la stabilité exponentielle du  $p$ -ième moment via une fonction de Lyapunov.

**Théorème 3.4.14.** *Supposons qu'il existe une fonction  $V(x, t) \in \mathcal{C}^{2,1}(\mathbb{R}^d \times [t_0, \infty), \mathbb{R}_+)$  et des constantes positives  $c_1, c_2, c_3$  telles que*

$$c_1|x|^p \leq V(x, t) \leq c_2|x|^p \quad \text{et} \quad \mathcal{L}V(x, t) \leq -c_3V(x, t)$$

*pour tout  $(x, t) \in \mathbb{R}^d \times [t_0, \infty)$ . Alors,*

$$\mathbb{E}|x(t, t_0, x_0)|^p \leq \frac{c_2}{c_1}|x_0|^p e^{-c_3(t-t_0)} \quad \text{pour tout } t \geq t_0,$$

*pour tout  $x_0 \in \mathbb{R}^d$ . En d'autres termes, la solution triviale de l'équation (3.9) est exponentiellement stable au  $p$ -ième moment, et l'exposant de Lyapunov du  $p$ -ième moment est au plus égal à  $-c_3$ .*

De manière similaire, nous pouvons démontrer le théorème suivant, qui fournit une condition suffisante pour l'instabilité exponentielle du  $q$ -ième moment.

**Théorème 3.4.15.** *Soit  $q > 0$ . Supposons qu'il existe une fonction  $V(x, t) \in \mathcal{C}^{2,1}(\mathbb{R}^d \times [t_0, \infty), \mathbb{R}_+)$  et des constantes positives  $c_1, c_2, c_3$  telles que*

$$c_1|x|^q \leq V(x, t) \leq c_2|x|^q \quad \text{et} \quad \mathcal{L}V(x, t) \geq c_3V(x, t),$$

pour tout  $(x, t) \in \mathbb{R}^d \times [t_0, \infty)$ . Alors,

$$\mathbb{E}|x(t, t_0, x_0)|^q \geq \frac{c_1}{c_2} |x_0|^q e^{c_3(t-t_0)} \quad \text{pour tout } t \geq t_0,$$

pour tout  $x_0 \in \mathbb{R}^d$ . Dans ce cas, la solution triviale de l'équation (3.9) est exponentiellement instable au  $q$ -ième moment.

Puisque  $(\mathbb{E}|x(t)|^{\hat{q}})^{1/\hat{q}} \geq (\mathbb{E}|x(t)|^q)^{1/q}$  pour  $\hat{q} > q$ , l'instabilité exponentielle du  $q$ -ième moment implique l'instabilité exponentielle du  $\hat{q}$ -ième moment. Nous utilisons maintenant le théorème 3.4.14 pour déduire un corollaire utile.

**Corollaire 3.4.16.** Supposons qu'il existe une matrice symétrique positive-définie  $d \times d$   $Q$  et des constantes  $\alpha_1, \alpha_2, \alpha_3$  telles que pour tout  $(x, t) \in \mathbb{R}^d \times [t_0, \infty)$

$$x^\top Qf(x, t) + \frac{1}{2} \operatorname{trace}[g^\top(x, t)Qg(x, t)] \leq \alpha_1 x^\top Qx,$$

et

$$\alpha_2 x^\top Qx \leq |x^\top Qg(x, t)| \leq \alpha_3 x^\top Qx.$$

- Si  $\alpha_1 < 0$ , alors la solution triviale de l'équation (3.9) est exponentiellement stable au  $p$ -ième moment à condition que  $p < 2 + 2|\alpha_1|/\alpha_3^2$ .
- Si  $0 \leq \alpha_1 < \alpha_2^2$ , alors la solution triviale de l'équation (3.9) est exponentiellement stable au  $p$ -ième moment à condition que  $p < 2 - 2\alpha_1/\alpha_2^2$ .

De manière similaire, nous pouvons utiliser le théorème 3.4.15 pour établir le résultat suivant sur l'instabilité exponentielle du moment.

**Corollaire 3.4.17.** Supposons qu'il existe une matrice symétrique positive-définie  $d \times d$   $Q$  et des constantes positives  $\beta_1, \beta_2$  telles que pour tout  $(x, t) \in \mathbb{R}^d \times [t_0, \infty)$ ,

$$x^\top Qf(x, t) + \frac{1}{2} \operatorname{trace}[g^\top(x, t)Qg(x, t)] \geq \beta_1 x^\top Qx,$$

et

$$|x^\top Qg(x, t)| \leq \beta_2 x^\top Qx.$$

Alors, la solution triviale de l'équation (3.9) est exponentiellement instable au  $q$ -ième moment à condition que  $q > 0 \vee (2 - 2\beta_1/\beta_2^2)$ .

### 3.4.5 Stabilisation et Déstabilisation Stochastiques

Il n'est pas surprenant que le bruit puisse déstabiliser un système stable. Dans cette sous-section, nous établissons une théorie générale de la stabilisation et de la

déstabilisation stochastiques pour un système non linéaire donné. Supposons que le système donné soit décrit par une équation différentielle ordinaire non linéaire

$$\dot{y}(t) = f(y(t), t) \quad \text{sur } t \geq t_0, \quad y(t_0) = x_0 \in \mathbb{R}^d. \quad (3.26)$$

Ici,  $f: \mathbb{R}^d \times \mathbb{R}_+ \rightarrow \mathbb{R}^d$  est une fonction localement lipschitzienne continue et, en particulier, pour un certain  $K > 0$ ,

$$|f(x, t)| \leq K|x| \quad \text{pour tout } (x, t) \in \mathbb{R}^d \times \mathbb{R}_+. \quad (3.27)$$

Nous utilisons maintenant le mouvement brownien de dimension  $m$ ,  $B(t) = (B_i(t))_{1 \leq i \leq m}^\top$ , comme source de bruit pour perturber le système donné. Par simplicité, supposons que la perturbation stochastique soit de forme linéaire, c'est-à-dire que le système perturbé stochastiquement soit décrit par l'équation semi-linéaire d'Itô

$$dx(t) = f(x(t), t)dt + \sum_{i=1}^m G_i x(t) dB_i(t) \quad \text{sur } t \geq t_0, \quad x(t_0) = x_0 \in \mathbb{R}^d, \quad (3.28)$$

où  $G_i$ ,  $1 \leq i \leq m$ , sont des matrices  $d \times d$ . Il est clair que l'équation (3.28) a une solution unique, également notée  $x(t, t_0, x_0)$ , et admet une solution triviale  $x(t) \equiv 0$ . Nous allons maintenant discuter de la manière dont la perturbation stochastique affecte la stabilité ou l'instabilité du système donné (3.26), et nous verrons que différents choix de  $G_i$  produisent différents effets.

**Théorème 3.4.18.** *Soit (3.27) valide. Supposons qu'il existe deux constantes  $\lambda > 0$  et  $\rho \geq 0$  telles que*

$$\sum_{i=1}^m |G_i x|^2 \leq \lambda |x|^2 \quad \text{et} \quad \sum_{i=1}^m |x^\top G_i x|^2 \geq \rho |x|^4,$$

*pour tout  $x \in \mathbb{R}^d$ . Alors,*

$$\limsup_{t \rightarrow \infty} \frac{1}{t} \log |x(t, t_0, x_0)| \leq -\left(\rho - K - \frac{\lambda}{2}\right) \quad \text{presque sûrement.}$$

*pour tout  $x_0 \in \mathbb{R}^d$ . En particulier, si  $\rho > K + \frac{1}{2}\lambda$ , alors la solution triviale de l'équation (3.28) est exponentiellement stable presque sûrement.*

**Théorème 3.4.19.** *Tout système non linéaire  $\dot{y}(t) = f(y(t), t)$  peut être stabilisé par des mouvements browniens à condition que (3.27) soit satisfait. De plus, on peut même utiliser un mouvement brownien scalaire pour stabiliser le système.*

**Théorème 3.4.20.** Soit (3.27) valide. Supposons qu'il existe deux constantes positives  $\lambda$  et  $\rho$  telles que

$$\sum_{i=1}^m |G_i x|^2 \geq \lambda |x|^2 \quad \text{et} \quad \sum_{i=1}^m |x^\top G_i x|^2 \leq \rho |x|^4$$

pour tout  $x \in \mathbb{R}^d$ . Alors,

$$\liminf_{t \rightarrow \infty} \frac{1}{t} \log |x(t, t_0, x_0)| \geq \left( \frac{\lambda}{2} - K - \rho \right) \quad \text{presque sûrement.}$$

pour tout  $x_0 \neq 0$ . En particulier, si  $\lambda > 2(K + \rho)$ , alors la solution triviale de l'équation (3.28) est exponentiellement instable presque sûrement.

**Théorème 3.4.21.** Tout système non linéaire de dimension  $d$   $\dot{y}(t) = f(y(t), t)$  peut être déstabilisé par des mouvements browniens à condition que  $d \geq 2$  et que (3.27) soit vérifié.

Nous faisons maintenant un pas supplémentaire pour introduire un type de stabilité plus général. Notez que la stabilité exponentielle presque sûre signifie  $|x(t)| \leq \xi e^{-\lambda t}$  presque sûrement, tandis que la stabilité polynomiale presque sûre signifie  $|x(t)| \leq \xi t^{-\lambda}$  presque sûrement. Le remplacement des fonctions  $e^{-\lambda t}$  ou  $t^{-\lambda}$  par une fonction plus générale  $\lambda(t)$  conduit à la définition suivante.

**Définition 3.4.22.** Soit  $\lambda : \mathbb{R}_+ \rightarrow (0, \infty]$  une fonction continue non croissante telle que  $\lambda(t) \rightarrow 0$  lorsque  $t \rightarrow \infty$ . La solution triviale de l'équation (3.28) est dite asymptotiquement stable presque sûrement avec la fonction de taux  $\lambda(t)$  si

$$|x(t, t_0, x_0)| \leq \xi \lambda(t) \quad \text{pour tout } t \geq t_0$$

presque sûrement, où  $\xi$  est une variable aléatoire finie dépendant de  $x_0$  et  $t_0$ .

En raison de limitations d'espace, nous établissons seulement un critère simple pour une telle stabilité.

**Théorème 3.4.23.** Soit  $p > 0$  et  $V(x, t) \in \mathcal{C}^{2,1}(\mathbb{R}^d \times [t_0, \infty), \mathbb{R}_+)$ . Soit  $\gamma : \mathbb{R}_+ \rightarrow \mathbb{R}_+$  une fonction continue non croissante telle que  $\gamma(t) \rightarrow \infty$  lorsque  $t \rightarrow \infty$ . Soit  $\eta : \mathbb{R}_+ \rightarrow \mathbb{R}_+$  une fonction continue telle que  $\int_0^\infty \eta(t) dt < \infty$ . Si

$$\gamma(t)|x|^p \leq V(x, t),$$

et

$$\mathcal{L}V(x, t) \leq \eta(t)$$

pour tout  $(x, t) \in \mathbb{R}^d \times [t_0, \infty)$ , alors la solution triviale de l'équation (3.28) est asymptotiquement stable presque sûrement avec la fonction de taux  $\lambda(t) = (\gamma(t))^{-1/p}$ .

## 3.5 Propriétés Ergodiques des Solutions des Équations Stochastiques

### 3.5.1 Formulation et Préliminaires

#### 3.5.1.1 Diffusion avec Changement de Régime

Rappelons que  $(\Omega, \mathcal{F}, \{\mathcal{F}_t\}_{t \geq 0}, \mathbf{P})$  est un espace de probabilité complet avec une filtration  $\{\mathcal{F}_t\}_{t \geq 0}$  satisfaisant aux conditions usuelles (c'est-à-dire, elle est à droite continue avec  $\mathcal{F}_0$  contenant tous les ensembles de mesure nulle de  $\mathbf{P}$ ). Soit  $x \in \mathbb{R}^r$ ,  $\mathcal{E} = \{1, \dots, m_0\}$ , et  $Q(x) = (q_{ij}(x))$  une matrice  $m_0 \times m_0$  dépendant de  $x$  telle que  $q_{ij}(x) \geq 0$  pour  $i \neq j$  et  $\sum_{j=1}^{m_0} q_{ij}(x) = 0$  pour tout  $x \in \mathbb{R}^r$ . Pour toute fonction deux fois continûment différentiable  $h(\cdot, i)$ , où  $i \in \mathcal{E}$ , on définit l'opérateur  $\mathcal{L}$  par

$$\begin{aligned} \mathcal{L}h(x, i) &= \underbrace{\sum_{j=1}^r b_j(x, i) \frac{\partial h(x, i)}{\partial x_j}}_{\text{dérive}} + \underbrace{\frac{1}{2} \sum_{j,k=1}^r a_{jk}(x, i) \frac{\partial^2 h(x, i)}{\partial x_j \partial x_k}}_{\text{diffusion}} + \underbrace{Q(x)h(x, \cdot)(i)}_{\text{saut}} \\ &= \underbrace{b'(x, i)\nabla h(x, i)}_{\text{dérive}} + \underbrace{\frac{1}{2} \text{tr}(a(x, i)\nabla^2 h(x, i))}_{\text{diffusion}} + \underbrace{Q(x)h(x, \cdot)(i)}, \end{aligned} \quad (3.29)$$

où  $\nabla h(\cdot, i)$  et  $\nabla^2 h(\cdot, i)$  désignent le gradient et l'Hessien de  $h(\cdot, i)$ . Le terme  $b'(x, i)\nabla h(x, i)$  représente le produit scalaire euclidien dans  $\mathbb{R}^r$ , où  $z'$  désigne la transposée d'une matrice quelconque  $z \in \mathbb{R}^{t_1 \times t_2}$  avec  $t_1, t_2 \geq 1$ . De plus,

$$Q(x)h(x, \cdot)(i) = \sum_{j=1}^{m_0} q_{ij}(x)h(x, j) = \sum_{j \in \mathcal{E}} q_{ij}(x)(h(x, j) - h(x, i)), \quad i \in \mathcal{E}. \quad (3.30)$$

Considérons un processus de Markov  $Y(t) = (X(t), \alpha(t))$  dont l'opérateur associé est donné par  $\mathcal{L}$ . Notez que  $Y(t)$  a deux composants : une composante continue de dimension  $r$ ,  $X(t)$ , et une composante discrète  $\alpha(t)$  prenant des valeurs dans  $\mathcal{E} = \{1, \dots, m_0\}$ .

Le processus  $Y(t) = (X(t), \alpha(t))$  peut être décrit par le système d'équations suivant :

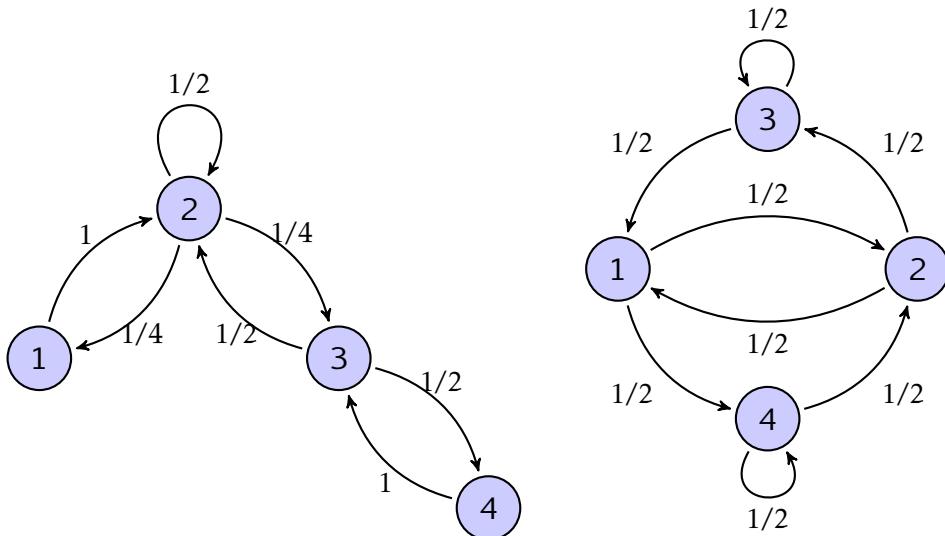
$$\begin{cases} dX(t) = b(X(t), \alpha(t))dt + \sigma(X(t), \alpha(t))dw(t), \\ X(0) = x, \quad \alpha(0) = \alpha, \end{cases} \quad (3.31)$$

et

$$\mathbf{P}\{\alpha(t + \Delta) = j \mid \alpha(t) = i, X(s), \alpha(s), s \leq t\} = q_{ij}(X(t))\Delta + o(\Delta), \quad i \neq j, \quad (3.32)$$

où  $w(t)$  est un mouvement brownien standard de dimension  $d$ ,  $b(\cdot, \cdot) : \mathbb{R}^r \times \mathcal{E} \rightarrow \mathbb{R}^r$ , et  $\sigma(\cdot, \cdot) : \mathbb{R}^r \times \mathcal{E} \rightarrow \mathbb{R}^{r \times d}$  satisfait  $\sigma(x, i)\sigma'(x, i) = a(x, i)$ . Notez que (3.31) décrit la dynamique du système, tandis que (3.32) délimite la structure de probabilité du processus de saut. Si  $\alpha(\cdot)$  est une chaîne de Markov en temps continu indépendante du mouvement brownien  $w(\cdot)$  et que  $Q(x) = Q$  ou  $Q(x) = Q(t)$  (indépendant de  $x$ ), alors (3.31) avec le générateur  $Q$  ou  $Q(t)$  suffit à caractériser le processus sous-jacent. Toutefois, s'il existe une dépendance en  $x$ , (3.32) est nécessaire pour décrire complètement la dynamique de la diffusion avec changement de régime.

Dans cette section, notre étude est menée à l'aide de l'opérateur  $\mathcal{L}$  donné en (3.29). Tout au long du chapitre, nous supposons que pour chaque  $i \in \mathcal{E}$ , à la fois  $b(\cdot, i)$  et  $\sigma(\cdot, i)$  satisfont les conditions usuelles de Lipschitz local et de croissance linéaire, et que  $Q(\cdot)$  est bornée et continue. Comme décrit dans le Théorème 2.1, le système (3.31) et (3.32) a une solution forte unique. Désormais, nous notons la solution de (3.31) et (3.32) par  $(X^{x,\alpha}(t), \alpha^{x,\alpha}(t))$  lorsqu'on fait référence à la dépendance par rapport aux données initiales. Pour étudier la récurrence et l'ergodicité du processus  $Y(t) = (X(t), \alpha(t))$ , nous supposons de plus que la condition suivante (3.5.1) soit satisfaite tout au long du chapitre. Par commodité, nous incluons également la bornitude et la continuité de  $Q(\cdot)$  dans (3.5.1).



**TABLEAU 3.6.** Deux chaînes de Markov irréductibles différentes

**Axiome 3.5.1.** L'opérateur  $\mathcal{L}$  satisfait aux conditions suivantes. Pour chaque  $i \in \mathcal{E}$ , la matrice  $a(x, i) = (a_{jk}(x, i))$  est symétrique et satisfait

$$\kappa_1 |\xi|^2 \leq \xi' a(x, i) \xi \leq \kappa_1^{-1} |\xi|^2, \quad \text{pour tout } \xi \in \mathbb{R}^r, \quad (3.33)$$

avec une constante  $\kappa_1 \in (0, 1]$  pour tout  $x \in \mathbb{R}^r$ . La fonction  $Q(\cdot) : \mathbb{R}^r \rightarrow \mathbb{R}^{m_0 \times m_0}$  est continue et bornée. De plus,  $Q(x)$  est irréductible pour chaque  $x \in \mathbb{R}^r$ .

### 3.5.1.2 Définitions de la Récurrence et de la Récurrence Positive

Cette sous-section présente les définitions de la récurrence, de la récurrence positive et de la récurrence nulle. Tout d'abord, nous introduisons la notation et les conventions suivantes. Pour tout  $D \subset \mathbb{R}^r$ ,  $J \subset \mathcal{E}$ , et  $U = D \times J \subset \mathbb{R}^r \times \mathcal{E}$ , définissons

$$\begin{cases} \tau_U &= \inf\{t \geq 0 \mid (X(t), \alpha(t)) \notin U\}, \\ \sigma_U &= \inf\{t \geq 0 \mid (X(t), \alpha(t)) \in U\}. \end{cases} \quad (3.34)$$

En particulier, si  $U = D \times \mathcal{E}$  est un cylindre, nous posons

$$\begin{cases} \tau_D &= \inf\{t \geq 0 \mid X(t) \notin D\}, \\ \sigma_D &= \inf\{t \geq 0 \mid X(t) \in D\}. \end{cases} \quad (3.35)$$

**Définition 3.5.2** (Récurrence, Récurrence Positive, et Récurrence Nulle). *Les concepts de récurrence, de récurrence positive et de récurrence nulle sont définis comme suit :*

- **Récurrence et Transience.** Pour  $U = D \times J$ , où  $J \subset \mathcal{E}$  et  $D \subset \mathbb{R}^r$  est un ensemble ouvert à clôture compacte, posons

$$\sigma_U^{x, \alpha} = \inf\{t \geq 0 \mid (X^{x, \alpha}(t), \alpha^{x, \alpha}(t)) \in U\}.$$

Un processus régulier  $(X^{x, \alpha}(\cdot), \alpha^{x, \alpha}(\cdot))$  est récurrent par rapport à  $U$  si  $\mathbf{P}\{\sigma_U^{x, \alpha} < \infty\} = 1$  pour tout  $(x, \alpha) \in D^c \times \mathcal{E}$ , où  $D^c$  désigne le complémentaire de  $D$ . Sinon, le processus est transiente par rapport à  $U$ .

- **Récurrence Positive et Récurrence Nulle.** Un processus récurrent  $(X^{x, \alpha}(\cdot), \alpha^{x, \alpha}(\cdot))$  est positivement récurrent par rapport à  $U = D \times J$  (où  $J \subset \mathcal{E}$  et  $D \subset \mathbb{R}^r$  est un ensemble ouvert borné à clôture compacte) si le temps moyen de récurrence  $\mathbf{E}[\sigma_U^{x, \alpha}]$  est fini pour un certain  $(x, \alpha) \in D^c \times \mathcal{E}$ . Si le processus est récurrent mais non positivement récurrent, il est appelé null récurrent par rapport à  $U$ .

### 3.5.1.3 Résultats Préliminaires

Nous commençons par le théorème suivant, qui établit que sous l'**Hypothèse (3.5.1)**, le processus  $Y(t) = (X(t), \alpha(t))$  quitte chaque cylindre borné avec un temps moyen de sortie fini.

**Théorème 3.5.3.** Soit  $D \subset \mathbb{R}^r$  un ensemble ouvert non vide avec une clôture compacte  $\overline{D}$ . Soit  $\tau_D = \inf\{t \geq 0 \mid X(t) \notin D\}$ . Alors

$$\mathbb{E}_{x,i}(\tau_D) < \infty, \quad \text{pour tout } (x, i) \in D \times \mathcal{E}.$$

**Remarque 3.5.4.** Une analyse attentive de la démonstration révèle que la conclusion du Théorème 3.5.3 reste valide sous une condition plus faible que l'ellipticité uniforme (3.33). En particulier, il suffit qu'il existe un  $\iota \in \{1, 2, \dots, r\}$  et une constante positive  $\kappa$  telle que

$$a_{\iota\iota}(x, i) \geq \kappa \quad \text{pour tout } (x, i) \in D \times \mathcal{E}.$$

Nous rappelons maintenant la définition des fonctions  $\mathcal{L}$ -harmoniques. Pour tout  $U = D \times J$ , où  $D \subset \mathbb{R}^r$  est un domaine non vide et  $J \subset \mathcal{E}$ , une fonction mesurable de Borel  $u : U \rightarrow \mathbb{R}$  est dite  $\mathcal{L}$ -harmonique dans  $U$  si

- $u$  est bornée sur les sous-ensembles compacts de  $U$ ;
- Pour tout  $(x, i) \in U$  et tout  $V = \widetilde{D} \times \widetilde{J}$  avec  $\widetilde{D} \subset D$  étant un voisinage de  $x$  et  $i \in \widetilde{J} \subset J$ , nous avons

$$u(x, i) = \mathbb{E}_{x,i}(u(X(\tau_V), \alpha(\tau_V))),$$

où  $\tau_V$  désigne le premier temps de sortie de  $(X(t), \alpha(t))$  du domaine  $V$ , et  $\widetilde{D} \subset D$  signifie que  $\overline{\widetilde{D}} \subset D$  avec  $\overline{\widetilde{D}} = \widetilde{D} \cup \partial\widetilde{D}$  étant compact.

**Lemme 3.5.5.** Pour tout  $U = D \times J \subset \mathbb{R}^r \times \mathcal{E}$ , où  $D \subset \mathbb{R}^r$  est un domaine non vide, les fonctions

$$f(x, i) = \mathbf{P}_{x,i}\{\tau_U < \infty\} \quad \text{et} \quad g(x, i) = \mathbb{E}_{x,i}(\phi(X(\tau_U), \alpha(\tau_U))),$$

sont  $\mathcal{L}$ -harmoniques dans  $U$ , où  $\phi$  est toute fonction mesurable de Borel bornée sur  $\partial D \times \mathcal{E}$ .

En nous appuyant sur les arguments classiques de [102, Vol. II, Chapitre 13], nous établissons les lemmes suivants. (Nous notons que Lemme 3.5.6 a également été prouvé dans [103, Lemme 4.3] et dans [104] pour le cas où  $\mathcal{L}$  est sous forme de divergence.)

**Lemme 3.5.6.** Sous l'Hypothèse (3.5.1), soit  $U = D \times \mathcal{E} \subset \mathbb{R}^r \times \mathcal{E}$  et  $f : U \rightarrow \mathbb{R}$ , où  $D \subset \mathbb{R}^r$  est un domaine non vide. Alors

$$\mathcal{L}f(x, i) = 0 \quad \text{pour tout } (x, i) \in U, \tag{3.36}$$

si et seulement si  $f$  est  $\mathcal{L}$ -harmonique dans  $U$ . De plus, si  $\partial D$  est suffisamment lisse,  $\overline{D}$

est compact, et  $\varphi(\cdot, i)$  est continue sur  $\partial D$  pour chaque  $i \in \mathcal{E}$ , alors

$$u(x, i) = \mathbb{E}_{x,i} (\varphi(X(\tau_U), \alpha(\tau_U))),$$

est la solution unique de (3.36) avec la condition aux limites

$$\lim_{\substack{x \rightarrow x_0 \\ x \in D}} u(x, i) = \varphi(x_0, i) \quad \text{pour tout } (x_0, i) \in \partial D \times \mathcal{E}.$$

En utilisant des techniques similaires, nous obtenons le résultat suivant.

**Lemme 3.5.7.** Soit  $U = D \times \mathcal{E} \subset \mathbb{R}^r \times \mathcal{E}$ , où  $D \subset \mathbb{R}^r$  est un ensemble ouvert non vide avec une clôture compacte. Supposons que  $g(\cdot, i) \in C_b(D)$  et  $f : D \times \mathcal{E} \rightarrow \mathbb{R}$ . Alors  $f$  résout le problème de valeur aux limites

$$\begin{cases} \mathcal{L}f(x, i) = -g(x, i), & (x, i) \in D \times \mathcal{E}, \\ f(x, i) = 0, & (x, i) \in \partial D \times \mathcal{E}, \end{cases}$$

si et seulement si

$$f(x, i) = \mathbb{E}_{x,i} \left( \int_0^{\tau_D} g(X(t), \alpha(t)) dt \right), \quad \text{pour tout } (x, i) \in D \times \mathcal{E}.$$

En utilisant les Lemmes 3.5.6 et 3.5.7, nous établissons que si le processus  $Y(t) = (X(t), \alpha(t))$  est récurrent (respectivement, positivement récurrent) par rapport à un cylindre  $D \times \mathcal{E} \subset \mathbb{R}^r \times \mathcal{E}$ , alors il est récurrent (respectivement, positivement récurrent) par rapport à tout cylindre  $E \times \mathcal{E} \subset \mathbb{R}^r \times \mathcal{E}$ , où  $D$  est un domaine non vide arbitraire dans  $\mathbb{R}^r$  avec une clôture compacte. Ces résultats sont formalisés dans les lemmes suivants.

**Lemme 3.5.8.** Soit  $D \subset \mathbb{R}^r$  un ensemble ouvert non vide avec une clôture compacte. Si

$$\mathbf{P}_{x,i}\{\sigma_D < \infty\} = 1 \quad \text{pour tout } (x, i) \in D^c \times \mathcal{E},$$

alors pour tout ensemble ouvert non vide  $E \subset \mathbb{R}^r$ ,

$$\mathbf{P}_{x,i}\{\sigma_E < \infty\} = 1 \quad \text{pour tout } (x, i) \in E^c \times \mathcal{E}.$$

**Lemme 3.5.9.** Soit  $D \subset \mathbb{R}^r$  un ensemble ouvert non vide avec une clôture compacte. Si

$$\mathbb{E}_{x,i}(\sigma_D) < \infty \quad \text{pour tout } (x, i) \in D^c \times \mathcal{E},$$

alors pour tout ensemble ouvert non vide  $E \subset \mathbb{R}^r$ ,

$$\mathbb{E}_{x,i}(\sigma_E) < \infty \quad \text{pour tout } (x, i) \in E^c \times \mathcal{E}.$$

Le lemme suivant montre que si le processus  $Y(t) = (X(t), \alpha(t))$  atteint le cylindre  $D \times \mathcal{E}$  en un temps fini presque sûrement sous  $\mathbf{P}_{x,i}$ , alors il visitera l'ensemble  $D \times \{\ell\}$  en un temps fini presque sûrement sous  $\mathbf{P}_{x,i}$  pour tout  $\ell \in \mathcal{E}$ .

**Lemme 3.5.10.** *Soit  $D \subset \mathbb{R}^r$  un ensemble ouvert non vide avec une clôture compacte satisfaisant*

$$\mathbf{P}_{y,j}\{\sigma_D < \infty\} = 1 \quad \text{pour tout } (y, j) \in D^c \times \mathcal{E}.$$

*Alors pour tout  $(x, i) \in \mathbb{R}^r \times \mathcal{E}$ ,*

$$\mathbf{P}_{x,i}\{\sigma_{D \times \{\ell\}} < \infty\} = 1 \quad \text{pour tout } \ell \in \mathcal{E}.$$

En nous appuyant sur le **Lemme 3.5.10**, nous prouvons maintenant que si  $Y(t) = (X(t), \alpha(t))$  est positivement récurrent par rapport à un cylindre  $D \times \mathcal{E}$ , alors il est positivement récurrent par rapport à  $D \times \{\ell\} \subset \mathbb{R}^r \times \mathcal{E}$ .

**Lemme 3.5.11.** *Soit  $D \subset \mathbb{R}^r$  un ensemble ouvert non vide avec une clôture compacte satisfaisant*

$$\mathbb{E}_{y,j}(\sigma_D) < \infty \quad \text{pour tout } (y, j) \in D^c \times \mathcal{E}.$$

*Alors pour tout  $(x, i) \in \mathbb{R}^r \times \mathcal{E}$ ,*

$$\mathbb{E}_{x,i}(\sigma_{D \times \{\ell\}}) < \infty \quad \text{pour tout } \ell \in \mathcal{E}.$$

**Remarque 3.5.12.** *En vertu des Lemmes 3.5.8 et 3.5.11, sous l'Hypothèse (3.5.1), le processus  $Y(t) = (X(t), \alpha(t))$  est récurrent (respectivement, positivement récurrent) par rapport à un cylindre  $D \times \mathcal{E}$  si et seulement si il est récurrent (respectivement, positivement récurrent) par rapport à  $D \times \{\ell\} \subset \mathbb{R}^r \times \mathcal{E}$  pour tout  $\ell \in \mathcal{E}$ . De plus, ces propriétés sont indépendantes du choix de  $D$ . Nous résumons ces résultats dans le théorème suivant.*

**Théorème 3.5.13.** *Sous l'Hypothèse (3.5.1), les affirmations suivantes sont vraies :*

- *Le processus  $(X(t), \alpha(t))$  est récurrent (respectivement, positivement récurrent) par rapport à  $D \times \mathcal{E}$  si et seulement si il est récurrent (respectivement, positivement récurrent) par rapport à  $D \times \{\ell\}$ , où  $D \subset \mathbb{R}^r$  est un ensemble ouvert non vide avec une clôture compacte et  $\ell \in \mathcal{E}$ .*
- *Si  $(X(t), \alpha(t))$  est récurrent (respectivement, positivement récurrent) par rapport à un  $U = D \times \mathcal{E}$ , où  $D \subset \mathbb{R}^r$  est un ensemble ouvert non vide avec une clôture compacte, alors il est récurrent (respectivement, positivement récurrent) par rapport à tout  $\widetilde{U} = \widetilde{D} \times \mathcal{E}$ , où  $\widetilde{D} \subset \mathbb{R}^r$  est un ensemble ouvert non vide arbitraire.*

**Remarque 3.5.14.** À la lumière du **Théorème 3.5.13**, nous faisons les observations suivantes :

- La récurrence est indépendante de la région choisie ; par conséquent, un processus  $(X(t), \alpha(t))$  avec générateur  $\mathcal{L}$  satisfaisant (3.5.1) est appelé récurrent s'il est récurrent par rapport à un  $U = D \times \{\ell\}$ , où  $D \subset \mathbb{R}^r$  est un ensemble ouvert borné non vide et  $\ell \in \mathcal{E}$  ; sinon, il est appelé transitoire.
- Un processus récurrent  $(X(t), \alpha(t))$  est appelé positivement récurrent s'il est positivement récurrent par rapport à un domaine borné  $U = D \times \{\ell\} \subset \mathbb{R}^r \times \mathcal{E}$  ; sinon, il est appelé null récurrent.

## 3.5.2 Récurrence et Transience

### 3.5.2.1 Récurrence

Pour analyser les propriétés de récurrence du processus  $(X(t), \alpha(t))$ , nous établissons d'abord un critère basé sur l'existence de **fonctions de Lyapunov**.

**Théorème 3.5.15.** Supposons qu'il existe un ensemble ouvert borné non vide  $D \subset \mathbb{R}^r$  et une fonction  $V(\cdot, \cdot) : D^c \times \mathcal{E} \rightarrow \mathbb{R}^+$  satisfaisant

$$V_n = \inf_{|x| \geq n, i \in \mathcal{E}} V(x, i) \rightarrow \infty \quad \text{lorsque } n \rightarrow \infty,$$

$$\mathcal{L}V(x, i) \leq 0 \quad \text{pour tout } (x, i) \in D^c \times \mathcal{E},$$

où  $\mathcal{L}$  désigne le générateur du processus. Alors le processus  $(X(t), \alpha(t))$  est récurrent.

Bien que le **Théorème 3.5.15** fournit un cadre général, la construction des fonctions de Lyapunov peut être difficile. Le théorème suivant offre des conditions plus concrètes sur les coefficients du processus.

**Théorème 3.5.16.** Le processus  $(X(t), \alpha(t))$  est récurrent si l'une des conditions suivantes est remplie :

- Il existe des constantes  $\gamma > 0$  et  $c_i \in \mathbb{R}$  pour  $i \in \mathcal{E}$  telles que pour tout  $(x, i) \in \{x \in \mathbb{R}^r \mid |x| \geq 1\} \times \mathcal{E}$ ,

$$\frac{x'b(x, i)}{|x|^2} + \frac{\text{tr}(a(x, i))}{2|x|^2} + (\gamma - 2)\frac{x'a(x, i)x}{2|x|^4} - \frac{1}{k - \gamma c_i} \sum_{j=1}^{m_0} q_{ij}(x)c_j \leq 0,$$

où  $k > 0$  est suffisamment grand pour garantir que  $k - \gamma c_i > 0$  pour chaque  $i \in \mathcal{E}$ .

- Il existe  $\gamma > 0$  et des matrices symétriques définies positives  $P_i$  pour  $i \in \mathcal{E}$  telles que pour tout  $(x, i) \in \{x \in \mathbb{R}^r \mid |x| \geq 1\} \times \mathcal{E}$ ,

$$\frac{x'P_i b(x, i)}{x'P_i x} + \frac{\text{tr}(\sigma'(x, i)P_i\sigma(x, i))}{2x'P_i x} + (\gamma - 2)\frac{|\sigma(x, i)'P_i x|^2}{|x'P_i x|^2} + \sum_{j=1}^{m_0} q_{ij}(x) \frac{|x'P_j x|^{\gamma/2}}{|x'P_i x|^{\gamma/2}} \leq 0.$$

**Lemme 3.5.17.** Si pour un  $(x_0, \ell) \in \mathbb{R}^r \times \mathcal{E}$ , pour chaque  $\varepsilon > 0$ ,

$$\mathbf{P}_{x_0, \ell}\{(X(t_n), \alpha(t_n)) \in B(x_0, \varepsilon) \times \{\ell\} \text{ pour une séquence } t_n \uparrow \infty\} = 1, \quad (3.37)$$

alors pour tout  $U = D \times \{j\} \subset \mathbb{R}^r \times \mathcal{E}$  avec  $D \subset \mathbb{R}^r$  borné et  $j \in \mathcal{E}$ ,

$$\mathbf{P}_{x_0, \ell}\{\sigma_U < \infty\} = 1,$$

où  $\sigma_U$  désigne le premier temps de passage dans  $U$ . En particulier, si (3.37) est vrai pour tout  $(x, i) \in \mathbb{R}^r \times \mathcal{E}$ , alors  $(X(t), \alpha(t))$  est récurrent.

**Lemme 3.5.18.** Si  $(X(t), \alpha(t))$  est récurrent, alors pour chaque  $(x, i) \in \mathbb{R}^r \times \mathcal{E}$  et  $\varepsilon > 0$ ,

$$\mathbf{P}_{x, i}\{(X(t_n), \alpha(t_n)) \in B(x, \varepsilon) \times \{i\} \text{ pour une séquence } t_n \uparrow \infty\} = 1.$$

En combinant les Lemmes 3.5.17 et 3.5.18, nous obtenons le résultat suivant.

**Théorème 3.5.19.** Le processus  $(X(t), \alpha(t))$  est récurrent si et seulement si chaque  $(x, i) \in \mathbb{R}^r \times \mathcal{E}$  est récurrent, c'est-à-dire que pour tout  $\varepsilon > 0$ ,

$$\mathbf{P}_{x, i}\{(X(t_n), \alpha(t_n)) \in B(x, \varepsilon) \times \{i\} \text{ pour une séquence } t_n \uparrow \infty\} = 1.$$

Le Théorème 3.5.19 conduit à un critère de récurrence en termes de temps moyen de séjour, inspiré de [105]. Pour tout  $U = D \times J \subset \mathbb{R}^r \times \mathcal{E}$  et  $\lambda \geq 0$ , définissons

$$R_\lambda(x, i, U) = \mathbb{E}_{x, i}\left[\int_0^\infty e^{-\lambda t} \mathbb{1}_U(X(t), \alpha(t)) dt\right],$$

où  $R_0(x, i, U)$  représente le temps moyen de séjour dans  $U$ .

**Proposition 3.5.20.** Sous (3.5.1), si pour un  $(x_0, \ell) \in \mathbb{R}^r \times \mathcal{E}$  et tout  $\rho > 0$ ,

$$R_0(x_0, \ell, B(x_0, \rho) \times \{\ell\}) = \infty, \quad (3.38)$$

alors  $(x_0, \ell)$  est récurrent. De plus, si (3.38) est vrai pour tout  $(x, i) \in \mathbb{R}^r \times \mathcal{E}$ , alors  $(X(t), \alpha(t))$  est récurrent.

### 3.5.2.2 Transience

Nous établissons que le processus  $(X(t), \alpha(t))$  est transitoire si et seulement si la norme de sa composante continue satisfait  $|X(t)| \rightarrow \infty$  presque sûrement lorsque  $t \rightarrow \infty$ . Nous présentons deux critères pour la transience : l'un en termes de temps moyen de séjour et l'autre utilisant des **fonctions de Lyapunov**. Pour les systèmes avec des coefficients linéarisables, nous fournissons des conditions vérifiables pour la transience.

**Théorème 3.5.21.** *Le processus  $(X(t), \alpha(t))$  est transitoire si et seulement si*

$$\lim_{t \rightarrow \infty} |X(t)| = \infty \quad p.s. \quad \mathbf{P}_{x,\alpha} \text{ pour tout } (x, \alpha) \in \mathbb{R}^r \times \mathcal{E},$$

où  $\mathbf{P}_{x,\alpha}$  désigne la mesure de probabilité conditionnée sur  $(X(0), \alpha(0)) = (x, \alpha)$ .

La démonstration du **Théorème 3.5.21** suit l'approche de [106]. Nous présentons maintenant un critère de transience sous des conditions de régularité spécifiques.

**Proposition 3.5.22.** *Supposons que les conditions suivantes soient vérifiées :*

- Pour chaque  $i \in \mathcal{E}$ , les coefficients  $b(\cdot, i)$ ,  $\sigma(\cdot, i)$ , et  $Q(\cdot)$  sont **continus de Hölder** avec un exposant  $\gamma \in (0, 1]$ .
- $Q(x)$  est **irréductible** pour tout  $x \in \mathbb{R}^r$ .
- Pour chaque  $i \in \mathcal{E}$ , la matrice  $a(x, i) = \sigma(x, i)\sigma'(x, i)$  satisfait

$$\langle a(x, i)\xi, \xi \rangle \geq \kappa|\xi|^2 \quad \text{pour tout } \xi \in \mathbb{R}^r,$$

avec une constante  $\kappa > 0$  indépendante de  $x$ .

*Si pour un  $U = D \times J \subset \mathbb{R}^r \times \mathcal{E}$  contenant  $(x_0, \ell)$ , où  $D$  est borné et ouvert,  $R_0(x_0, \ell, U) < \infty$ , alors  $(X(t), \alpha(t))$  est transitoire.*

**Remarque 3.5.23.** *En combinant les **Propositions 3.5.20 et 3.5.22**, nous concluons que  $(X(t), \alpha(t))$  est récurrent si et seulement si pour chaque  $(x, i) \in \mathbb{R}^r \times \mathcal{E}$  et  $\rho > 0$ ,*

$$R_0(x, i, B(x, \rho) \times \{i\}) = \infty.$$

Nous établissons maintenant une condition suffisante pour la transience en utilisant des fonctions de Lyapunov.

**Théorème 3.5.24.** *Supposons qu'il existe un domaine borné  $D \subset \mathbb{R}^r$  et une fonction  $V : D^c \times \mathcal{E} \rightarrow \mathbb{R}$  satisfaisant*

- $\sup_{(x,i) \in \partial D \times \mathcal{E}} V(x, i) \leq 0$ ,
- $\mathcal{L}V(x, i) \geq 0$  pour tout  $(x, i) \in D^c \times \mathcal{E}$ ,
- $\sup_{(x,i) \in D^c \times \mathcal{E}} V(x, i) \leq M < \infty$ ,
- $V(y, \ell) > 0$  pour certains  $(y, \ell) \in D^c \times \mathcal{E}$ ,

où  $\mathcal{L}$  est le générateur du processus. Alors le processus  $(X(t), \alpha(t))$  est transitoire ou non régulier.

Pour les systèmes linéarisables, nous introduisons une hypothèse supplémentaire.

**Axiome 3.5.25.** Pour chaque  $i \in \mathcal{E}$ , il existe des matrices  $b(i), \sigma_j(i) \in \mathbb{R}^{r \times r}$  ( $j = 1, \dots, d$ ) et une matrice génératrice irréductible  $\widehat{Q} = (\widehat{q}_{ij})$  telles que lorsque  $|x| \rightarrow \infty$

$$\begin{aligned}\frac{b(x, i)}{|x|} &= b(i) \frac{x}{|x|} + o(1), \\ \frac{\sigma(x, i)}{|x|} &= \sum_{j=1}^d \sigma_j(i) \frac{x}{|x|} + o(1), \\ Q(x) &= \widehat{Q} + o(1),\end{aligned}$$

où  $o(1) \rightarrow 0$  uniformément. La chaîne de Markov  $\widehat{\alpha}(t)$  avec générateur  $\widehat{Q}$  possède une distribution stationnaire  $\pi = (\pi_1, \dots, \pi_{m_0})$ .

Sous ces conditions, nous obtenons un critère vérifiable pour la transience.

**Théorème 3.5.26.** Supposons (3.5.1) et (3.5.25). Si pour chaque  $i \in \mathcal{E}$ ,

$$\lambda_{\min} \left( b(i) + b'(i) + \sum_{j=1}^d \sigma_j(i) \sigma'_j(i) \right) - \frac{1}{2} \sum_{j=1}^d [\rho(\sigma_j(i) + \sigma'_j(i))]^2 > 0,$$

où  $\lambda_{\min}(\cdot)$  désigne la plus petite valeur propre et  $\rho(\cdot)$  est le rayon spectral, alors  $(X(t), \alpha(t))$  est transitoire.

### 3.5.3 Récurrence positive et nullité de la récurrence

Cette section examine la récurrence positive en utilisant les méthodes des **fonctions de Lyapunov**. Rappelons que le processus  $Y(t) = (X(t), \alpha(t))$  est récurrent (respectivement, positivement récurrent) par rapport à un cylindre  $D \times \mathcal{E}$  si et seulement si il est récurrent (respectivement, positivement récurrent) par rapport à  $D \times \{\ell\}$ , où  $D \subset \mathbb{R}^r$  est un ensemble ouvert non vide à clôture compacte et  $\ell \in \mathcal{E}$ . Ces propriétés sont indépendantes du choix de  $D$  ou de  $\ell$ .

#### 3.5.3.1 Critères généraux pour la récurrence positive

**Théorème 3.5.27.** Les conditions suivantes sont équivalentes pour la récurrence positive par rapport à  $U = D \times \{\ell\} \subset \mathbb{R}^r \times \mathcal{E}$ :

- Pour chaque  $i \in \mathcal{E}$ , il existe une fonction non négative deux fois continûment différentiable  $V(\cdot, i) : D^c \rightarrow \mathbb{R}$  satisfaisant

$$\mathcal{L}V(x, i) = -1, \quad (x, i) \in D^c \times \mathcal{E},$$

où  $\mathcal{L}$  est le générateur du processus.

- Le temps de passage  $u(x, i) = \mathbb{E}_{x,i}(\sigma_D)$  est la solution positive minimale de

$$\begin{cases} \mathcal{L}u(x, i) = -1, & (x, i) \in D^c \times \mathcal{E}, \\ u(x, i) = 0, & (x, i) \in \partial D \times \mathcal{E}, \end{cases}$$

où  $\partial D$  désigne la frontière de  $D$ .

**Théorème 3.5.28.** Une condition nécessaire et suffisante pour la récurrence positive par rapport à  $U = D \times \{\ell\} \subset \mathbb{R}^r \times \mathcal{E}$  est l'existence de fonctions non négatives deux fois continûment différentiables  $V(\cdot, i) : D^c \rightarrow \mathbb{R}$  ( $i \in \mathcal{E}$ ) et d'une constante  $\gamma > 0$  telles que

$$\mathcal{L}V(x, i) \leq -\gamma, \quad (x, i) \in D^c \times \mathcal{E}.$$

### 3.5.3.2 Excursions de trajectoires

Les critères de récurrence positive permettent d'analyser les excursions de trajectoires. Soit  $Y(t) = (X(t), \alpha(t))$  un processus positivement récurrent avec des fonctions de Lyapunov  $V(x, i)$  provenant du **Théorème 3.5.28** et l'ensemble associé  $D$ . Pour tout ensemble ouvert borné  $D_0$  avec  $\overline{D} \subset D_0$ , définissons

- $\tau_1 = \inf\{t > 0 \mid X(t) \notin D_0\}$  (**premier temps de sortie**).
- $\sigma_1 = \inf\{t > \tau_1 \mid X(t) \in D_0\}$  (**premier temps de retour**).

Nous obtenons les estimations suivantes :

$$\begin{aligned} \mathbf{P}\left(\sup_{\tau_1 \leq t \leq \sigma_1} V(X(t), \alpha(t)) \geq \gamma\right) &\leq \frac{\mathbb{E}[V(X(\tau_1), \alpha(\tau_1))]}{\gamma}, \\ \mathbb{E}(\sigma_1 - \tau_1) &\leq \frac{\mathbb{E}[V(X(\tau_1), \alpha(\tau_1))]}{\gamma}, \end{aligned}$$

où  $\gamma$  provient du **Théorème 3.5.28**. Pour  $k \geq 1$ , définissons récursivement

$$\begin{aligned} \tau_{k+1} &= \inf\{t > \sigma_k \mid X(t) \notin D_0\}, \\ \sigma_{k+1} &= \inf\{t \geq \tau_{k+1} \mid X(t) \in D_0\}. \end{aligned}$$

Cela donne des estimations pour  $\mathbb{E}(\sigma_{k+1} - \tau_{k+1})$ , caractérisant la durée attendue de la  $(k+1)$ -ème excursion.

### 3.5.3.3 Récurrence positive sous linéarisation

Cette sous-section examine la récurrence positive pour les diffusions à changement de régime avec des composants continus linéarisables. Les systèmes linéaires sont particulièrement importants dans les applications en raison de leur simplicité.

En nous appuyant sur le **Théorème 3.5.29**, nous établissons des conditions de récurrence positive pour les systèmes qui satisfont à l'hypothèse de linéarisation (3.5.25).

**Théorème 3.5.29.** *Sous les hypothèses (3.5.1) et (3.5.25), si*

$$\sum_{i=1}^{m_0} \pi_i \lambda_{\max} \left( b(i) + b'(i) + \sum_{j=1}^d \sigma_j(i) \sigma'_j(i) \right) < 0,$$

où  $\lambda_{\max}(\cdot)$  désigne la plus grande valeur propre, alors  $(X(t), \alpha(t))$  est positivement récurrent.

**Corollaire 3.5.30.** *Pour un  $X(t)$  unidimensionnel avec un comportement asymptotique*

$$\begin{aligned} \frac{b(x, i)}{|x|} &= b_i \frac{x}{|x|} + o(1), \\ \frac{\sigma(x, i)}{|x|} &= \sigma_i \frac{x}{|x|} + o(1), \end{aligned}$$

où  $b_i, \sigma_i$  sont des constantes, si

$$\sum_{i=1}^{m_0} \pi_i \left( b_i - \frac{\sigma_i^2}{2} \right) < 0,$$

alors  $(X(t), \alpha(t))$  est positivement récurrent.

**Théorème 3.5.31.** *Supposons qu'il existe un domaine borné  $D$  et des fonctions  $V, W : D^c \times \mathcal{E} \rightarrow \mathbb{R}$  satisfaisant*

- $V(x, i) \geq 0$  et  $0 \leq \mathcal{L}V(x, i) \leq k$  pour tout  $(x, i) \in D^c \times \mathcal{E}$
- $W(x, i) \leq 0$  sur  $\partial D \times \mathcal{E}$  et  $\mathcal{L}W(x, i) \geq 0$  sur  $D^c \times \mathcal{E}$
- Pour les domaines  $E_n \supset D$  avec  $\Gamma_n = \partial E_n$

$$\frac{\inf_{\Gamma_n \times \mathcal{E}} V(x, i)}{\sup_{\Gamma_n \times \mathcal{E}} W(x, i)} = R_n \rightarrow \infty \text{ quand } n \rightarrow \infty$$

*Si  $W(x, \alpha) > 0$  pour un  $(x, \alpha) \in D^c \times \mathcal{E}$ , alors  $(X(t), \alpha(t))$  n'est pas positivement récurrent, et  $\mathbb{E}_{x, \alpha}[\sigma_D] = \infty$  pour tous tels  $(x, \alpha)$ .*

### 3.5.3.4 Récurrence nulle

La **récurrence nulle** présente des défis analytiques plus importants. Nous considérons un cas particulier de diffusions sans dérive :

**Théorème 3.5.32.** *Pour la diffusion à changement de régime*

$$\begin{cases} dX(t) = \sigma(X(t), \alpha(t))dw(t), \\ \mathbf{P}\{\alpha(t + \Delta) = j | \alpha(t) = i, \mathcal{F}_t\} = q_{ij}(X(t))\Delta + o(\Delta), \end{cases} \quad (3.39)$$

si pour certains  $0 \leq \beta \leq 1$  et  $k_1, k_2 > 0$

$$\sigma^2(x, i) \leq k_1|x|^{1-\beta} \quad \forall (x, i) \in \{|x| \geq k_2\} \times \mathcal{E},$$

alors  $(X(t), \alpha(t))$  est nullement récurrent.

### 3.5.4 Ergodicité

#### 3.5.4.1 Introduction

Cette section étudie les propriétés ergodiques des processus de diffusion à changement de régime . De nombreux problèmes de contrôle et d'optimisation nécessitent la minimisation des coûts moyens à long terme, ce qui rend l'analyse ergodique cruciale. Lorsque les systèmes possèdent des propriétés ergodiques, les mesures dépendant du temps peuvent être remplacées par des mesures stationnaires pour des horizons temporels longs. Nous établissons des conditions pour l'ergodicité et caractérisons les mesures ergodiques par la décomposition en cycles et les chaînes de Markov induites .

Pour des informations générales sur les problèmes de contrôle ergodique dans les processus de diffusion, consultez [107, 108]. Notre approche se concentre sur les systèmes positivement récurrents et leurs distributions stationnaires.

#### 3.5.4.2 Propriétés ergodiques

Considérons le processus  $Y(t) = (X(t), \alpha(t))$  comme étant positif et récurrent par rapport à  $U = E \times \{\ell\}$ , où  $E \subset \mathbb{R}^r$  a une frontière lisse et  $\ell \in \mathcal{E}$ . Sous l'hypothèse (3.5.1), le **Théorème 3.5.19** garantit la récurrence positive pour tous les ensembles ouverts non vides.

Soit  $D \supset \bar{E}$  un domaine borné avec une frontière lisse. Définissons les temps d'arrêt

- $\varsigma_{2n+1} = \inf\{t > \varsigma_{2n} \mid Y(t) \in \partial E \times \{\ell\}\}$  (**temps d'entrée**).
- $\varsigma_{2n+2} = \inf\{t > \varsigma_{2n+1} \mid Y(t) \in \partial D \times \{\ell\}\}$  (**temps de sortie**).

Le chemin échantillon est décomposé en cycles  $[\varsigma_{2n}, \varsigma_{2n+2})$ . La récurrence positive garantit que tous les  $\varsigma_n$  sont finis p.s. En supposant que  $Y(0) = (x, \ell) \in \partial D \times \{\ell\}$ ,

la séquence  $\{Y_n\}_{n \geq 0}$  avec  $Y_n = Y(\zeta_{2n})$  forme une **chaîne de Markov** sur  $\partial D \times \{\ell\}$ . Définissons les probabilités de transition

$$\widetilde{P}(x, A) = P_{(x, \ell)}(Y_1 \in A \times \{\ell\}), \quad A \in \mathcal{B}(\partial D),$$

où  $\mathcal{B}(\partial D)$  désigne la  **$\sigma$ -algèbre de Borel**.

Pour toute fonction mesurable  $f : \mathbb{R}^r \rightarrow \mathbb{R}$ , on définit

$$\mathbb{E}_x[f(X_1)] = \int_{\partial D} f(y) \widetilde{P}(x, dy).$$

**Lemme 3.5.33.** *La chaîne de Markov  $\{Y_n\}$  possède une unique distribution stationnaire  $m(\cdot)$  satisfaisant*

$$|\widetilde{P}^{(n)}(x, A) - m(A)| \leq C \lambda^n \quad \forall A \in \mathcal{B}(\partial D),$$

pour certains  $C > 0$  et  $\lambda \in (0, 1)$ , où  $\widetilde{P}^{(n)}$  désigne la probabilité de transition à  $n$  étapes.

**Théorème 3.5.34.** *Le processus  $Y(t)$  a une unique distribution stationnaire  $\nu = (\nu(\cdot, i))_{i \in \mathcal{E}}$ .*

**Théorème 3.5.35.** *Soit  $\mu(\cdot, \cdot)$  la densité stationnaire de  $\nu$ , et soit  $f : \mathbb{R}^r \times \mathcal{E} \rightarrow \mathbb{R}$  mesurable avec*

$$\sum_{i=1}^{m_0} \int_{\mathbb{R}^r} |f(x, i)| \mu(x, i) dx < \infty.$$

Alors pour tout  $(x, i) \in \mathbb{R}^r \times \mathcal{E}$ ,

$$P_{x, i} \left( \lim_{T \rightarrow \infty} \frac{1}{T} \int_0^T f(X(t), \alpha(t)) dt = \bar{f} \right) = 1,$$

où  $\bar{f} = \sum_{i=1}^{m_0} \int_{\mathbb{R}^r} f(x, i) \mu(x, i) dx$ .

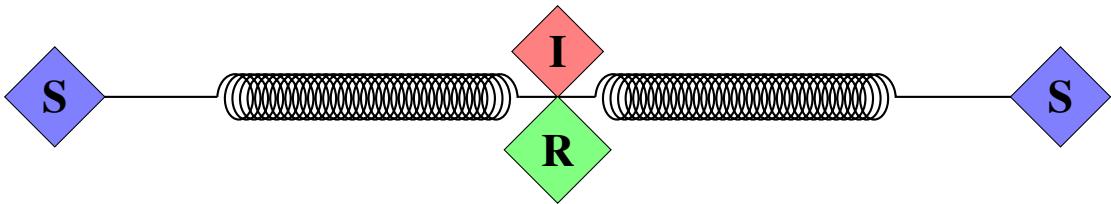
**Corollaire 3.5.36.** *Pour le problème de Cauchy*

$$\begin{cases} \frac{\partial u}{\partial t} = \mathcal{L}u, & t > 0, (x, i) \in \mathbb{R}^r \times \mathcal{E}, \\ u(0, x, i) = f(x, i), & f(\cdot, i) \in C_b(\mathbb{R}^r), \end{cases}$$

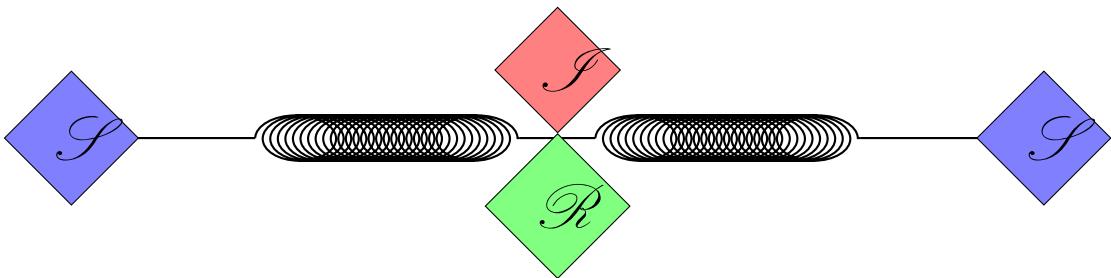
où  $C_b(\mathbb{R}^r)$  désigne l'espace des fonctions continues bornées, nous avons

$$\frac{1}{T} \int_0^T u(t, x, i) dt \rightarrow \bar{f} \quad \text{quand } T \rightarrow \infty.$$

## Deuxième Partie



*L*ES CHAPITRES SUIVANTS PRÉSENTENT NOTRE TRAVAIL, QUI PEUT PRÉSENTER DE LÉGÈRES DIFFÉRENCES AVEC LES VERSIONS PUBLIÉES OU SOUMISES À PUBLICATION. CERTAINES FIGURES ONT ÉTÉ REPOSITIONNÉES, MAIS NOUS AVONS CHOISI DE CONSERVER LES RAPPELS SUR L'ÉPIDÉMIOLOGIE ET LES SYSTÈMES DYNAMIQUES AFIN QUE CHAQUE CHAPITRE PUISSE ÊTRE LU INDÉPENDAMMENT. LA NOTATION RESTE GLOBALEMENT COHÉRENTE, BIEN QUE NOUS SOYONS ACCORDÉ CERTAINES LIBERTÉS POUR AMÉLIORER LA LISIBILITÉ ET LA COMPRÉHENSION.



# Étude de l'impact des perturbations par sauts sur la dynamique stochastique SIRS

## Résumé

Cette étude développe un cadre stochastique complet pour examiner l'impact des perturbations de Lévy sur la dynamique du modèle SIRS. Initialement, nous établissons l'existence et l'unicité de la solution, garantissant ainsi une base solide pour notre analyse. Nous identifions les conditions critiques pour la persistance de la maladie, essentielles pour évaluer l'applicabilité du modèle dans des scénarios réels. De plus, nous déterminons les critères d'extinction de la maladie. Pour étayer nos résultats théoriques, nous avons réalisé des simulations numériques approfondies.

## Mots-clés

Modèle SIRS stochastique, sauts de Lévy, persistance, extinction, fonction de Lyapunov, seuil.

## 4.1 Introduction

Au début du XX<sup>e</sup> siècle, l'épidémiologie a connu une transformation significative, portée par les contributions marquantes d'éminents scientifiques tels qu'Anderson Gray McKendrick et William Ogilvy Kermack. Leur travail pionnier a introduit le concept de modélisation mathématique, qui est depuis devenu un outil indispensable dans ce domaine. Cette approche mathématique a profondément influencé la gestion des épidémies, jouant un rôle clé dans l'orientation des interventions de santé publique fondées sur des preuves.

L'épidémiologie a considérablement évolué grâce à des médecins remarquables tels que Quinto Tiberio Angelerio, qui a fait preuve d'une compétence exceptionnelle dans la gestion de l'épidémie de peste à Alghero, en Sardaigne, en 1582. Cependant, l'émergence de l'épidémiologie moderne en tant que discipline scientifique formelle s'est produite au XIX<sup>e</sup> siècle. Souvent qualifié de « père de l'épidémiologie moderne », John Snow a réalisé une percée significative en retracant méticuleusement une épidémie dévastatrice de choléra à Londres jusqu'à la contamination de l'eau par la pompe de Broad Street. Cette enquête novatrice a marqué un moment charnière qui a jeté les bases de l'épidémiologie contemporaine.

L'épidémiologie est une discipline scientifique qui étudie les épidémies, les maladies et diverses conditions liées à la santé. Ses origines remontent à la Grèce antique, notamment à travers l'œuvre influente d'Hippocrate de Kos, qui a apporté des contributions notables en distinguant les maladies épidémiques des maladies endémiques. L'épidémiologie, dans son acception plus large, inclut également l'étude des maladies affectant les plantes, les animaux domestiques et le bétail. Une épidémie se caractérise par une occurrence significative et anormale d'une maladie au sein d'une population, se manifestant généralement de manière rapide.

De nombreux facteurs influencent le processus complexe de transmission de la maladie [109-113], notamment les caractéristiques de l'agent infectieux et la dynamique complexe de la population hôte. Concernant l'agent infectieux, ses caractéristiques intrinsèques, telles que son mode de transmission (par exemple, gouttelettes respiratoires, contact direct), la durée d'infectiosité et sa sensibilité aux interventions médicales comme les traitements et les vaccins, sont des facteurs cruciaux qui déterminent sa capacité à se propager parmi les individus.

Également importantes sont les caractéristiques de la population hôte qui influencent la dynamique de l'épidémie. Des facteurs tels que les interactions sociales, les données démographiques (par exemple, l'âge, le sexe), les pratiques culturelles, la répartition géographique et les conditions économiques jouent un rôle pivot dans la détermination de la susceptibilité et de la résilience d'une population face à la maladie.

Tout au long de l'histoire enregistrée, la civilisation humaine a été confrontée à des épidémies et pandémies récurrentes. Ces flambées de maladies infectieuses ont causé d'importantes souffrances humaines, des bouleversements sociétaux et des turbulences économiques. Compte tenu de ces défis, la prédiction précise de l'évolution des épidémies devient primordiale pour en minimiser les impacts négatifs. La modélisation épidémiologique est fondamentale pour comprendre la dynamique de transmission des maladies et formuler des stratégies éclairées de confinement et de prévention.

Les maladies infectieuses continuent d'avoir des effets substantiels sur les communautés à travers le monde, malgré les progrès de la médecine moderne et des sciences médicales. Ces impacts s'étendent à divers aspects, notamment la santé publique, les infrastructures de soins de santé, l'économie, l'éducation, la dynamique des populations

et la coopération internationale.

L'étude des modèles épidémiques revêt une importance considérable dans de multiples domaines en raison de ses nombreux avantages. Ces bénéfices incluent une meilleure compréhension et prévision des épidémies, une optimisation de l'allocation des ressources de santé publique, une planification plus efficace des interventions d'urgence, l'avancement de la recherche en santé publique, une sensibilisation accrue du public et le développement de programmes de formation en santé publique. Cela facilite une prise de décision éclairée en santé publique, améliore la préparation aux épidémies et contribue finalement à sauver des vies.

Ce problème a attiré l'attention des mathématiciens depuis le XVIII<sup>e</sup> siècle. Kermack et McKendrick ont établi le modèle SIR déterministe classique en 1927 [114], qui a servi de cadre fondamental pour analyser la dynamique des épidémies au sein d'une population fermée, en classant les individus en trois compartiments. Le modèle SIR, qui répartit les individus dans les compartiments susceptibles ( $S$ ), infectés ( $I$ ) et rétablis ( $R$ ), ne prend pas en compte les individus qui perdent leur immunité après leur rétablissement. Pour remédier à cette lacune, une version étendue appelée modèle SIRS a été introduite [115-117]. Dans le modèle SIRS, les personnes précédemment rétablies d'une infection peuvent redevenir susceptibles.

Mathématiquement, ce phénomène s'exprime comme suit :

$$\begin{cases} dS_t = [\rho(1 - S_t) + \eta R_t - \alpha S_t I_t] dt, \\ dI_t = [\alpha S_t I_t - (\rho + \lambda) I_t] dt, \\ dR_t = [\lambda I_t - (\rho + \eta) R_t] dt, \end{cases} \quad (4.1)$$

où  $\rho$  représente le taux de natalité et de mortalité,  $\alpha$  est le coefficient d'infection,  $\lambda$  est le taux de guérison, et  $\eta$  est le taux de perte d'immunité.

Par la suite, de nombreuses études ont utilisé l'approche stochastique pour analyser ces modèles [118]. L'ajout de perturbations de Lévy au modèle SIRS peut enrichir la modélisation épidémiologique en capturant mieux la complexité des phénomènes épidémiques réels, incluant les variations stochastiques et les événements rares qui influencent significativement la dynamique des maladies. Cela peut fournir des informations précieuses pour la prise de décision en santé publique et la gestion des épidémies. Le lecteur peut consulter [119, 120]. Dans cette étude, nous examinons un système modélisé comme un modèle SIRS stochastique incorporant une perturbation par sauts :

$$\begin{cases} dS_t = [\rho(1 - S_t) + \eta R_t - \alpha S_t I_t] dt - \int_{\mathbb{D}} \varsigma_v S_{(t^-)} I_{(t^-)} \widetilde{N}(dt, dv), \\ dI_t = [\alpha S_t I_t - (\rho + \lambda) I_t] dt + \int_{\mathbb{D}} \varsigma_v S_{(t^-)} I_{(t^-)} \widetilde{N}(dt, dv), \\ dR_t = [\lambda I_t - (\rho + \eta) R_t] dt, \end{cases} \quad (4.2)$$

où  $dt$  est la mesure de Lebesgue, et  $\widetilde{N}(dt, dv)$  est la mesure de Poisson compensée, telle que

$$\widetilde{N}(dt, dv) = N(dt, dv) - \pi(dv)dt.$$

Ici,  $N(dt, dv)$  désigne une mesure de comptage de Poisson, tandis que  $\pi$  représente une mesure de Lévy définie sur  $\mathbb{D} \subset \mathbb{R}^+$ . La fonction continûment différentiable  $\varsigma(\cdot)$  caractérise l'impact des sauts aléatoires au sein de la population, avec  $-1 < \varsigma_v < 1$  pour tout  $v \in \mathbb{D}$ .

Les termes  $S_{(s^-)}$  et  $I_{(s^-)}$  représentent les limites à gauche de  $S_s$  et  $I_s$  respectivement. Dans la suite, nous les noterons simplement  $S_s$  et  $I_s$  par souci de praticité.

Ce travail découle de la nécessité d'améliorer les modèles épidémiologiques traditionnels en incorporant des perturbations de Lévy, qui prennent en compte les changements soudains et aléatoires dans la dynamique des maladies. La recherche vise à mieux comprendre la persistance et l'extinction des maladies en développant un modèle SIRS stochastique plus réaliste, conduisant à des stratégies améliorées pour gérer les maladies infectieuses dans des environnements imprévisibles.

Le manuscrit est organisé comme suit. La section 4.2 traite de la positivité et de l'existence des solutions pour le système (4.2). La section 4.3 établit les conditions nécessaires à la persistance de la maladie. La section 4.4 analyse l'extinction de la maladie. La section 4.5 présente des simulations numériques pour valider les résultats analytiques. La section 4.6 fournit une discussion détaillée des résultats et des orientations futures. Enfin, la section 4.7 conclut par un résumé des résultats et des implications pour la recherche.

## 4.2 Positivité et existence

Cette section étudie l'existence globale et la positivité des solutions pour le système d'équations différentielles stochastiques (EDS) (4.2).

**Définition 4.2.1 (Crochet de Meyer).** Soit  $(M_t)_{t \geq 0}$  une martingale locale continue. Le crochet de Meyer, ou variation quadratique prévisible de  $M$ , noté  $\langle M \rangle_t$ , est le processus croissant prévisible unique tel que  $M_t^2 - \langle M \rangle_t$  soit une martingale locale.

**Lemme 4.2.2.** Soit  $M_t$  une martingale locale partant de zéro à l'instant 0. Pour  $t \geq 0$ , on définit

$$\varphi_{M_t} := \int_0^t (1+s)^{-2} d\langle M \rangle_s.$$

Alors,

$$\mathbf{P}\left(\lim_{t \rightarrow \infty} \frac{M_t}{t} = 0\right) = 1,$$

à condition que

$$\mathbf{P}\left(\lim_{t \rightarrow \infty} \varphi_{M_t} < \infty\right) = 1.$$

*Démonstration.* Voir [121]. □

Nous établissons d'abord l'existence et l'unicité des solutions de notre modèle dans le domaine :

$$\Delta = \{(x_1, x_2, x_3) \in (0, 1)^3; x_1 + x_2 + x_3 = 1\},$$

avec les paramètres  $(\alpha, \eta, \lambda, \rho) \in (0, 1)^4$ .

**Théorème 4.2.3.** Pour  $v \in \mathbb{D}$  et  $(S, I) \in (0, 1)^2$ , on définit

$$\Psi(v, S, I) = [1 - \varsigma_v I][1 + \varsigma_v S],$$

et on suppose

$$\sup_{0 < S, I < 1} \int_{\mathbb{D}} \ln [\Psi^{-1}(v, S, I)] \pi(dv) < \infty. \quad (4.3)$$

Alors, pour chaque condition initiale  $(S_0, I_0, R_0) \in \Delta$ , le système (4.2) admet une unique solution  $(S_t, I_t, R_t) \in \Delta$  pour tout  $t \geq 0$ .

*Démonstration.* Soit  $N_t = S_t + I_t + R_t$  la population totale. À partir de (4.2), on obtient :

$$dN_t = -\rho(N_t - 1)dt.$$

En intégrant, on a :

$$N_t - 1 = (N_0 - 1)e^{-\rho t} \quad \text{p.s.},$$

ce qui implique :

$$(S_t, I_t, R_t) \in (0, 1)^3 \text{ et } N_t = 1 \text{ p.s. pour tout } t \geq 0. \quad (4.4)$$

Comme les coefficients sont localement lipschitziens [117, 122-124], il existe une unique solution locale maximale  $(S_t, I_t, R_t)$  sur  $[0, \tau_e)$ , où  $\tau_e$  est le temps d'explosion. Pour  $\epsilon > 0$ ,

on définit le temps d'arrêt :

$$\tau_\epsilon = \inf\{t \in [0, \infty) \mid \min(S_t, I_t, R_t) \leq \epsilon\}. \quad (4.5)$$

Considérons la fonction de Lyapunov :

$$\Sigma_t = -\ln(S_t I_t R_t).$$

En appliquant la formule d'Itô, on obtient :

$$\begin{aligned} d\Sigma_t &= \left( 3\rho + \lambda + \eta - \frac{\rho}{S_t} + \alpha I_t - \frac{\eta R_t}{S_t} - \alpha S_t - \frac{\lambda I_t}{R_t} \right) dt \\ &\quad - \int_{\mathbb{D}} \{ \ln[(1 + \varsigma_v S_t)(1 - \varsigma_v I_t)] + (I_t - S_t)\varsigma_v \} \pi(dv) dt \\ &\quad - \int_{\mathbb{D}} \ln[(1 + \varsigma_v S_t)(1 - \varsigma_v I_t)] \widetilde{N}(dt, dv). \end{aligned}$$

En utilisant (4.3) et (4.4), on a :

$$\begin{aligned} d\Sigma_t &\leq \left[ \kappa + \sup_{0 < S, I < 1} \int_{\mathbb{D}} \ln[\Psi^{-1}(v, S, I)] \pi(dv) \right] dt \\ &\quad - \int_{\mathbb{D}} \ln[(1 + \varsigma_v S_t)(1 - \varsigma_v I_t)] \widetilde{N}(dt, dv), \end{aligned} \quad (4.6)$$

où  $\kappa = 3\rho + \lambda + \eta + \alpha + \pi(\mathbb{D})$ .

En intégrant et prenant l'espérance, on obtient :

$$\mathbb{E}[\Sigma_{t \wedge \tau_\epsilon}] \leq \Sigma_0 + \kappa t - 3 \ln(\epsilon_0). \quad (4.7)$$

Si  $\tau_\epsilon < \infty$ , il existe  $t > 0$  tel que  $\mathbf{P}(\tau_\epsilon < t) > 0$ , ce qui implique :

$$-\ln(\epsilon) \mathbf{P}(\tau_\epsilon \leq t) \leq \mathbb{E}[\Sigma_{t \wedge \tau_\epsilon}]. \quad (4.8)$$

En combinant (4.7) et (4.8), on a :

$$\mathbf{P}(\tau_\epsilon \leq t) \leq \frac{3}{\ln(\epsilon)} [\ln(\epsilon_0) - \kappa t].$$

En faisant tendre  $\epsilon \rightarrow 0$ , on obtient  $\mathbf{P}(\tau_\epsilon \leq t) = 0$ , ce qui contredit  $\tau_\epsilon < \infty$ . Ainsi,  $\tau_\epsilon = \infty$  p.s.  $\square$

La section suivante examine la persistance de la maladie et détermine les conditions seuils pour le contrôle à long terme de la maladie.

## 4.3 Persistante

Dans les études épidémiologiques de la maladie, il est essentiel de se concentrer sur les cas où elle persiste et ne disparaît pas spontanément, car ces cas peuvent fournir des informations précieuses sur son impact à long terme et son traitement. Dans ce qui suit, nous démontrerons la persistance de la maladie [125-127]. Définissons :

$$\begin{cases} H(S) = -(\rho + \lambda) + \alpha S - \left[ \frac{1}{4} \int_{\mathbb{D}} \zeta_v^2 \pi(dv) \right] S^2, \\ T^1 = \alpha \left[ \rho + \lambda + \frac{1}{4} \int_{\mathbb{D}} \zeta_v^2 \pi(dv) \right]^{-1}, \\ \Pi(S) = -(\rho + \lambda) + \alpha S - \left[ \frac{1}{2} \int_{\mathbb{D}} \zeta_v^2 \pi(dv) \right] S^2, \\ T^2 = \alpha \left[ \rho + \lambda + \frac{1}{2} \int_{\mathbb{D}} \zeta_v^2 \pi(dv) \right]^{-1}. \end{cases} \quad (4.9)$$

**Théorème 4.3.1.** *Supposons que (4.3) et*

$$\sup_{0 < y < 1} \int_{\mathbb{D}} \ln^2 [1 + \zeta_v y] \pi(dv) < \infty, \quad (4.10)$$

*soient vérifiées. Pour  $(S_0, I_0, R_0) \in \Delta$ , si  $T^1 > 1$ ,  $T^2 > 1$  et  $|\zeta_v| < 1$  pour tout  $v \in \mathbb{D}$ , alors :*

- (i)  $\limsup_{t \rightarrow \infty} S_t \geq \rho$ , p.s.,
- (ii)  $\liminf_{t \rightarrow \infty} I_t \leq (\rho + \eta)(\rho + \eta + \lambda)^{-1}(1 - \rho)$ , p.s.,
- (iii)  $\liminf_{t \rightarrow \infty} R_t \leq \lambda(\rho + \eta + \lambda)^{-1}(1 - \rho)$ , p.s.,
- (iv)  $\liminf_{t \rightarrow \infty} S_t \leq \rho'$ , p.s.,
- (v)  $\limsup_{t \rightarrow \infty} I_t \geq (\rho + \eta)(\rho + \eta + \lambda)^{-1}(1 - \rho')$ , p.s.,
- (vi)  $\limsup_{t \rightarrow \infty} R_t \geq \lambda(\rho + \eta + \lambda)^{-1}(1 - \rho')$ , p.s.,

où  $\rho$  et  $\rho'$  désignent les racines positives sur l'intervalle  $(0, 1)$  des équations  $H(S) = 0$  et  $\Pi(S) = 0$  respectivement.

**Remarque 4.3.2.** *Comme  $-1 < \zeta_v < 1$  pour tout  $v \in \mathbb{D}$ , il suit que pour tout  $S \in (0, 1)$ ,  $\Pi(S) < H(S)$ , et donc  $\rho < \rho'$ .*

*Démonstration.* (i) À partir de (4.2) et en utilisant la formule d'Itô, on obtient :

$$\begin{aligned}\ln(I_t) &= \ln(I_0) - \int_0^t [(\rho + \lambda) - \alpha S_s] ds + \int_{\mathbb{D}} \int_0^t [\ln(1 + \zeta_v S_s) - \zeta_v S_s] \pi(dv) \\ &\quad + \int_{\mathbb{D}} \int_0^t \ln[1 + \zeta_v S_s] \tilde{N}(ds, dv).\end{aligned}\quad (4.11)$$

En appliquant l'inégalité :

$$\ln(1 + x) - x < -\frac{x^2}{4}, \quad -1 < x \leq 1, \quad (4.12)$$

on obtient :

$$\ln(I_t) \leq \ln(I_0) + \int_0^t H(S_s) ds + \int_{\mathbb{D}} \int_0^t \ln[1 + \zeta_v S_s] \tilde{N}(ds, dv). \quad (4.13)$$

Comme  $H(0) = -(\rho + \lambda) < 0$  et lorsque  $\mathcal{T}^1 > 1$ , il suit que  $H(1) > 0$ . Par conséquent, l'équation  $H(S) = 0$  possède une unique racine  $\rho \in (0, 1)$ . Si  $\mathcal{T}^1 > 1$ , alors  $H'(S_0) = 0$  pour un certain  $S_0 > 1$ . Donc,  $H$  croît de manière monotone dans l'intervalle  $(0, 1)$ , en particulier dans  $(0, \rho)$ . Pour tout  $\epsilon > 0$  suffisamment petit, lorsque  $0 < S \leq \rho - \epsilon$ , on a :

$$H(S) \leq H(\rho - \epsilon) < 0. \quad (4.14)$$

Montrons maintenant l'assertion (i). Supposons le contraire, ce qui implique qu'il existe un  $\epsilon > 0$  suffisamment petit tel que :

$$\mathbf{P}\left[\limsup_{t \rightarrow \infty} S_t \leq \rho - 2\epsilon\right] > 0.$$

Définissons :

$$\Omega_1 = \left\{\limsup_{t \rightarrow \infty} S_t \leq \rho - 2\epsilon\right\}.$$

Pour tout  $\omega \in \Omega_1$ , il existe  $\tau(\omega) > 0$  tel que :

$$S_t \leq \rho - \epsilon < 1, \quad \text{pour tout } t \geq \tau(\omega). \quad (4.15)$$

Par (4.14) et (4.15), on obtient pour tout  $s \geq \tau(\omega)$  :

$$H(S_s) \leq H(\rho - \epsilon) < 0. \quad (4.16)$$

Par l'équation (4.10) et le lemme (4.2.2), on peut facilement prouver l'existence d'un ensemble  $\Omega_2 \subset \Omega$  avec  $P(\Omega_2) = 1$ , où pour tout  $\omega \in \Omega_2$  :

$$\lim_{t \rightarrow \infty} \int_{\mathbb{D}} \int_0^t \frac{\ln[1 + \zeta_v S_s]}{t} \tilde{N}(ds, dv) = 0. \quad (4.17)$$

Fixons maintenant un  $\omega \in \Omega_1 \cap \Omega_2$ . Par (4.13) et (4.16), pour  $t \geq \tau(\omega)$ , on obtient :

$$\begin{aligned} \ln(I_t) - \ln(I_0) &\leq \int_0^{\tau(\omega)} H(S_s) ds + \int_{\tau(\omega)}^t H(\rho - \epsilon) ds \\ &\quad + \int_{\mathbb{D}} \int_0^t \ln[1 + \zeta_v S_s] \tilde{N}(ds, dv). \end{aligned} \quad (4.18)$$

De (4.17) et (4.18), on déduit :

$$\begin{aligned} \limsup_{t \rightarrow \infty} \frac{\ln(I_t)}{t} &\leq H(\rho - \epsilon) \\ &< 0. \end{aligned} \quad (4.19)$$

Ainsi,

$$\lim_{t \rightarrow \infty} I_t = 0. \quad (4.20)$$

En intégrant la dernière équation de (4.2), on obtient :

$$R_t = R_0 \exp\{-(\rho + \eta)t\} + \lambda \int_0^t I_{(t-s)} \exp\{-(\rho + \eta)s\} ds. \quad (4.21)$$

En utilisant (4.21) et le lemme de Fatou, on déduit :

$$\limsup_{t \rightarrow \infty} R_t \leq \lambda(\rho + \eta)^{-1} \limsup_{t \rightarrow \infty} I_t. \quad (4.22)$$

Combiné avec (4.20), cela implique  $\lim_{t \rightarrow \infty} R_t = 0$  et donc  $\lim_{t \rightarrow \infty} S_t = 1$ . Cependant, ceci contredit (4.15).

- (iv) De manière similaire, en se basant sur la formule d'Itô comme dans (4.11) et en appliquant :

$$-\frac{x^2}{2} \leq \ln(1 + x) - x, \text{ pour tout } x \geq 0,$$

on obtient :

$$\ln(I_t) \geq \ln(I_0) + \int_0^t \Pi(S_s)ds + \int_{\mathbb{D}} \int_0^t \ln[1 + \zeta_v S_s] \tilde{N}(ds, dv).$$

Supposons que (iv) est faux, ce qui implique qu'il existe un  $\epsilon' > 0$  suffisamment petit avec  $\mathbf{P}(\Omega_3) > 0$ , où :

$$\Omega_3 = \left\{ \liminf_{t \rightarrow \infty} S_t \geq \rho' + 2\epsilon' \right\}.$$

Pour tout  $\omega \in \Omega_3$ , il existe  $\tau'(\omega) > 0$  tel que :

$$S_t \geq \rho' + \epsilon', \text{ pour tout } t \geq \tau'(\omega). \quad (4.23)$$

De manière similaire à (4.16), il est facile de vérifier, en choisissant  $\epsilon' > 0$  suffisamment petit, que :

$$\Pi(S_s) \geq \Pi(\rho' + \epsilon') > 0, \text{ pour } s \geq \tau'(\omega). \quad (4.24)$$

En utilisant (4.17), (4.23), (4.24), et en suivant un raisonnement similaire à (4.18), on obtient :

$$\limsup_{t \rightarrow \infty} \frac{\ln(I_t)}{t} \geq \Pi(\rho' + \epsilon') > 0.$$

Ainsi,

$$\lim_{t \rightarrow \infty} I_t = \infty.$$

Ceci contredit la condition  $I_t < 1$ .

(ii) Par (i) et (4.4), on a :

$$\liminf_{t \rightarrow \infty} I_t + \liminf_{t \rightarrow \infty} R_t \leq 1 - \rho, \text{ p.s..} \quad (4.25)$$

En utilisant (4.21) et le lemme de Fatou, on obtient :

$$\liminf_{t \rightarrow \infty} I_t \leq \lambda^{-1}(\rho + \eta) \liminf_{t \rightarrow \infty} R_t. \quad (4.26)$$

En combinant (4.25) et (4.26), on établit l'assertion (ii).

(v) Similairement à (ii), la conclusion découle de (4.22), (iv), et (4.4).

(iii) - (vi) Ces résultats découlent directement de (4.4), (i), (iv), (ii), et (v).

□

Dans la section suivante, nous analyserons l'extinction de l'équation différentielle stochastique (EDS) (4.2) pour déterminer le seuil critique nécessaire au contrôle ou à l'éradication complète de la maladie.

## 4.4 Extinction

Cette section examine le phénomène d'extinction dans le système d'EDO (4.2).

**Théorème 4.4.1.** Soit  $(S_0, I_0, R_0) \in \Delta$  et supposons que (4.3) soit vérifiée. Supposons également que

$$\sup_{0 < y < 1} \int_{\mathbb{D}} \ln^2 [1 + \zeta_v y] \pi(dy) < \infty. \quad (4.27)$$

Définissons le nouveau seuil

$$T^3 = \alpha \left[ \rho + \frac{1}{4} \int_{\mathbb{D}} \zeta_v^2 \pi(dy) \right]^{-1}, \quad (4.28)$$

et

$$T^4 = \frac{1}{2} \int_{\mathbb{D}} \zeta_v^2 \pi(dy). \quad (4.29)$$

Si  $T^3 < 1$  et  $\alpha \geq T^4$ , alors le système gouverné par (4.2) présente une extinction avec un taux de décroissance exponentielle.

*Démonstration.* Posons

$$\Sigma_t(Z_t) = \ln(Z_t),$$

où  $Z_t = I_t + R_t$ . En appliquant la formule d'Itô, on obtient

$$\begin{aligned} d\Sigma_t &= \frac{1}{Z_t} [-\rho I_t - (\rho + \eta) R_t + \alpha S_t I_t] dt + \int_{\mathbb{D}} \left[ \ln \left( 1 + \zeta_v \frac{S_t I_t}{Z_t} \right) - \zeta_v \frac{S_t I_t}{Z_t} \right] \pi(dy) dt \\ &\quad + \int_{\mathbb{D}} \ln \left( 1 + \zeta_v \frac{S_t I_t}{Z_t} \right) \tilde{N}(dt, dy). \end{aligned} \quad (4.30)$$

En utilisant (4.12) et les inégalités suivantes :

$$-1 < \zeta_v < 1, \quad \frac{SI}{Z} \leq 1, \quad (4.31)$$

et

$$\frac{1}{Z} [-\rho I - (\rho + \eta)R] \leq -\rho,$$

on obtient

$$\begin{aligned} d\Sigma_t &\leq \left[ -\rho + \alpha \frac{S_t I_t}{Z_t} - \frac{1}{4} \int_{\mathbb{D}} \zeta_v^2 \pi(dv) \left( \frac{S_t I_t}{Z_t} \right)^2 \right] dt + \int_{\mathbb{D}} \ln \left( 1 + \zeta_v \frac{S_t I_t}{Z_t} \right) \tilde{N}(dt, dv) \\ &\leq \sup_{0 < \delta \leq 1} \Phi(\delta) dt + \int_{\mathbb{D}} \ln \left( 1 + \zeta_v \frac{S_t I_t}{Z_t} \right) \tilde{N}(dt, dv), \end{aligned} \quad (4.32)$$

où

$$\Phi(\delta) = -\rho + \alpha \delta - \frac{1}{4} \int_{\mathbb{D}} \zeta_v^2 \pi(dv) \delta^2.$$

Si  $\alpha \geq \frac{1}{2} \int_{\mathbb{D}} \zeta_v^2 \pi(dv)$ , alors  $\Phi$  est croissante sur  $(0, 1)$ . Par intégration, on obtient

$$\Sigma_t \leq \Sigma_0 + \int_0^t \left( -\rho + \alpha - \frac{1}{4} \int_{\mathbb{D}} \zeta_v^2 \pi(dv) \right) ds + M_t, \quad (4.33)$$

où  $M_t$  est une martingale locale à valeurs réelles telle que

$$M_t = \int_{\mathbb{D}} \int_0^t \ln \left( 1 + \zeta_v \frac{S_s I_s}{Z_s} \right) \tilde{N}(ds, dv).$$

De plus,

$$\begin{aligned} \langle M \rangle_t &= \int_{\mathbb{D}} \int_0^t \ln^2 \left( 1 + \zeta_v \frac{S_s I_s}{Z_s} \right) \pi(dv) ds \\ &\leq \left[ \sup_{0 < y < 1} \int_{\mathbb{D}} \ln^2(1 + \zeta_v y) \pi(dv) \right] t < \infty. \end{aligned}$$

D'après (4.27) et (4.2.2), on a

$$\limsup_{t \rightarrow \infty} \frac{M_t}{t} = 0 \quad \text{p.s.} \quad (4.34)$$

L'assertion est validée par (4.33) et (4.34).  $\square$

Nous examinerons ensuite les simulations numériques de l'EDO (4.2) pour valider et

renforcer nos résultats théoriques.

## 4.5 Simulations numériques

Dans cette section, nous proposons quelques exemples de simulations numériques pour illustrer les résultats théoriques du Théorème 4.3.1 concernant la persistance et du Théorème 4.4.1 démontrant l’extinction de la maladie, en utilisant la méthode d’Euler-Maruyama (voir par exemple [128] pour plus d’informations et les références qui y sont citées).

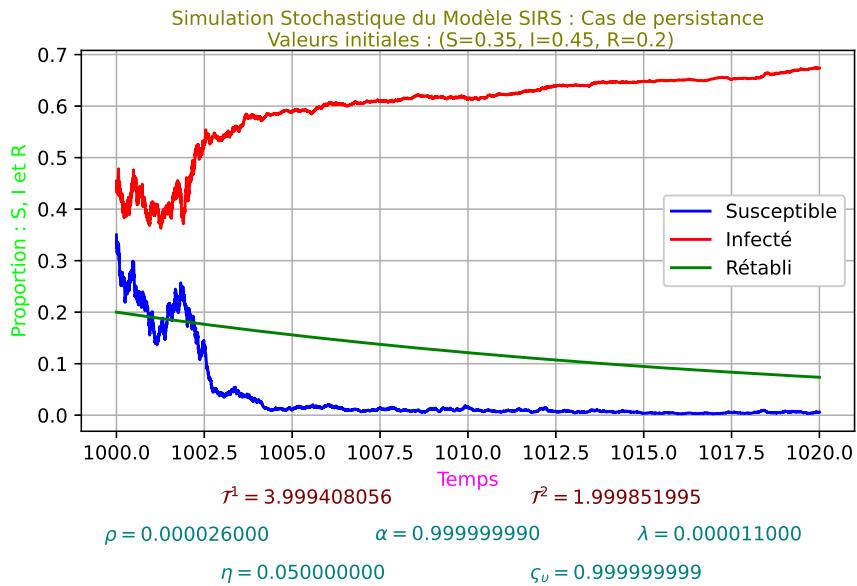
### 4.5.1 Représentations graphiques dans le cas de persistance (Théorème 4.3.1)

Les représentations graphiques montrent l’évolution des proportions d’individus susceptibles ( $S(t)$ ), infectés ( $I(t)$ ) et rétablis ( $R(t)$ ) au cours du temps. Chaque cas spécifié dans la liste correspond à un ensemble de valeurs paramétriques définissant le taux de transmission  $\rho$ , le taux d’infection  $\alpha$ , le taux de guérison  $\lambda$ , le taux de réintroduction  $\eta$  et le paramètre de volatilité  $\zeta$ . Pour chaque cas, le modèle est simulé et les résultats sont tracés sur des graphiques séparés, avec le temps en **abscisse** et la proportion d’individus en **ordonnée**. Ces graphiques permettent d’analyser comment différentes combinaisons de paramètres affectent la dynamique de la maladie. Le code Python générant les graphiques suivants est référencé comme A.11.

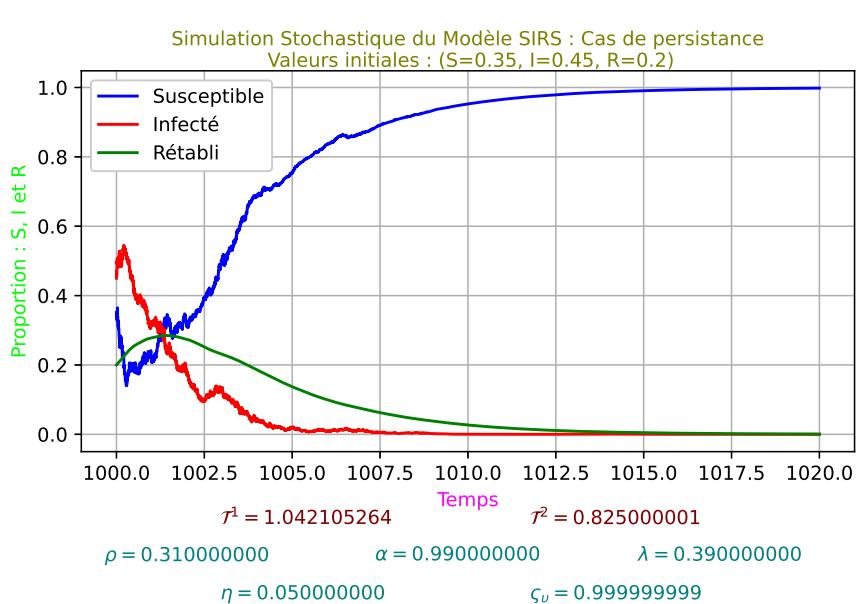
### 4.5.2 Analyse, comparaison et interprétation dans le cas de persistance (Théorème 4.3.1)

Les variations des dynamiques des populations susceptibles, infectées et rétablies sont analysées en fonction des valeurs de  $T^1$  et  $T^2$ , particulièrement lorsque  $T^1 > 1$  et  $T^2 > 1$  (voir Figures 4.1 et 4.4), et dans le cas où ces conditions ne sont pas vérifiées (voir Figures 4.2 et 4.3). Les paramètres  $T^1$  et  $T^2$ , dérivés des équations du modèle, représentent des seuils critiques liés aux taux de transmission, d’infection et de guérison.

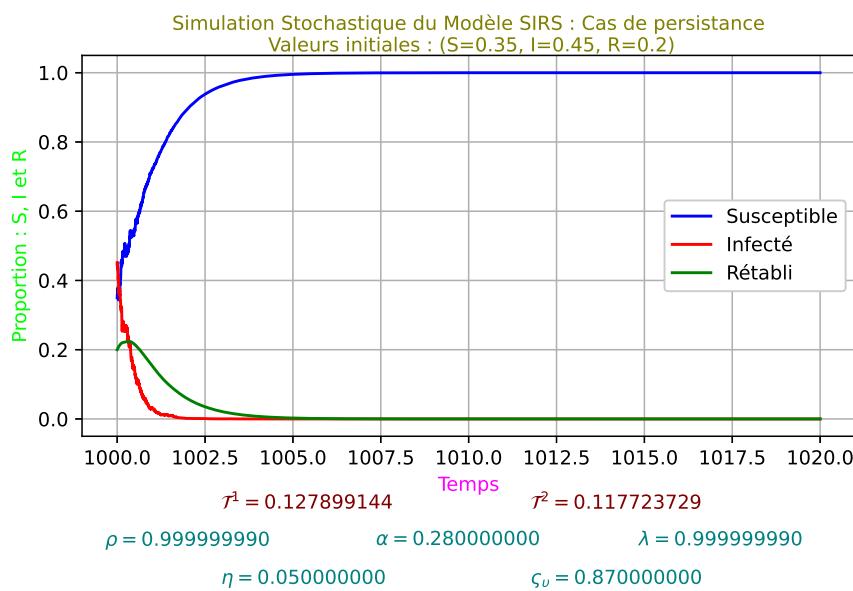
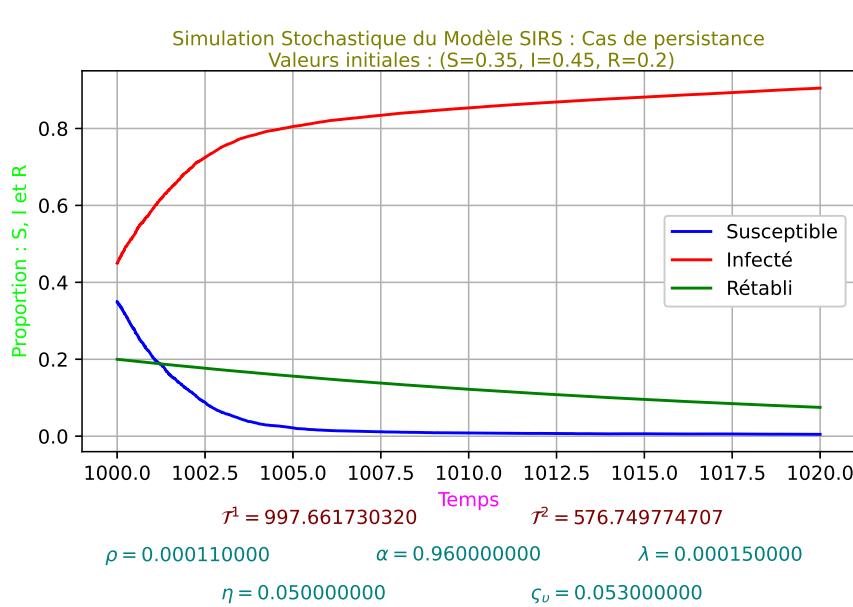
En comparant les simulations sous différentes conditions paramétriques, on obtient des insights sur la manière dont les changements de paramètres influencent la propagation de la maladie, y compris l’émergence de comportements endémiques ou épidémiques.



**FIGURE 4.1.** Trajectoires de  $S_t$ ,  $I_t$  et  $R_t$  pour le système (4.2) en relation avec le Théorème 4.3.1.



**FIGURE 4.2.** Trajectoires de  $S_t$ ,  $I_t$  et  $R_t$  pour le système (4.2) en relation avec le Théorème 4.3.1.

**FIGURE 4.3.** Trajectoires de  $S_t$ ,  $I_t$  et  $R_t$  pour le système (4.2) en relation avec le Théorème 4.3.1.**FIGURE 4.4.** Trajectoires de  $S_t$ ,  $I_t$  et  $R_t$  pour le système (4.2) en relation avec le Théorème 4.3.1.

### 4.5.3 Représentations graphiques dans le cas d'extinction (Théorème 4.4.1)

Les représentations graphiques illustrent les proportions d'individus susceptibles ( $S(t)$ ), infectieux ( $I(t)$ ) et rétablis ( $R(t)$ ) au cours du temps pour chaque scénario simulé. Chaque scénario correspond à une combinaison unique de valeurs paramétriques, incluant le taux de transmission  $\rho$ , le taux d'infection  $\alpha$ , le taux de guérison  $\lambda$ , le taux de réintroduction dans la population sensible  $\eta$ , et la volatilité  $\zeta$ . Les graphiques démontrent visuellement comment les variations de ces paramètres influencent la dynamique de propagation de la maladie, permettant une analyse comparative entre différents scénarios. Les figures ci-dessous, générées par le code Python référencé comme A.10, fournissent une représentation claire de ces relations.

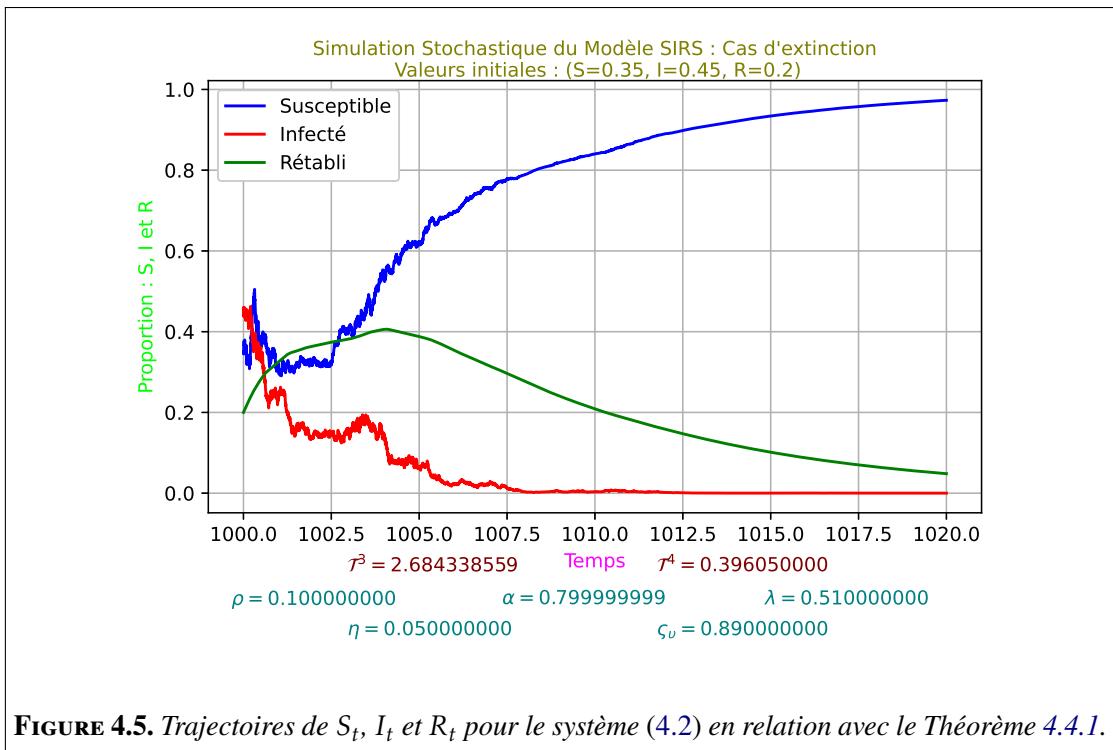
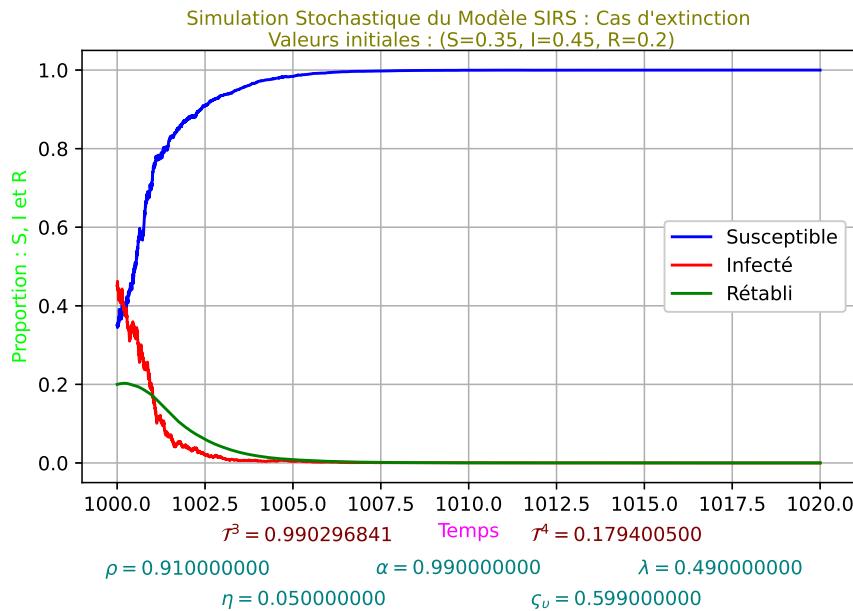
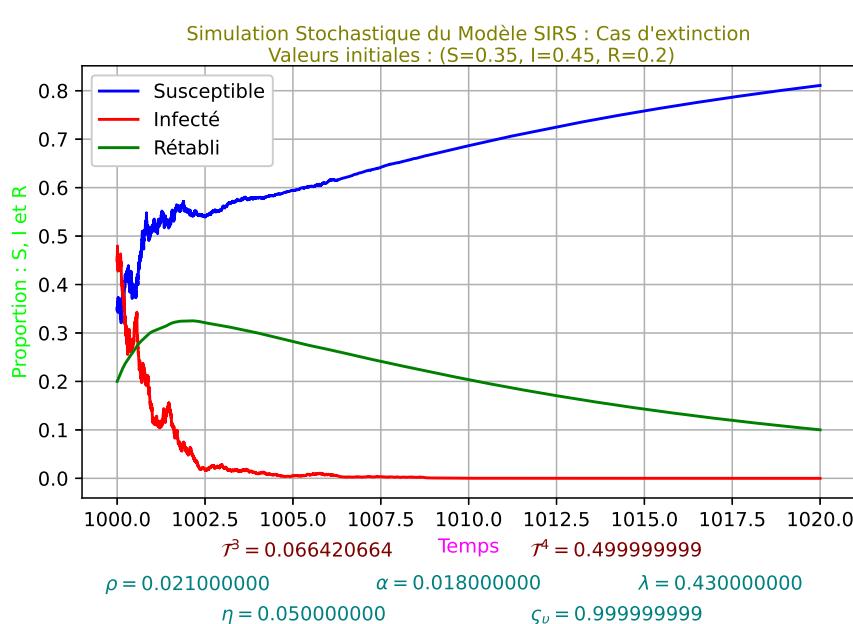
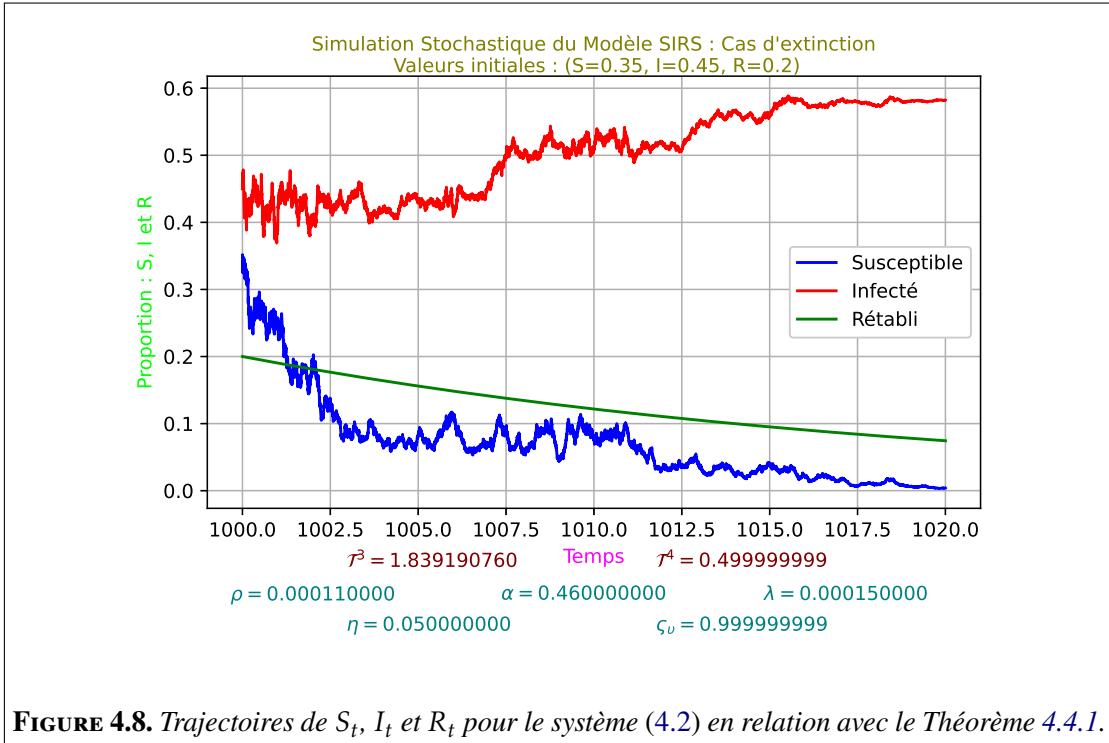


FIGURE 4.5. Trajectoires de  $S_t$ ,  $I_t$  et  $R_t$  pour le système (4.2) en relation avec le Théorème 4.4.1.

### 4.5.4 Analyse, comparaison et interprétation dans le cas d'extinction (Théorème 4.4.1)

Les variations des populations sensibles, infectieuses et rétablies sont analysées en relation avec les valeurs de  $T^3$  et  $T^4$ , particulièrement lorsque  $T^3 < 1$  et  $T^4 \leq \alpha$  (voir Figure 4.6), et lorsque ces conditions ne sont pas vérifiées (voir Figures 4.5, 4.7

**FIGURE 4.6.** Trajectoires de  $S_t$ ,  $I_t$  et  $R_t$  pour le système (4.2) en relation avec le Théorème 4.4.1.**FIGURE 4.7.** Trajectoires de  $S_t$ ,  $I_t$  et  $R_t$  pour le système (4.2) en relation avec le Théorème 4.4.1.



**FIGURE 4.8.** Trajectoires de  $S_t$ ,  $I_t$  et  $R_t$  pour le système (4.2) en relation avec le Théorème 4.4.1.

et 4.8). Les paramètres  $T^3$  et  $T^4$ , dérivés des équations du modèle, représentent des seuils critiques liés aux taux de transmission et d'infection. En comparant les simulations sous différentes conditions paramétriques, on obtient des insights sur la manière dont les changements de ces paramètres influencent la dynamique de la maladie, y compris l'émergence de comportements endémiques ou épidémiques.

## 4.6 Perspective

Ces dernières années, l'étude des dynamiques stochastiques en épidémiologie a gagné une importance significative, particulièrement dans la compréhension des complexités de la transmission des maladies infectieuses.

Un tel modèle, le modèle SIRS stochastique (SIRS), fournit un cadre précieux pour étudier la dynamique des maladies infectieuses dans des populations où les individus passent par des états sensibles ( $S$ ), infectieux ( $I$ ) et rétablis ( $R$ ).

Cependant, les modèles SIRS traditionnels supposent souvent des transitions continues entre ces états, négligeant l'impact potentiel de perturbations soudaines à grande échelle, ou "sauts". L'exploration des effets des perturbations par sauts sur les dynamiques SIRS stochastiques représente une nouvelle voie pour comprendre le comportement des maladies infectieuses dans des scénarios réels. Contrairement aux transitions graduelles,

les perturbations par sauts peuvent survenir à partir de divers facteurs, tels que des changements soudains dans les conditions environnementales, des rassemblements massifs, ou des interventions comme des campagnes de vaccination ou des changements de politiques. Ces perturbations peuvent modifier significativement la dynamique de transmission des maladies, conduisant à des résultats contre-intuitifs et remettant en question les hypothèses de modélisation traditionnelles.

D'un point de vue scientifique, l'étude des perturbations par sauts dans les dynamiques SIRS stochastiques offre des insights sur la résilience et la vulnérabilité des populations face à des changements abrupts dans la dynamique des maladies. En incorporant la stochasticité et les processus de saut dans les modèles SIRS, les chercheurs peuvent capturer l'incertitude inhérente et la variabilité observée dans les données épidémiologiques réelles. Ceci permet des prédictions plus précises de la propagation des maladies, une meilleure évaluation des stratégies d'intervention, et une compréhension approfondie des mécanismes sous-jacents conduisant à l'émergence et à la persistance des maladies.

D'un point de vue professionnel, cette recherche a des implications importantes pour les politiques de santé publique, la surveillance des maladies infectieuses et la préparation aux épidémies. Comprendre comment les perturbations par sauts influencent les dynamiques SIRS stochastiques peut éclairer le développement de mesures de contrôle des maladies et de stratégies de réponse plus efficaces. En identifiant des seuils critiques, des points de basculement et des scénarios à haut risque, les décideurs politiques et les responsables de santé publique peuvent atténuer de manière proactive l'impact des perturbations soudaines et minimiser le risque de flambées épidémiques ou de résurgences.

En conclusion, l'exploration de l'impact des perturbations par sauts sur les dynamiques SIRS stochastiques représente un effort interdisciplinaire précieux à l'intersection de l'épidémiologie, des mathématiques et de la science des systèmes complexes [129-135]. À travers une recherche scientifique rigoureuse et une collaboration étroite, les chercheurs peuvent faire progresser notre compréhension des dynamiques des maladies infectieuses, améliorer les capacités prédictives, et finalement contribuer à des systèmes de santé publique plus résilients et adaptatifs.

## 4.7 Conclusion

En conclusion, le modèle SIRS stochastique avec perturbation par sauts fournit un cadre précieux pour explorer et comprendre la dynamique des maladies infectieuses avec des changements abrupts dans les taux de transmission. Ce modèle offre des insights sur l'impact potentiel d'événements sporadiques ou d'interventions sur la propagation des maladies au sein d'une population. Sa rigueur mathématique et sa nature stochastique en font un outil précieux pour les chercheurs et les décideurs politiques afin d'évaluer et de concevoir des stratégies de contrôle et de prévention des maladies dans des environnements

dynamiques et incertains. Des recherches supplémentaires et l'affinement de ce modèle pourraient continuer à contribuer à notre compréhension des processus épidémiologiques et au développement de mesures de santé publique efficaces.

# Conditions nécessaire et suffisante d’extinction et de persistance pour un modèle SIRS avec des exposants de taux de transmission commutés

## Résumé

Cet article examine un modèle épidémique SIRS non linéaire qui intègre du bruit blanc et du bruit télégraphique, avec des conditions environnementales régies par une chaîne de Markov à états finis. Le modèle inclut une non-linéarité d’exposant commuté dans le taux de transmission bilinéaire, où l’interaction entre les populations sensibles et infectées est décrite par le terme  $S^{\rho_{\xi(t)}} I^{\zeta_{\xi(t)}}$ , offrant ainsi une représentation plus réaliste de la dynamique de l’épidémie. Il est à noter que les conditions nécessaires et suffisantes pour la persistance et l’extinction du modèle épidémique SIRS stochastique, incorporant des exponents de taux de transmission régis par des commutations Markoviennes, n’ont pas été explorées dans la littérature. La principale contribution de ce travail réside dans l’identification de ces conditions nécessaires et suffisantes. Plus précisément, un paramètre seuil  $\Lambda$ , exprimé en termes des exposants commutés  $\rho_{\xi(t)}$  et  $\zeta_{\xi(t)}$ , est dérivé. C’est-à-dire que si  $\Lambda > 0$ , la maladie présente une persistance stochastique forte ; inversement, si  $\Lambda < 0$ , l’état d’équilibre sans maladie devient globalement asymptotiquement stable en probabilité, conduisant à l’extinction éventuelle de la maladie. Dans le cas particulier où il n’y a pas de commutation de régime et  $\rho_{\xi(t)} = \zeta_{\xi(t)} = 1$ , notre modèle retrouve le seuil classique trouvé dans la littérature. Pour compléter l’analyse théorique, des simulations numériques sont présentées pour illustrer le comportement du modèle sous différentes conditions environnementales.

## Mots-clés

Modèle épidémique SIRS, diffusion hybride à commutation, taux d'incidence non linéaires, chaînes de Markov, extinction des maladies, stabilité asymptotique, stabilité presque certaine, stabilité des moments, persistance stochastique.

## 5.1 Introduction

Les maladies infectieuses ont causé certaines des crises les plus significatives de l'histoire humaine. L'effort pour comprendre et gérer ces maladies a reposé sur une approche multidisciplinaire, avec la modélisation mathématique jouant un rôle essentiel dans l'analyse de la dynamique des épidémies et de leur progression [136, 137]. Ces modèles servent de méthode structurée pour examiner la transmission et le développement des maladies dans les populations humaines, permettant des prévisions précises et soutenant des stratégies de santé publique éclairées.

En 1760, Bernoulli a été un pionnier dans l'utilisation des modèles mathématiques en épidémiologie, spécifiquement pour analyser la dynamique de la transmission de la variole et les effets de l'inoculation. Ce travail révolutionnaire a jeté les bases des modèles ultérieurs, tels que l'approche compartimentale introduite par Kermack et McKendrick en 1927 [138]. Leur modèle SIR classe la population en trois compartiments distincts : sensible (*S*), infecté (*I*) et retiré ou guéri (*R*). Le modèle postule que les individus dans le groupe sensible deviennent infectés lors du contact avec des individus infectieux, tandis que les personnes infectées se rétablissent et acquièrent une immunité durable ou sont retirées de la population. Ce cadre a été largement exploré et élargi dans les études épidémiologiques [139].

Bien que le modèle SIR traditionnel suppose une immunité permanente après la guérison, les preuves réelles indiquent que l'immunité à certaines maladies, comme la grippe [140], les infections virales diarrhéiques [141], et la fièvre aphteuse [142], peut être temporaire. Dans ces cas, les individus guéris peuvent éventuellement perdre leur immunité et réintégrer la population sensible, ce qui a conduit au développement du modèle SIRS (Susceptible-Infecté-Rétablissement-Susceptible) pour mieux saisir ces dynamiques [143].

Le taux d'incidence joue un rôle essentiel dans la compréhension de la propagation des maladies infectieuses et a fait l'objet de recherches approfondies. En particulier, les taux d'incidence non linéaires ont offert une représentation plus réaliste de la dynamique des épidémies. Dans ce contexte, le modèle SIRS avec des fonctions d'incidence non linéaires révèle un large spectre de comportements dynamiques, notamment des bifurcations, des oscillations et des équilibres multiples. Ce cadre améliore notre compréhension de la dynamique des épidémies en capturant les complexités de la propagation des maladies sous différentes hypothèses.

Bien que les taux d'incidence standard aient été largement analysés dans des études telles que [144-146], les taux d'incidence de saturation sous la forme  $\beta SI$  ont retenu l'attention dans des travaux tels que [147]. De plus, des formulations non linéaires alternatives, y compris  $\beta S^\rho I^\zeta$ , ont été introduites pour mieux représenter les subtilités des dynamiques de transmission des maladies [148-150]. Pour une perspective plus large sur les fonctions d'incidence générales, des contributions fondamentales peuvent être trouvées dans [151-155].

La fonction d'incidence non linéaire  $\beta S^\rho I^\zeta$  a été étudiée par Liu et al. [156, 157] dans le cadre du système suivant d'équations différentielles :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \mu - \mu S - \beta S^\rho I^\zeta + \eta R, \\ \frac{dI}{dt} = -(\mu + \delta)I + \beta S^\rho I^\zeta, \\ \frac{dR}{dt} = -(\mu + \eta)R + \delta I, \end{cases}$$

où :

- $\mu$  représente le taux de mortalité naturelle de la population (taux de mortalité par habitant),
- $\beta$  désigne le taux de transmission de l'infection,
- $\rho$  décrit l'effet de la population sensible  $S$  sur la dynamique de transmission ,
- $\zeta$  représente l'effet de la population infectée  $I$  sur la dynamique de transmission ,
- $\eta$  est le taux de récupération du compartiment récupéré  $R$  vers le compartiment sensible  $S$  ,
- $\delta$  est le taux de récupération du compartiment infecté  $I$  vers le compartiment récupéré  $R$ .

Les auteurs soulignent des changements significatifs dans le comportement de la solution lorsque le taux d'incidence passe de la forme classique bilinéaire de l'action de masse,  $\beta IS$ , à un taux non linéaire généralisé,  $\beta I^\zeta S^\rho$ . Bien que le choix d'une valeur de  $\rho$  différente de 1 ait un effet minimal, la sélection d'une valeur de  $\zeta$  différente de 1 peut induire des changements qualitatifs significatifs dans le portrait de l'espace des phases. La principale leçon de Liu et al. [156, 157] est que le comportement des solutions est gouverné par les quantités suivantes :

$$\begin{aligned} T^* &= \frac{(\zeta + \rho - 1)^{\zeta + \rho - 1}}{(H(\zeta - 1))^{\zeta - 1} \rho^\rho}, \\ T &= \frac{\beta}{\mu + \delta}, \\ H &= \frac{\mu + \eta}{\delta + \mu + \eta}. \end{aligned}$$

C'est-à-dire que pour  $\zeta = 1$ , si  $T \leq 1$ , la maladie disparaît ; lorsque  $T > 1$ , la maladie reste endémique et tend vers un équilibre unique. Pour  $0 < \zeta < 1$ , la condition seuil

disparaît complètement, car la maladie reste toujours endémique et tend vers un équilibre unique. Pour  $\zeta > 1$ , le résultat du seuil devient plus complexe. En particulier :

- Si  $\mathcal{T} < \mathcal{T}^*$ , la maladie disparaît toujours.
- Si  $\mathcal{T} > \mathcal{T}^*$ , le plus petit équilibre non trivial est un saddle instable.
- Pour  $\mathcal{T} > \mathcal{T}^*$  et  $\zeta > 1$ , la maladie disparaît pour certaines conditions initiales, mais reste endémique et tend vers le plus grand équilibre non trivial pour d'autres.
- Lorsque  $\mathcal{T} \leq 1$ , l'équilibre trivial est asymptotiquement stable localement pour  $\zeta > 1$ . À mesure que  $\zeta$  diminue en dessous de 1, l'équilibre trivial devient un saddle instable, tandis qu'un équilibre non trivial stable localement émerge par bifurcation.
- Lorsque  $\mathcal{T} > 1$ , l'équilibre trivial est un saddle instable pour  $\zeta < 1$ . À mesure que  $\zeta$  augmente au-dessus de 1, l'équilibre trivial devient stable localement, et un équilibre non trivial instable bifurque à partir de celui-ci.
- Pour  $\zeta > 1$ , une bifurcation de type saddle-node se produit à  $\mathcal{T} = \mathcal{T}^*$ . Pour  $\mathcal{T} > \mathcal{T}^*$ , le plus petit équilibre non trivial est un saddle, tandis que le plus grand équilibre non trivial peut être stable asymptotiquement localement dans certains cas et instable dans d'autres.

Dans l'étude des dynamiques des maladies infectieuses, les paramètres du modèle SIRS ne sont pas constants mais sont influencés par la variabilité environnementale. Pour tenir compte de ces fluctuations, des approches stochastiques ont été développées pour inclure des perturbations aléatoires. Lu [118] a étendu le modèle SIRS classique en incorporant des perturbations stochastiques dans le taux d'infection. Plus précisément, le coefficient d'infection  $\beta$  est remplacé par  $\beta + \sigma \frac{dW}{dt}$ , où  $W$  représente un mouvement brownien, et  $\sigma$  désigne l'intensité du bruit. Cette perturbation conduit au système suivant :

$$\begin{cases} dS_t &= [\mu - \mu S_t - \beta S_t I_t + \eta R_t] dt - \sigma S_t I_t dW_t, \\ dI_t &= [-(\mu + \delta)I_t + \beta S_t I_t] dt + \sigma S_t I_t dW_t, \\ dR_t &= [-(\mu + \eta)R_t + \delta I_t] dt. \end{cases} \quad (5.1)$$

De nombreux chercheurs ont étudié le modèle SIRS avec des perturbations browniennes, en analysant sa stabilité et ses comportements dynamiques. Dans [158-162], les auteurs ont étudié divers aspects du modèle, y compris ses états d'équilibre et l'impact des effets stochastiques sur la dynamique de l'épidémie. S'appuyant sur ces études fondamentales, le modèle SIRS (5.1) a été étendu par Lahrouz et al. [163], qui ont introduit un taux d'incidence saturé et la mortalité liée à la maladie. Ils ont également établi des conditions de stabilité globale pour l'état d'équilibre  $E_0$ , à la fois en probabilité et au  $q$ -ième moment.

Dans [164], Lahrouz et Settati ont affiné les résultats précédents de la littérature en dérivant la condition nécessaire qui régit la dichotomie entre l'extinction et la persistance de l'épidémie. De plus, ils ont formulé une expression exacte pour les seuils critiques qui déterminent la dynamique asymptotique du système SIRS, représentée par le seuil

stochastique suivant :

$$\mathcal{R}_s \triangleq \frac{\beta}{\mu + \delta + \frac{1}{2}\sigma^2}.$$

Au-delà du bruit blanc, les fluctuations environnementales peuvent être modélisées à l'aide de bruit coloré, tel que le bruit télégraphique [165-169]. Ce type de bruit reflète les alternances entre différents régimes environnementaux, qui peuvent correspondre à des variations de facteurs tels que la nutrition, le climat ou les conditions socioculturelles. Ces transitions sont généralement sans mémoire, avec des temps d'attente entre les changements de régime suivant une distribution exponentielle, introduisant ainsi une complexité supplémentaire dans la modélisation des dynamiques des maladies infectieuses.

Les études récentes ont considérablement amélioré notre compréhension du modèle SIRS en incorporant des taux d'incidence non linéaires. Des contributions notables incluent celles de Cui et Zhao [170], Wang et al. [171], Liu et al. [172], Pan et al. [173], et Wang et al. [174]. Cependant, à notre connaissance, aucune de ces études n'a pris en compte un taux d'incidence de type binomial non linéaire, où les exposants des populations sensibles et infectées sont strictement positifs et couplés par une chaîne de Markov.

Pour combler cette lacune, nous proposons une formulation innovante pour le taux d'incidence qui incorpore un taux non linéaire généralisé, exprimé sous la forme  $S^{\rho_{\xi(t)}} I^{\zeta_{\xi(t)}}$ , où les exposants sont strictement positifs et dépendent de l'état de la chaîne de Markov. Nous analysons le comportement asymptotique du système sous perturbations stochastiques et établissons les conditions nécessaires et suffisantes pour l'extinction et la persistance de la maladie. Cette approche fournit des informations précieuses sur les effets à long terme des fluctuations environnementales sur les résultats épidémiques. Le bruit télégraphique, caractérisé par des transitions abruptes entre les états environnementaux, influence les taux de transmission des maladies, soit en amplifiant, soit en atténuant la propagation. Ces changements de régime sont modélisés comme des transitions dans une chaîne de Markov à états finis. Pour commencer, notons que  $\xi(t)$  désigne une chaîne de Markov définie dans un espace d'états fini  $\mathcal{E} = \{1, 2, \dots, r\}$  avec la matrice génératrice  $\Gamma = (\gamma_{ij})_{1 \leq i, j \leq r}$ . Les probabilités de transition sur un intervalle de temps court  $\zeta > 0$  sont données par

$$\mathbf{P}(\xi(t + \zeta) = j | \xi(t) = i) = \begin{cases} \gamma_{ij}\zeta + o(\zeta), & \text{si } i \neq j, \\ 1 + \gamma_{ii}\zeta + o(\zeta), & \text{si } i = j, \end{cases} \quad \text{où} \quad \gamma_{ii} = - \sum_{j \neq i} \gamma_{ij}. \quad (5.2)$$

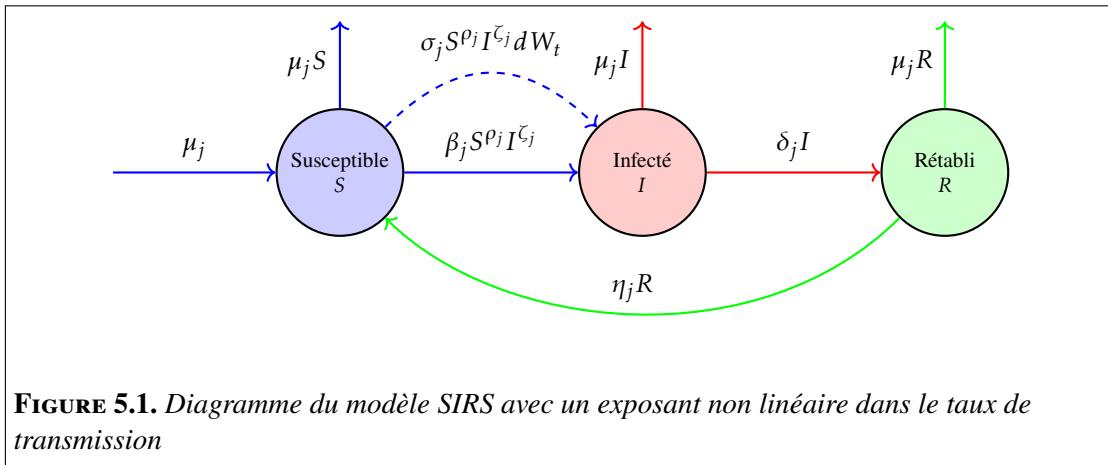
En supposant l'irréductibilité de la chaîne de Markov  $\xi(t)$ , le système admet une unique distribution stationnaire  $\pi = (\pi_1, \pi_2, \dots, \pi_r) \in \mathbb{R}^r$ . Par conséquent, nous présentons un modèle SIRS stochastique caractérisé par un taux d'incidence non linéaire, dont les

paramètres sont gouvernés dynamiquement par l'état de la chaîne de Markov  $\xi(t)$ . Les dynamiques du modèle sont caractérisées par le système suivant d'équations différentielles :

$$\begin{cases} dS_t &= \left( \mu_{\xi(t)} - \mu_{\xi(t)} S_t - \beta_{\xi(t)} S_t^{\rho_{\xi(t)}} I_t^{\zeta_{\xi(t)}} + \eta_{\xi(t)} R_t \right) dt - \sigma_{\xi(t)} S_t^{\rho_{\xi(t)}} I_t^{\zeta_{\xi(t)}} dW_t, \\ dI_t &= \left( -(\mu_{\xi(t)} + \delta_{\xi(t)}) I_t + \beta_{\xi(t)} S_t^{\rho_{\xi(t)}} I_t^{\zeta_{\xi(t)}} \right) dt + \sigma_{\xi(t)} S_t^{\rho_{\xi(t)}} I_t^{\zeta_{\xi(t)}} dW_t, \\ dR_t &= \left( -(\mu_{\xi(t)} + \eta_{\xi(t)}) R_t + \delta_{\xi(t)} I_t \right) dt. \end{cases} \quad (5.3)$$

Pour chaque état  $i \in \mathcal{E}$ , les paramètres  $\mu_i, \beta_i, \rho_i, \zeta_i, \eta_i, \delta_i$  et  $\sigma_i$  représentent des constantes positives, conservant les mêmes significations que celles définies précédemment. Initialement, à l'instant  $\tau_0$ , si la chaîne de Markov est dans l'état  $\xi(\tau_0) = i_0$  et transite, à l'instant  $\tau_k$ , vers un nouvel état  $\xi(\tau_k) = j$ , où  $j \in \mathcal{E}$ , le système (5.3) est bien décrit par les équations différentielles stochastiques suivantes sous commutation de régime :

$$\begin{cases} dS_t &= \left( \mu_j - \mu_j S_t - \beta_j S_t^{\rho_j} I_t^{\zeta_j} + \eta_j R_t \right) dt - \sigma_j S_t^{\rho_j} I_t^{\zeta_j} dW_t, \\ dI_t &= \left( -(\mu_j + \delta_j) I_t + \beta_j S_t^{\rho_j} I_t^{\zeta_j} \right) dt + \sigma_j S_t^{\rho_j} I_t^{\zeta_j} dW_t, \\ dR_t &= \left( -(\mu_j + \eta_j) R_t + \delta_j I_t \right) dt. \end{cases} \quad (5.4)$$



Le principal défi dans l'analyse d'un tel modèle stochastique réside dans la détermination des conditions selon lesquelles l'épidémie disparaît ou persiste au sein de la population. Jusqu'à présent, les conditions nécessaires et suffisantes pour la persistance et l'extinction du système (5.3) n'ont pas été explorées dans la littérature. L'objectif principal

de cette étude est d'établir rigoureusement ces conditions nécessaires et suffisantes pour le modèle épidémique stochastique SIRS (5.3), qui intègre des exposants de taux de transmission régis par des dynamiques de commutation Markoviennes. Notre travail présente la première démonstration complète et rigoureuse de ces conditions, abordant ainsi une lacune importante dans la compréhension des mécanismes d'extinction et de persistance dans de tels systèmes.

Ce travail est organisé comme suit. Dans la Section 5.2, nous présentons la formulation du problème et exposons les résultats auxiliaires qui servent de base à l'analyse subséquente. La Section 5.3 explore les conditions selon lesquelles le modèle épidémique (5.3) devient extinct, en utilisant divers critères de convergence. Dans la Section 5.4, nous établissons les critères nécessaires pour la persistance de l'épidémie. Des simulations numériques sont fournies dans la Section 5.5 pour illustrer et valider les résultats théoriques. Enfin, la Section 5.6 conclut par un résumé des résultats principaux et une discussion sur leurs implications plus larges.

## 5.2 Formulation et résultats auxiliaires

Nous notons  $\mathbb{R}_+^3 = \{x \mid x_i > 0, i = 1, 2, 3\}$ , et  $\Delta = \{x \in \mathbb{R}_+^3 \mid x_1 + x_2 + x_3 = 1\}$ . Soit  $X(t)$  un processus de Markov homogène en temps dans  $\mathbb{R}_+^3$ , qui peut être caractérisé par les équations différentielles stochastiques suivantes.

$$dX(t) = b(X(t), \xi(t)) dt + h(X(t), \xi(t)) dW(t), \quad (5.5)$$

où  $X(t) = (S(t), I(t), R(t))$ . Ici,  $W(t)$  est un mouvement brownien standard défini dans l'espace de probabilité complet  $(\Omega, \mathcal{F}, (\mathcal{F}_t)_{t \geq 0}, \mathbf{P})$ , et  $(\xi(t))_{t \geq 0}$  est une chaîne de Markov continue à droite dans le même espace de probabilité, prenant des valeurs dans l'espace d'état fini  $\mathcal{E} = \{1, 2, \dots, r\}$ . La chaîne de Markov est caractérisée par la matrice génératrice  $\Gamma = (\gamma_{ij})_{1 \leq i, j \leq r}$ , comme défini dans les équations (5.2).

Suivant le cadre introduit par Zhu et Yin [175], la matrice de diffusion  $A(x, j)$  pour chaque  $j \in \mathcal{E}$  et  $x \in \mathbb{R}_+^3$  est donnée par

$$A(x, j) = h(x, j)h^T(x, j).$$

Pour l'analyse suivante, nous introduisons le générateur  $\mathcal{L}$  associé au système SDE de l'équation (5.5). Pour chaque  $j \in \mathcal{E}$ ,  $x \in \mathbb{R}_+^3$  et toute fonction deux fois continuellement différentiable  $V(x, j)$ , le générateur  $\mathcal{L}$  est défini comme

$$\mathcal{L}V(x, j) = b^T(x, j) \cdot \nabla V(x, j) + \frac{1}{2} \text{Tr}\left(h^T(x, j) \cdot \nabla^2 V(x, j) \cdot h(x, j)\right) + \Gamma(x)V(x, \cdot)(j),$$

où

$$\Gamma(x)V(x,\cdot)(j) = \sum_{k \neq j, k \in \mathcal{E}} \gamma_{jk} (V(x,k) - V(x,j)).$$

Pour garantir la pertinence biologique du modèle (5.3), il est crucial de montrer que la solution reste dans l'ensemble  $\Delta$ , ce qui définit la région faisable pour la proportion de la population. Suivant les approches de Khasminskii et al. [176], Yuan et Mao [177], Han et Zhao [178] et Lah et al. [163], nous pouvons établir facilement le théorème suivant. Par souci de concision, la preuve est omise.

**Théorème 5.2.1.** *Le sous-ensemble  $\Delta$  est presque sûrement invariant positivement dans le système (5.3). Autrement dit, pour toute condition initiale  $(S_0, I_0, R_0, \xi_0) \in \Delta \times \mathcal{E}$ , nous avons*

$$\mathbf{P}\left((S(t), I(t), R(t), \xi(t)) \in \Delta \times \mathcal{E}, \text{ pour tout } t \geq 0\right) = 1.$$

Introduisons le lemme suivant, qui sera instrumental dans la démonstration de la condition d'extinction. Commençons par considérer, pour  $a, b > 0$ , la fonction  $f_{(a,b)}$  définie par

$$f_{(a,b)}(x, y) = x^a y^b, \quad \text{pour } x, y \in \mathbf{D},$$

où

$$\mathbf{D} = \left\{(x, y) \in \mathbb{R}_+^2 ; x + y \leq 1\right\}.$$

**Lemme 5.2.2.** *Soit  $a, b > 0$ . La fonction  $f_{(a,b)}$ , définie dans le domaine  $\mathbf{D}$ , atteint son maximum global au point critique  $\left(\frac{a}{a+b}, \frac{b}{a+b}\right)$ . La valeur maximale de  $f_{(a,b)}$  en ce point critique est donnée par*

$$f_{(a,b)}\left(\frac{a}{a+b}, \frac{b}{a+b}\right) = \frac{a^a b^b}{(a+b)^{a+b}}.$$

*De plus, la fonction  $f_{(a,b)}$  atteint le minimum global 0 lorsque  $x = 0$  ou  $y = 0$ , et nous avons les inégalités suivantes, pour  $x \in \left(0, \frac{a}{a+b}\right]$  et  $y \in \left(0, \frac{b}{a+b}\right]$ ,*

$$\begin{aligned} f_{(a,b)}(x, y) &\leq f_{(a,b)}\left(x, \frac{b}{a+b}\right) \leq f_{(a,b)}\left(\frac{a}{a+b}, \frac{b}{a+b}\right), \\ f_{(a,b)}(x, y) &\leq f_{(a,b)}\left(\frac{a}{a+b}, y\right) \leq f_{(a,b)}\left(\frac{a}{a+b}, \frac{b}{a+b}\right). \end{aligned}$$

*Démonstration.* Considérons l'ensemble  $\mathbf{D} = \{(x, y) \in \mathbb{R}_+^2 \mid x + y \leq 1\}$ . La fermeture de  $\mathbf{D}$ , notée  $\overline{\mathbf{D}}$ , est à la fois fermée et bornée dans  $\mathbb{R}^2$ , ce qui implique que  $\overline{\mathbf{D}}$  est compacte par le théorème de Heine-Borel. La fonction  $f_{(a,b)}(x, y) = x^a y^b$  est continue sur  $\overline{\mathbf{D}}$ . Par conséquent,  $f_{(a,b)}$  est bornée sur  $\overline{\mathbf{D}}$  et atteint ses extrema dans ce domaine compact. Sur la frontière de  $\mathbf{D}$ , où  $x = 0$  ou  $y = 0$ , nous observons que  $f_{(a,b)}(x, y) = 0$ . De plus, comme les fonctions partielles  $f_{(a,b)}(x, \cdot)$  et  $f_{(a,b)}(\cdot, y)$  augmentent par rapport à  $x$  et  $y$ , le maximum de  $f_{(a,b)}$  doit se produire le long de la frontière de la ligne  $x + y = 1$  dans le domaine  $\mathbf{D}$ . Pour déterminer les points critiques de  $f_{(a,b)}$ , nous calculons ses dérivées partielles. En différenciant par rapport à  $x$ , nous calculons :

$$\begin{aligned}\frac{df_{(a,b)}(x, y)}{dx} &= \frac{\partial f_{(a,b)}(x, y)}{\partial x} + \frac{\partial y}{\partial x} \frac{\partial f_{(a,b)}(x, y)}{\partial y} \\ &= ax^{a-1}y^b - bx^ay^{b-1}.\end{aligned}$$

En posant cette dérivée égale à zéro et en utilisant la contrainte  $x + y = 1$ , nous obtenons

$$x = \frac{a}{a+b} \quad \text{et} \quad y = \frac{b}{a+b}.$$

Ainsi, le point critique est  $(\frac{a}{a+b}, \frac{b}{a+b})$ . Ensuite, nous évaluons  $f_{(a,b)}$  le long de la frontière de  $\mathbf{D}$ , où  $x + y = 1$ . Au point critique, nous avons

$$f_{(a,b)}\left(\frac{a}{a+b}, \frac{b}{a+b}\right) = \frac{a^a b^b}{(a+b)^{a+b}}.$$

Il est évident que lorsque  $x \rightarrow 0$  ou  $y \rightarrow 0$ , la fonction tend vers zéro, c'est-à-dire que  $f_{(a,b)}(0, y) = 0$  ou  $f_{(a,b)}(x, 0) = 0$ . D'après le théorème des valeurs extrêmes, puisque  $f_{(a,b)}$  est continue sur  $\overline{\mathbf{D}}$ , elle atteint un maximum global et un minimum global dans  $\overline{\mathbf{D}}$ . Par conséquent, le maximum global  $\frac{a^a b^b}{(a+b)^{a+b}}$  se produit au point  $(\frac{a}{a+b}, \frac{b}{a+b})$ , et le minimum global 0 est atteint à la frontière de  $\mathbf{D}$ .  $\square$

Pour analyser les propriétés de stabilité de l'équilibre sans maladie, nous invoquons le résultat suivant basé sur les fonctions de Lyapunov.

**Lemme 5.2.3.** *S'il existe une fonction de Lyapunov  $V \in \mathcal{C}^2(\mathbb{R}^3 \times \mathcal{E}; \mathbb{R}^+)$  et une fonction  $w : \mathbb{R}^3 \rightarrow \mathbb{R}^+$  qui est nulle uniquement au point d'équilibre  $E_0$ . Si les conditions suivantes sont satisfaites*

$$\mathcal{L}V(x, j) \leq -w(x), \quad \text{pour tout } (x, j) \in \mathbb{R}^3 \times \mathcal{E}, \quad \text{et} \quad \liminf_{|x| \rightarrow \infty} V(x, j) = \infty,$$

*alors, l'état d'équilibre  $E_0$  du système (5.3) est globalement asymptotiquement stable en*

probabilité.

Ce lemme fournit une condition suffisante pour la stabilité asymptotique globale en probabilité, un concept rigoureusement formulé par Khasminskii et al. [176]. Ensuite, nous dérivons la condition de seuil, notée  $\Lambda$ , entre l'extinction et la persistance de la maladie, exprimée en termes des paramètres du modèle comme suit :

$$\Lambda = \begin{cases} \sum_{j=1}^r \pi_j \tilde{\Lambda}_j, & \text{si } \zeta_j < 1, \\ \sum_{j=1}^r \pi_j \bar{\Lambda}_j, & \text{si } \zeta_j \geq 1, \end{cases} \quad (5.6)$$

où

$$\tilde{\Lambda}_j = \frac{\beta_j^2}{2(1-\zeta_j)\sigma_j^2} - (\mu_j + \delta_j), \quad (5.7)$$

$$\bar{\Lambda}_j = \begin{cases} \frac{\beta_j^2}{2\sigma_j^2} - (\mu_j + \delta_j), & \text{si } \frac{\beta_j}{\sigma_j^2} \leq \frac{\rho_j^{\rho_j}(\zeta_j-1)^{\zeta_j-1}}{(\rho_j+\zeta_j-1)^{\rho_j+\zeta_j-1}}, \\ \Theta_j \left( \frac{\rho_j^{\rho_j}(\zeta_j-1)^{\zeta_j-1}}{(\rho_j+\zeta_j-1)^{\rho_j+\zeta_j-1}} \right), & \text{si } \frac{\beta_j}{\sigma_j^2} > \frac{\rho_j^{\rho_j}(\zeta_j-1)^{\zeta_j-1}}{(\rho_j+\zeta_j-1)^{\rho_j+\zeta_j-1}}, \end{cases} \quad (5.8)$$

et

$$\Theta_j(x) = -\frac{1}{2}\sigma_j^2 x^2 + \beta_j x - (\mu_j + \delta_j), \quad \forall x \in \mathbb{R}, \quad j \in \mathcal{E}.$$

## 5.3 Extinction

Dans cette section, nous analysons la condition d'extinction du système (5.3). Pour commencer, citons le théorème suivant qui étudie la stabilité globale de l'équilibre sans maladie.

### 5.3.1 Stabilité globale de l'état d'équilibre sans maladie

**Théorème 5.3.1.** Soit  $(S_0, I_0, R_0, \xi_0) \in \Delta \times \mathcal{E}$ . L'état d'équilibre sans maladie  $E_0$  est globalement asymptotiquement stable en probabilité si l'une des conditions suivantes est satisfaite

*i)* Si  $\zeta_j < 1$ , pour tout  $j \in \mathcal{E}$ , et

$$\Lambda = \sum_{j=1}^r \pi_j \widetilde{\Lambda}_j < 0. \quad (5.9)$$

*ii)* Si  $\zeta_j \geq 1$ , pour tout  $j \in \mathcal{E}$ , et

$$\Lambda = \sum_{j=1}^r \pi_j \overline{\Lambda}_j < 0. \quad (5.10)$$

*Démonstration.* Soit  $(S_0, I_0, R_0) \in \Delta$ . Nous définissons la fonction de Lyapunov suivante

$$V(S, I, R, j) = \vartheta_1(1-S)^2 + \left(\frac{1}{\varphi} + b_j\right) I^\varphi + \vartheta_2 R^2, \quad \forall j \in \mathcal{E},$$

où  $\vartheta_1 > 0$ ,  $\varphi > 0$ ,  $\vartheta_2 > 0$  et  $b_j$  sont des valeurs réelles qui seront déterminées dans les étapes suivantes. D'après la formule d'Itô, nous avons

$$\begin{aligned} \mathcal{L}V &= -2\vartheta_1\mu_j(1-S)^2 + 2\vartheta_1\beta_j S^{\rho_j} I^{\zeta_j} (1-S) - 2\vartheta_1\eta_j R(1-S) + \vartheta_1\sigma_j^2 S^{2\rho_j} I^{2\zeta_j} \\ &\quad - \varphi\left(\frac{1}{\varphi} + b_j\right)(\mu_j + \delta_j)I^\varphi + \varphi\left(\frac{1}{\varphi} + b_j\right)\beta_j S^{\rho_j} I^{\varphi+(\zeta_j-1)} \\ &\quad + \frac{1}{2}\varphi(\varphi-1)\left(\frac{1}{\varphi} + b_j\right)\sigma_j^2 S^{2\rho_j} I^{\varphi+2(\zeta_j-1)} - 2\vartheta_2(\mu_j + \eta_j)R^2 + 2\vartheta_2\delta_j IR \\ &\quad + I^\varphi \sum_{k \in \mathcal{E}, k \neq j} \gamma_{jk}(b_k - b_j). \end{aligned} \quad (5.11)$$

*(i)* Considérons le cas où  $\zeta_j < 1$ . Puisque  $S, I \in (0, 1)$ , et  $I \leq 1-S$ , alors si  $\varphi < \min_{j \in \mathcal{E}} \{\zeta_j\}$ , (5.11) donne

$$\begin{aligned} \mathcal{L}V &\leq -2\vartheta_1\mu_j(1-S)^2 - 2\vartheta_2(\mu_j + \eta_j)R^2 + 2(\vartheta_2\delta_j - \vartheta_1\eta_j)RI + 2\vartheta_1\beta_j I^\varphi \\ &\quad + \vartheta_1\sigma_j^2 I^\varphi - (1+b_j\varphi)(\mu_j + \delta_j)I^\varphi + (1+b_j\varphi)\beta_j S^{\rho_j} I^{\varphi+(\zeta_j-1)} \\ &\quad - \frac{1}{2}(1-\varphi)(1+b_j\varphi)\sigma_j^2 S^{2\rho_j} I^{\varphi+2(\zeta_j-1)} + I^\varphi \sum_{k \in \mathcal{E}, k \neq j} \gamma_{jk}(b_k - b_j). \end{aligned} \quad (5.12)$$

Pour  $\varphi < \min \left\{ \min_{j \in \mathcal{E}} \{\zeta_j\}, \frac{1}{\max_{j \in \mathcal{E}} \{|b_j|\}} \right\}$ , l'inégalité (5.12) devient

$$\begin{aligned} \mathcal{L}V &\leq -2\vartheta_1\mu_j(1-S)^2 - 2\vartheta_2(\mu_j + \eta_j)R^2 + 2(\vartheta_2\delta_j - \vartheta_1\eta_j)RI + (1 + b_j\varphi)I^\varphi \\ &\quad \times \left[ \frac{\vartheta_1(2\beta_j + \sigma_j^2)}{1 + b_j\varphi} - \frac{1}{2}(1\zeta_j)\sigma_j^2(S^{\rho_j}I^{(\zeta_j-1)})^2 + \beta_jS^{\rho_j}I^{(\zeta_j-1)} - (\mu_j + \delta_j) \right. \\ &\quad \left. + \frac{1}{1 + b_j\varphi} \sum_{k \in \mathcal{E}, k \neq j} \gamma_{jk}(b_k - b_j) \right]. \end{aligned} \quad (5.13)$$

Puisque  $\zeta_j < 1$ , la fonction quadratique  $-(\mu_j + \delta_j) + \beta_jx - \frac{1}{2}(1 - \zeta_j)\sigma_j^2x^2$  atteint sa valeur maximale pour  $x = \frac{\beta_j}{(1 - \zeta_j)\sigma_j^2}$ . Par conséquent, (5.13) implique

$$\begin{aligned} \mathcal{L}V &\leq -2\vartheta_1\mu_j(1-S)^2 - 2\vartheta_2(\mu_j + \eta_j)R^2 + 2(\vartheta_2\delta_j - \vartheta_1\eta_j)RI + (1 + b_j\varphi)I^\varphi \\ &\quad \times \left[ \frac{\vartheta_1(2\beta_j + \sigma_j^2)}{1 + b_j\varphi} + \frac{\beta_j^2}{2(1 - \zeta_j)\sigma_j^2} - (\mu_j + \delta_j) \right. \\ &\quad \left. + \frac{1}{1 + b_j\varphi} \sum_{k \in \mathcal{E}, k \neq j} \gamma_{jk}(b_k - b_j) \right]. \end{aligned} \quad (5.14)$$

Conformément à la définition de  $\widetilde{\Lambda}_j$  dans (5.7), à partir de (5.14), nous avons

$$\begin{aligned} \mathcal{L}V &\leq -2\vartheta_1\mu_j(1-S)^2 - 2\vartheta_2(\mu_j + \eta_j)R^2 + 2(\vartheta_2\delta_j - \vartheta_1\eta_j)RI + (1 + b_j\varphi)I^\varphi \\ &\quad \times \left[ \frac{\vartheta_1(2\beta_j + \sigma_j^2)}{1 + b_j\varphi} + \widetilde{\Lambda}_j - \frac{b_j\varphi}{1 + b_j\varphi} \sum_{k \in \mathcal{E}, k \neq j} \gamma_{jk}(b_k - b_j) \right. \\ &\quad \left. + \sum_{k \in \mathcal{E}, k \neq j} \gamma_{jk}(b_k - b_j) \right]. \end{aligned} \quad (5.15)$$

Puisque la matrice génératrice  $\Gamma$  est irréductible, il existe un vecteur  $B = (b_1, \dots, b_r)^\top$  qui satisfait le système de Poisson associé à  $\widetilde{\Lambda} = (\widetilde{\Lambda}_1, \dots, \widetilde{\Lambda}_r)^\top$  (voir [176] pour

plus de détails).

$$\Gamma B = -\tilde{\Lambda} + \left( \sum_{j=1}^r \pi_j \tilde{\Lambda}_j \right) \mathbf{e}, \quad (5.16)$$

où  $\mathbf{e}$  désigne le vecteur colonne dont toutes les entrées sont égales à 1. En substituant l'équation (5.16) dans l'inégalité (5.15), nous obtenons

$$\begin{aligned} \mathcal{L}V &\leq -2\vartheta_1\mu_j(1-S)^2 - 2\vartheta_2(\mu_j + \eta_j)R^2 + 2(\vartheta_2\delta_j - \vartheta_1\eta_j)IR + (1+b_j\varphi)I^\varphi \\ &\quad \times \left[ \frac{\vartheta_1(2\beta_j + \sigma_j^2)}{1+b_j\varphi} + \frac{b_j\varphi}{1+b_j\varphi} \left( \tilde{\Lambda}_j - \sum_{j=1}^r \pi_j \tilde{\Lambda}_j \right) + \sum_{j=1}^r \pi_j \tilde{\Lambda}_j \right]. \end{aligned}$$

D'après (5.9), nous pouvons choisir une valeur suffisamment petite pour  $\varphi_0$  telle que

$$\max_{j \in \mathcal{E}} \left\{ \frac{b_j\varphi_0}{1+b_j\varphi_0} \left( \tilde{\Lambda}_j - \sum_{j=1}^r \pi_j \tilde{\Lambda}_j \right) + \sum_{j=1}^r \pi_j \tilde{\Lambda}_j \right\} < 0.$$

Ensuite, nous choisissons  $\varphi$ ,  $\vartheta_1$ , et  $\vartheta_2$  satisfaisant les conditions suivantes

$$\varphi < \min \left\{ \frac{1}{\max_{j \in \mathcal{E}} \{ |b_j| \}}, \min_{j \in \mathcal{E}} \{ \zeta_j \}, \varphi_0 \right\},$$

$$0 < \vartheta_1$$

$$< -\frac{1 + \varphi \min_{j \in \mathcal{E}} \{ b_j \}}{2 \max_{j \in \mathcal{E}} \{ \beta_j \} + \max_{j \in \mathcal{E}} \{ \sigma_j^2 \}} \times \max_{j \in \mathcal{E}} \left\{ \frac{b_j\varphi}{1+b_j\varphi} \left( \tilde{\Lambda}_j - \sum_{k=1}^r \pi_k \tilde{\Lambda}_k \right) + \sum_{k=1}^r \pi_k \tilde{\Lambda}_k \right\},$$

et

$$\vartheta_2 < \min_{j \in \mathcal{E}} \left\{ \frac{\vartheta_1 \eta_j}{\delta_j} \right\}.$$

D'où,

$$\mathcal{L}V \leq -\left( A_j(1-S)^2 + C_j I^\varphi + B_j R^2 \right), \quad (5.17)$$

où

$$A_j = 2\vartheta_1\mu_j > 0, \quad B_j = 2\vartheta_2(\mu_j + \eta_j) > 0,$$

et

$$C_j = -(1 + b_j\varphi) \left[ \frac{\vartheta_1(2\beta_j + \sigma_j^2)}{1 + b_j\varphi} + \frac{b_j\varphi}{1 + b_j\varphi} \left( \widetilde{\Lambda}_j - \sum_{j=1}^r \pi_j \widetilde{\Lambda}_j \right) + \sum_{j=1}^r \pi_j \widetilde{\Lambda}_j \right] > 0.$$

(ii) Maintenant, considérons le cas où  $\zeta_j \geq 1$ . Pour tout  $\varphi \leq 1$ , étant donné que  $S, I \in (0, 1)$  et  $I \leq 1 - S$ , l'expression dans (5.11) peut être réécrite comme suit

$$\begin{aligned} \mathcal{L}V &\leq -2\vartheta_1\mu_j(1-S)^2 + 2\vartheta_1\beta_jI^\varphi + \vartheta_1\sigma_j^2I^\varphi - (1+b_j\varphi)(\mu_j + \delta_j)I^\varphi \\ &\quad + (1+b_j\varphi)\beta_jS^{\rho_j}I^{\varphi+(\zeta_j-1)} + \frac{1}{2}\varphi\sigma_j^2 - \frac{1}{2}(1+b_j\varphi)\sigma_j^2S^{2\rho_j}I^{\varphi+2(\zeta_j-1)} \\ &\quad - 2\vartheta_2(\mu_j + \eta_j)R^2 + 2(\vartheta_2\delta_j - \vartheta_1\eta_j)IR + I^\varphi \sum_{k \in \mathcal{E}, k \neq j} \gamma_{jk}(b_k - b_j). \end{aligned}$$

En réarrangeant, nous obtenons

$$\begin{aligned} \mathcal{L}V &\leq -2\vartheta_1\mu_j(1-S)^2 - 2\vartheta_2(\mu_j + \eta_j)R^2 + 2(\vartheta_2\delta_j - \vartheta_1\eta_j)IR + (1+b_j\varphi)I^\varphi \\ &\quad \times \left( \frac{\vartheta_1(2\beta_j + \sigma_j^2)}{1 + b_j\varphi} + \frac{1}{2}\varphi\sigma_j^2 + \Theta_j(S^{\rho_j}I^{(\zeta_j-1)}) \right. \\ &\quad \left. + \frac{1}{1 + b_j\varphi} \sum_{k \in \mathcal{E}, k \neq j} \gamma_{jk}(b_k - b_j) \right). \end{aligned} \tag{5.18}$$

D'après le lemme 5.2.2 et le fait que la fonction quadratique  $\Theta_j$  augmente dans l'intervalle  $\left[0, \frac{\beta_j}{\sigma_j^2}\right]$  et atteint son maximum pour  $\frac{\beta_j}{\sigma_j^2}$ , l'inégalité (5.18) conduit aux deux cas suivants.

- Si  $\frac{\beta_j}{\sigma_j^2} \leq \frac{\rho_j^{\rho_j}(\zeta_j-1)^{\zeta_j-1}}{(\rho_j+\zeta_j-1)^{\rho_j+\zeta_j-1}}$ ,

$$\begin{aligned} \mathcal{L}V &\leq -2\vartheta_1\mu_j(1-S)^2 - 2\vartheta_2(\mu_j + \eta_j)R^2 + 2(\vartheta_2\delta_j - \vartheta_1\eta_j)IR \\ &\quad + (1+b_j\varphi)I^\varphi \times \left( \frac{\vartheta_1(2\beta_j + \sigma_j^2)}{1 + b_j\varphi} + \frac{\beta_j^2}{2(1-\zeta_j)\sigma_j^2} - (\mu_j + \delta_j) \right) \end{aligned}$$

$$\left. + \frac{1}{1+b_j\varphi} \sum_{k \in \mathcal{E}, k \neq j} \gamma_{jk} (b_k - b_j) \right\}. \quad (5.19)$$

- Si  $\frac{\beta_j}{\sigma_j^2} > \frac{\rho_j^{\rho_j} (\zeta_j - 1)^{\zeta_j - 1}}{(\rho_j + \zeta_j - 1)^{\rho_j + \zeta_j - 1}}$ ,

$$\begin{aligned} \mathcal{L}V \leq & -2\vartheta_1\mu_j(1-S)^2 - 2\vartheta_2(\mu_j + \eta_j)R^2 + 2(\vartheta_2\delta_j - \vartheta_1\eta_j)IR \\ & + (1+b_j\varphi)I^\varphi \times \left\{ \frac{\vartheta_1(2\beta_j + \sigma_j^2)}{1+b_j\varphi} + \frac{1}{2}\varphi\sigma_j^2 \right. \\ & \left. + \Theta_j \left( \frac{\rho_j^{\rho_j} (\zeta_j - 1)^{\zeta_j - 1}}{(\rho_j + \zeta_j - 1)^{\rho_j + \zeta_j - 1}} \right) + \frac{\sum_{k \in \mathcal{E}, k \neq j} \gamma_{jk} (b_k - b_j)}{1+b_j\varphi} \right\}. \quad (5.20) \end{aligned}$$

D'après (5.19), (5.20) et la définition de  $\bar{\Lambda}_j$ , comme donné dans (5.8), on obtient facilement

$$\begin{aligned} \mathcal{L}V \leq & -2\vartheta_1\mu_j(1-S)^2 - 2\vartheta_2(\mu_j + \eta_j)R^2 + 2(\vartheta_2\delta_j - \vartheta_1\eta_j)IR + (1+b_j\varphi)I^\varphi \\ & \times \left( \frac{\vartheta_1(2\beta_j + \sigma_j^2)}{1+b_j\varphi} + \frac{1}{2}\varphi\sigma_j^2 + \bar{\Lambda}_j - \frac{b_j\varphi}{1+b_j\varphi} \sum_{k \in \mathcal{E}, k \neq j} \gamma_{jk} (b_k - b_j) \right. \\ & \left. + \sum_{k \in \mathcal{E}, k \neq j} \gamma_{jk} (b_k - b_j) \right). \end{aligned}$$

En utilisant un raisonnement similaire au premier cas (*i*), et en ajustant légèrement le choix de  $\varphi$  et  $\vartheta_1$ , il s'ensuit qu'il existe des constantes réelles positives  $A_j$ ,  $D_j$ , et  $B_j$ . En combinant les équations (5.10) et (5.16), nous pouvons déduire

$$\begin{aligned} \mathcal{L}V \leq & -2\vartheta_1\mu_j(1-S)^2 - 2\vartheta_2(\mu_j + \eta_j)R^2 + 2(\vartheta_2\delta_j - \vartheta_1\eta_j)RI + (1+b_j\varphi)I^\varphi \\ & \times \left[ \frac{\vartheta_1(2\beta_j + \sigma_j^2)}{1+b_j\varphi} + \frac{1}{2}\varphi\sigma_j^2 + \frac{b_j\varphi}{1+b_j\varphi} \left( \bar{\Lambda}_j - \sum_{j=1}^r \pi_j \bar{\Lambda}_j \right) + \sum_{j=1}^r \pi_j \bar{\Lambda}_j \right] \\ \triangleq & - (A_j(1-S)^2 + D_j I^\varphi + B_j R^2). \quad (5.21) \end{aligned}$$

En appliquant le lemme 5.2.3 et en utilisant les inégalités (5.17) et (5.21), nous concluons la démonstration du théorème.  $\square$

### 5.3.2 Extinction exponentielle presque sûre

**Théorème 5.3.2.** Soit  $(S_0, I_0, R_0, \xi_0) \in \Delta \times \mathcal{E}$ . Alors, l'état d'équilibre sans maladie  $E_0$  du système (5.3) est presque sûrement exponentiellement extinctible si l'une des conditions suivantes est vérifiée :

**i)** Si  $\zeta_j \geq 1$ ,  $\frac{\beta_j}{2\sigma_j^2} > \frac{\rho_j^{\rho_j}(\zeta_j-1)^{\zeta_j-1}}{2(\rho_j+\zeta_j-1)^{\rho_j+\zeta_j-1}}$ ,  $j \in \mathcal{E}$ , et

$$\sum_{j=1}^r \pi_j \widetilde{\Psi}_j \left( \frac{\rho_j^{\rho_j}(\zeta_j-1)^{\zeta_j-1}}{2(\rho_j+\zeta_j-1)^{\rho_j+\zeta_j-1}} \right) < 0, \quad (5.22)$$

où

$$\widetilde{\Psi}_j(x) = -\mu_j + 2\beta_j x - 2\sigma_j^2 x^2, \quad j \in \mathcal{E}, x \in \mathbb{R}.$$

**ii)** Si  $\zeta_j \geq 1$ ,  $\frac{\beta_j}{2\sigma_j^2} \leq \frac{\rho_j^{\rho_j}(\zeta_j-1)^{\zeta_j-1}}{2(\rho_j+\zeta_j-1)^{\rho_j+\zeta_j-1}}$ ,  $j \in \mathcal{E}$ , et

$$\sum_{j=1}^r \pi_j \left( \frac{\beta_j^2 - 2\mu_j \sigma_j^2}{2\sigma_j^2} \right) < 0. \quad (5.23)$$

*Démonstration.* Dans le cas où  $\zeta_j \geq 1$ , définissons la fonction

$$U(S, I, R, j) = \ln(1 - S + I + R)$$

. En appliquant le lemme d'Itô, on obtient

$$\begin{aligned} dU(S, I, R, j) &= \frac{1}{1 - S + I + R} \left( -\mu_\xi(1 - S) + 2\beta_\xi S^{\rho_\xi} I^{\zeta_\xi} - \mu_\xi I - (\mu_\xi + 2\eta_\xi)R \right) dt \\ &\quad - 2\sigma_\xi^2 \left( \frac{S^{\rho_\xi} I^{\zeta_\xi}}{1 - S + I + R} \right)^2 dt + \frac{2\sigma_\xi S^{\rho_\xi} I^{\zeta_\xi}}{1 - S + I + R} dW. \end{aligned} \quad (5.24)$$

Sachant que

$$\frac{1}{1 - S + I + R} \left( -\mu_\xi(1 - S) - \mu_\xi I - (\mu_\xi + 2\eta_\xi)R \right) \leq -\mu_\xi, \quad (5.25)$$

de (5.24) et (5.25), nous déduisons que

$$dU(S, I, R, j) \leq \left[ -\mu_\xi + 2\beta_\xi \left( \frac{S^{\rho_\xi} I^{\zeta_\xi}}{1 - S + I + R} \right) - 2\sigma_\xi^2 \left( \frac{S^{\rho_\xi} I^{\zeta_\xi}}{1 - S + I + R} \right)^2 \right] dt$$

$$\begin{aligned}
& + \frac{2\sigma_\xi S^{\rho_\xi} I^{\zeta_\xi}}{1-S+I+R} dW \\
& = \widetilde{\Psi}_\xi \left( \frac{S^{\rho_\xi} I^{\zeta_\xi}}{1-S+I+R} \right) dt + \frac{2\sigma_\xi S^{\rho_\xi} I^{\zeta_\xi}}{1-S+I+R} dW. \tag{5.26}
\end{aligned}$$

En intégrant (5.26), on obtient

$$U(t) \leq U(0) + \int_0^t \widetilde{\Psi}_{\xi(s)} \left( \frac{S^{\rho_{\xi(s)}} I^{\zeta_{\xi(s)}}}{1-S(s)+I(s)+R(s)} \right) ds + M_t, \tag{5.27}$$

où

$$M_t = \int_0^t \frac{2\sigma_{\xi(s)}(S(s))^{\rho_{\xi(s)}}(I(s))^{\zeta_{\xi(s)}}}{1-S(s)+I(s)+R(s)} dW(s). \tag{5.28}$$

Puisque  $S, I, R \in (0, 1)$ ,  $I \leq 1 - S$  et  $1 - S + I + R = 2(1 - S)$ , alors par le lemme 5.2.2, il en résulte que

$$\begin{aligned}
\frac{S^{\rho_\xi} I^{\zeta_\xi}}{1-S+I+R} & \leq \frac{1}{2} S^{\rho_\xi} (1-S)^{\zeta_\xi-1} \\
& \leq \frac{\rho_\xi^{\rho_\xi} (\zeta_\xi-1)^{(\zeta_\xi-1)}}{2(\rho_\xi + \zeta_\xi - 1)^{\rho_\xi + \zeta_\xi - 1}}. \tag{5.29}
\end{aligned}$$

Selon (5.28) et (5.29), nous obtenons

$$\begin{aligned}
[M]_t & = \int_0^t \left( \frac{2\sigma_{\xi(s)}(S(s))^{\rho_{\xi(s)}}(I(s))^{\zeta_{\xi(s)}}}{1-S(s)+I(s)+R(s)} \right)^2 ds \\
& \leq \left[ \max_{j \in \mathcal{E}} \sigma_j^2 \left( \frac{\rho_j^{\rho_j} (\zeta_j-1)^{\zeta_j-1}}{(\rho_j + \zeta_j - 1)^{\rho_j + \zeta_j - 1}} \right)^2 \right] t. \tag{5.30}
\end{aligned}$$

Ainsi, en appliquant la loi des grands nombres pour les martingales (voir [179]), nous obtenons

$$\limsup_{t \rightarrow \infty} \frac{M_t}{t} = 0 \quad \text{p.s..} \tag{5.31}$$

(i) Si  $\frac{\beta_j}{2\sigma_j^2} > \frac{\rho_j^{\rho_j} (\zeta_j-1)^{\zeta_j-1}}{2(\rho_j + \zeta_j - 1)^{\rho_j + \zeta_j - 1}}$ , alors la fonction  $\widetilde{\Psi}_j$  est croissante sur  $\left[0, \frac{\beta_j}{2\sigma_j^2}\right]$ . De (5.29),

il résulte que

$$\widetilde{\Psi}_\xi \left( \frac{S^{\rho_\xi} I^{\zeta_\xi}}{1 - S + I + R} \right) \leq \widetilde{\Psi}_\xi \left( \frac{\rho_\xi^{\rho_\xi} (\zeta_\xi - 1)^{(\zeta_\xi - 1)}}{2 (\rho_\xi + \zeta_\xi - 1)^{\rho_\xi + \zeta_\xi - 1}} \right). \quad (5.32)$$

Par conséquent, de (5.27) et (5.32), nous obtenons

$$U(t) \leq U(0) + \int_0^t \widetilde{\Psi}_{\xi(s)} \left( \frac{\rho_{\xi(s)}^{\rho_{\xi(s)}} (\zeta_{\xi(s)} - 1)^{(\zeta_{\xi(s)} - 1)}}{2 (\rho_{\xi(s)} + \zeta_{\xi(s)} - 1)^{\rho_{\xi(s)} + \zeta_{\xi(s)} - 1}} \right) ds + M_t. \quad (5.33)$$

En appliquant le théorème ergodique de Birkhoff, on obtient

$$\begin{aligned} \limsup_{t \rightarrow \infty} \frac{1}{t} \int_0^t \widetilde{\Psi}_{\xi(s)} \left( \frac{\rho_{\xi(s)}^{\rho_{\xi(s)}} (\zeta_{\xi(s)} - 1)^{(\zeta_{\xi(s)} - 1)}}{2 (\rho_{\xi(s)} + \zeta_{\xi(s)} - 1)^{\rho_{\xi(s)} + \zeta_{\xi(s)} - 1}} \right) ds \\ = \sum_{j=1}^r \pi_j \widetilde{\Psi}_j \left( \frac{\rho_j^{\rho_j} (\zeta_j - 1)^{\zeta_j - 1}}{2 (\rho_j + \zeta_j - 1)^{\rho_j + \zeta_j - 1}} \right) \text{ p.s..} \end{aligned} \quad (5.34)$$

Si (5.22) est vérifié, alors, par (5.31), (5.33), et (5.34), nous obtenons

$$\begin{aligned} \limsup_{t \rightarrow \infty} \frac{1}{t} \ln [1 - S(t) + I(t) + R(t)] &\leq \sum_{j=1}^r \pi_j \widetilde{\Psi}_j \left( \frac{\rho_j^{\rho_j} (\zeta_j - 1)^{\zeta_j - 1}}{2 (\rho_j + \zeta_j - 1)^{\rho_j + \zeta_j - 1}} \right) \\ &< 0 \quad \text{p.s..} \end{aligned} \quad (5.35)$$

**(ii)** Si  $\frac{\beta_j}{2\sigma_j^2} \leq \frac{\rho_j^{\rho_j} (\zeta_j - 1)^{\zeta_j - 1}}{2(\rho_j + \zeta_j - 1)^{\rho_j + \zeta_j - 1}}$ , alors de (5.27) et du fait que la fonction  $\widetilde{\Psi}_j$  atteint son maximum en  $\frac{\beta_j}{2\sigma_j^2}$ , on peut facilement vérifier

$$\begin{aligned} U(t) &\leq U(0) + \int_0^t \widetilde{\Psi}_{\xi(s)} \left( \frac{\beta_{\xi(s)}}{2\sigma_{\xi(s)}^2} \right) ds \\ &\quad + \int_0^t \frac{2\sigma_{\xi(s)} S^{\rho_{\xi(s)}} I^{\zeta_{\xi(s)}}}{1 - S(s) + I(s) + R(s)} dW(s), \end{aligned} \quad (5.36)$$

où

$$\widetilde{\Psi}_{\xi(s)} \left( \frac{\beta_{\xi(s)}}{2\sigma_{\xi(s)}^2} \right) = \frac{\beta_{\xi(s)}^2 - 2\mu_{\xi(s)}\sigma_{\xi(s)}^2}{2\sigma_{\xi(s)}^2}.$$

De manière similaire à la démonstration (*i*), si (5.23) est vérifié, alors

$$\begin{aligned} \limsup_{t \rightarrow \infty} \frac{1}{t} \ln [1 - S(t) + I(t) + R(t)] &\leq \sum_{j=1}^r \pi_j \left( \frac{\beta_j^2 - 2\mu_j\sigma_j^2}{2\sigma_j^2} \right) \\ &< 0 \quad \text{p.s..} \end{aligned} \quad (5.37)$$

En utilisant (5.35) et (5.37), nous déduisons

$$\limsup_{t \rightarrow \infty} \frac{1}{t} \ln [1 - S(t) + I(t) + R(t)] < 0, \quad \text{p.s..}$$

Cela termine la démonstration. □

### 5.3.3 Stabilité des moments exponentiels

Nous présentons le théorème suivant, qui établit des conditions suffisantes pour garantir la stabilité exponentielle du  $q$ -ième moment de l'état d'équilibre sans maladie  $E_0$  pour le système (5.3).

**Théorème 5.3.3.** Soit  $q > 0$ . La solution  $(S(t), I(t), R(t), \xi(t))$  du système différentiel stochastique (5.3) est dite exponentiellement stable dans le  $q$ -ième moment si l'une des conditions suivantes est vérifiée :

*i)* Si  $\zeta_j \geq 1$ ,  $\frac{\beta_j}{2\sigma_j^2} > \frac{\rho_j^{\rho_j}(\zeta_j-1)^{\zeta_j-1}}{2(\rho_j+\zeta_j-1)^{\rho_j+\zeta_j-1}}$ , pour tout  $j \in \mathcal{E}$ , et

$$\sum_{j=1}^r \pi_j \left[ -\mu_j + 2\beta_j \frac{\rho_j^{\rho_j}(\zeta_j-1)^{\zeta_j-1}}{(\rho_j+\zeta_j-1)^{\rho_j+\zeta_j-1}} + 2(q-1)\sigma_j^2 \left( \frac{\rho_j^{\rho_j}(\zeta_j-1)^{\zeta_j-1}}{(\rho_j+\zeta_j-1)^{\rho_j+\zeta_j-1}} \right)^2 \right] < 0. \quad (5.38)$$

*ii)* Si  $\zeta_j \geq 1$ ,  $\frac{\beta_j}{2\sigma_j^2} \leq \frac{\rho_j^{\rho_j}(\zeta_j-1)^{\zeta_j-1}}{2(\rho_j+\zeta_j-1)^{\rho_j+\zeta_j-1}}$ , pour tout  $j \in \mathcal{E}$ , et

$$\sum_{j=1}^r \pi_j \left( \frac{\beta_j^2 - 2\mu_j\sigma_j^2}{2\sigma_j^2} + \frac{1}{2} q \sigma_j^2 \left( \frac{\rho_j^{\rho_j}(\zeta_j-1)^{\zeta_j-1}}{(\rho_j+\zeta_j-1)^{\rho_j+\zeta_j-1}} \right)^2 \right) < 0. \quad (5.39)$$

*Démonstration.* (i) Dans le cas où  $\zeta_j \geq 1$  et  $\frac{\beta_j}{2\sigma_j^2} > \frac{\rho_j^{\rho_j} (\zeta_j - 1)^{\zeta_j - 1}}{2(\rho_j + \zeta_j - 1)^{\rho_j + \zeta_j - 1}}$ , on peut facilement dériver de (5.33)

$$\begin{aligned} \ln [(1 - S(t) + I(t) + R(t))^q] &\leq \ln [(1 - S_0 + I_0 + R_0)^q] + qM_t \\ &\quad + q \int_0^t \widetilde{\Psi}_{\xi(s)} \left( \frac{\rho_{\xi(s)}^{\rho_{\xi(s)}} (\zeta_{\xi(s)} - 1)^{(\zeta_{\xi(s)} - 1)}}{2(\rho_{\xi(s)} + \zeta_{\xi(s)} - 1)^{\rho_{\xi(s)} + \zeta_{\xi(s)} - 1}} \right) ds. \end{aligned} \quad (5.40)$$

Par le théorème ergodique de Birkhoff, pour tout  $\varepsilon > 0$  et pour des valeurs suffisamment grandes de  $t$ , nous avons

$$\begin{aligned} &\int_0^t \widetilde{\Psi}_{\xi(s)} \left( \frac{\rho_{\xi(s)}^{\rho_{\xi(s)}} (\zeta_{\xi(s)} - 1)^{(\zeta_{\xi(s)} - 1)}}{2(\rho_{\xi(s)} + \zeta_{\xi(s)} - 1)^{\rho_{\xi(s)} + \zeta_{\xi(s)} - 1}} \right) ds \\ &\leq \left[ \sum_{j=1}^r \pi_j \widetilde{\Psi}_j \left( \frac{\rho_j^{\rho_j} (\zeta_j - 1)^{(\zeta_j - 1)}}{2(\rho_j + \zeta_j - 1)^{\rho_j + \zeta_j - 1}} \right) + \frac{\varepsilon}{2q} \right] t. \end{aligned} \quad (5.41)$$

En combinant (5.40) et (5.41), on obtient

$$\begin{aligned} \mathbb{E} \left[ \frac{(1 - S(t) + I(t) + R(t))^q}{(1 - S_0 + I_0 + R_0)^q} \right] &\leq e^{\left[ q \left[ \sum_{j=1}^r \pi_j \widetilde{\Psi}_j \left( \frac{\rho_j^{\rho_j} (\zeta_j - 1)^{(\zeta_j - 1)}}{2(\rho_j + \zeta_j - 1)^{\rho_j + \zeta_j - 1}} \right) + \frac{\varepsilon}{2q} \right] t \right]} \\ &\quad \times \mathbb{E}[e^{qM_t}]. \end{aligned} \quad (5.42)$$

D'une part,  $qM_t$  est une martingale à valeurs réelles continues avec la condition initiale  $qM_0 = 0$ . De plus, selon (5.29) et (5.30), la variation quadratique obéit à

$$[qM]_t \leq 4q^2 \int_0^t \sigma_{\xi(s)}^2 \left( \frac{\rho_{\xi(s)}^{\rho_{\xi(s)}} (\zeta_{\xi(s)} - 1)^{(\zeta_{\xi(s)} - 1)}}{2(\rho_{\xi(s)} + \zeta_{\xi(s)} - 1)^{\rho_{\xi(s)} + \zeta_{\xi(s)} - 1}} \right)^2 ds. \quad (5.43)$$

Par la propriété ergodique de la chaîne de Markov  $\xi(t)$  et (5.43), il en résulte que pour des valeurs suffisamment grandes de  $t$ , nous avons

$$[qM]_t \leq q^2 \left[ \sum_{j=1}^r 4\pi_j \sigma_j^2 \left( \frac{\rho_j^{\rho_j} (\zeta_j - 1)^{(\zeta_j - 1)}}{2(\rho_j + \zeta_j - 1)^{\rho_j + \zeta_j - 1}} \right)^2 + \frac{\varepsilon}{q^2} \right] t.$$

D'autre part,  $\exp(qM_t - \frac{1}{2}[qM]_t)$  est une martingale. Par conséquent, pour des valeurs suffisamment grandes de  $t$ , nous déduisons que

$$\begin{aligned} \mathbb{E}[e^{qM_t}] &= \mathbb{E}[e^{\frac{1}{2}[qM]_t}] \\ &\leq e^{\left( q^2 \left[ \sum_{j=1}^r 2\pi_j \sigma_j^2 \left( \frac{\rho_j^{\rho_j} (\zeta_j - 1)^{(\zeta_j - 1)}}{2(\rho_j + \zeta_j - 1)^{\rho_j + \zeta_j - 1}} \right)^2 + \frac{\varepsilon}{2q^2} \right] t \right)}. \end{aligned} \quad (5.44)$$

En combinant (5.42) et (5.44), nous obtenons

$$\begin{aligned} &\mathbb{E}\left[ \frac{(1 - S(t) + I(t) + R(t))^q}{(1 - S_0 + I_0 + R_0)^q} \right] \\ &\leq e^{\left( q \sum_{j=1}^r \pi_j \left[ \widetilde{\Psi}_j \left( \frac{\rho_j^{\rho_j} (\zeta_j - 1)^{(\zeta_j - 1)}}{2(\rho_j + \zeta_j - 1)^{\rho_j + \zeta_j - 1}} \right) + 2q\sigma_j^2 \left( \frac{\rho_j^{\rho_j} (\zeta_j - 1)^{(\zeta_j - 1)}}{2(\rho_j + \zeta_j - 1)^{\rho_j + \zeta_j - 1}} \right)^2 \right] t + \varepsilon t \right)} \\ &= e^{\left( q \sum_{j=1}^r \pi_j \left[ -\mu_j + 2\beta_j \frac{\rho_j^{\rho_j} (\zeta_j - 1)^{(\zeta_j - 1)}}{2(\rho_j + \zeta_j - 1)^{\rho_j + \zeta_j - 1}} + 2(q-1)\sigma_j^2 \left( \frac{\rho_j^{\rho_j} (\zeta_j - 1)^{(\zeta_j - 1)}}{2(\rho_j + \zeta_j - 1)^{\rho_j + \zeta_j - 1}} \right)^2 \right] t + \varepsilon t \right)}. \end{aligned} \quad (5.45)$$

Ainsi, si (5.38) est vérifiée, alors en laissant  $t \rightarrow +\infty$  et  $\varepsilon \rightarrow 0$ , l'assertion désirée est établie.

**(ii)** Maintenant, pour le cas où  $\zeta_j \geq 1$  et  $\frac{\beta_j}{2\sigma_j^2} \leq \frac{\rho_j^{\rho_j} (\zeta_j - 1)^{(\zeta_j - 1)}}{2(\rho_j + \zeta_j - 1)^{\rho_j + \zeta_j - 1}}$ , il résulte de (5.36)

$$\begin{aligned} \ln[(1 - S(t) + I(t) + R(t))^q] &\leq \ln[(1 - S_0 + I_0 + R_0)^q] + qM_t \\ &\quad + q \int_0^t \left( \frac{\beta_{\xi(s)}^2 - 2\mu_{\xi(s)}\sigma_{\xi(s)}^2}{2\sigma_{\xi(s)}^2} \right) ds. \end{aligned}$$

De manière similaire à la démonstration (i) et en utilisant (5.39), nous obtenons

$$\begin{aligned} & \limsup_{t \rightarrow \infty} \frac{1}{t} \ln \mathbb{E}[(1 - S(t) + I(t) + R(t))^q] \\ & \leq q \sum_{j=1}^r \pi_j \left( \frac{\beta_j^2 - 2\mu_j \sigma_j^2}{2\sigma_j^2} + \frac{q}{2} \sigma_j^2 \left( \frac{\rho_j^{\rho_j} (\zeta_j - 1)^{\zeta_j - 1}}{(\rho_j + \zeta_j - 1)^{\rho_j + \zeta_j - 1}} \right)^2 \right) < 0. \quad (5.46) \end{aligned}$$

Cela termine la démonstration. □

## 5.4 Persistance stochastique

Les critères de persistance stochastique sont dérivés en fonction des paramètres du modèle. La démonstration repose sur le lemme suivant.

**Lemme 5.4.1.** *Soit  $X$  une variable aléatoire et soient  $\alpha_0 > 0$  et  $C_1 > 0$  des constantes positives. On suppose que*

$$\mathbb{E}[\exp(\alpha_0 X)] + \mathbb{E}[\exp(-\alpha_0 X)] \leq C_1.$$

*Alors, la transformée de Laplace logarithmique  $\varphi(\alpha) = \ln \mathbb{E}[\exp(\alpha X)]$  est deux fois différentiable sur  $[0, \frac{\alpha_0}{2}]$ , et il existe une constante  $C_2 > 0$  telle que*

$$\varphi(\alpha) \leq \alpha \mathbb{E}[X] + \alpha^2 C_2, \quad \text{pour } \alpha \in [0, \frac{\alpha_0}{2}].$$

*Démonstration.* La démonstration de ce lemme peut être trouvée dans [180]. □

En utilisant le lemme 5.4.1 et les méthodologies décrites dans [180, 181], nous procédons à démontrer la persistance stochastique de la maladie lorsque  $\Lambda > 0$ .

**Théorème 5.4.2.** *Si  $\Lambda > 0$ , la maladie persiste stochastiquement, c'est-à-dire que pour tout  $\varepsilon > 0$ , il existe une constante  $v > 0$  telle que*

$$\liminf_{t \rightarrow \infty} \mathbf{P}_{X_0, j}(I(t) \geq v) > 1 - \varepsilon, \quad \text{pour tout } (X_0, j) \in \Delta \times \mathcal{E}.$$

*Démonstration.* Considérons la fonction  $V_\alpha(S, I, R, j) = I^\alpha$ , où  $\alpha \in (0, 1)$  est une constante réelle. Le générateur infinitésimal  $\mathcal{L}V_\alpha$  est donné par

$$\mathcal{L}V_\alpha = \alpha I^{\alpha-1} \left[ -(\mu_j + \delta_j)I + \beta_j S^{\rho_j} I^{\zeta_j} \right] + \frac{1}{2} \alpha(\alpha - 1) I^{\alpha-2} \left( \sigma_j S^{\rho_j} I^{\zeta_j} \right)^2$$

$$= \alpha \left[ -(\mu_j + \delta_j) + \beta_j S^{\rho_j} I^{\zeta_j-1} + \frac{\alpha-1}{2} \sigma_j^2 S^{2\rho_j} I^{2(\zeta_j-1)} \right] I^\alpha. \quad (5.47)$$

Nous définissons

$$M_\alpha = \sup_{(S,I,R,j) \in \Delta \times \mathcal{E}} \left\{ \alpha \left( -(\mu_j + \delta_j) + \beta_j S^{\rho_j} I^{\zeta_j-1} + \frac{\alpha-1}{2} \sigma_j^2 S^{2\rho_j} I^{2(\zeta_j-1)} \right) \right\}. \quad (5.48)$$

En combinant (5.47) et (5.48), nous obtenons

$$\mathcal{L} V_\alpha \leq M_\alpha V_\alpha. \quad (5.49)$$

Pour tout  $(X_0, j) = (S_0, I_0, R_0, j) \in \Delta \times \mathcal{E}$ , en appliquant la formule de Dynkin en conjonction avec (5.49), nous obtenons

$$\mathbb{E}^{X_0, j}[I^\alpha(t)] \leq I_0^\alpha + M_\alpha \int_0^t \mathbb{E}^{X_0, j}[I^\alpha(s)] ds.$$

En utilisant l'inégalité de Gronwall, nous pouvons établir que

$$\mathbb{E}^{X_0, j}[I^\alpha(t)] \leq I_0^\alpha e^{M_\alpha t}, \quad \text{pour } (S_0, I_0, R_0, j) \in \Delta \times \mathcal{E}. \quad (5.50)$$

De manière analogue, pour tout  $t \geq pL$  où  $p \in \mathbb{N}$  et  $L > 0$ , nous avons

$$\mathbb{E}^{X_0, j}[I^\alpha(t)] \leq \mathbb{E}^{X_0, j}[I^\alpha(pL)] e^{M_\alpha(t-pL)}. \quad (5.51)$$

D'autre part, nous avons

$$\begin{aligned} \ln(I_0) - \ln(I(t)) &= - \int_0^t \Theta_{\xi(s)} \left( (S(s))^{\rho_{\xi(s)}} (I(s))^{\zeta_{\xi(s)}-1} \right) ds \\ &\quad - \int_0^t \sigma_{\xi(s)} (S(s))^{\rho_{\xi(s)}} (I(s))^{\zeta_{\xi(s)}-1} dW(s). \end{aligned} \quad (5.52)$$

De l'ergodicité de la chaîne de Markov  $\xi(s)$ , nous dérivons

$$\lim_{t \rightarrow \infty} \frac{1}{t} \int_0^t \Theta_{\xi(s)} \left( (S(s))^{\rho_{\xi(s)}} (I(s))^{\zeta_{\xi(s)}-1} \right) ds = \Lambda. \quad (5.53)$$

En appliquant le théorème de convergence dominée et (5.53), on peut facilement vérifier

$$\lim_{t \rightarrow \infty} \mathbb{E} \left[ \frac{1}{t} \int_0^t \Theta_{\xi(s)} \left( (S(s))^{\rho_{\xi(s)}} (I(s))^{\zeta_{\xi(s)}-1} \right) ds \right] = \Lambda,$$

ce qui implique qu'il existe  $T > 0$  tel que

$$\mathbb{E} \left[ \frac{1}{T} \int_0^T \Theta_{\xi(s)} \left( (S(s))^{\rho_{\xi(s)}} (I(s))^{\zeta_{\xi(s)} - 1} \right) ds \right] \geq \frac{\Lambda}{2}. \quad (5.54)$$

Par (5.52) et (5.54), nous avons

$$\begin{aligned} \mathbb{E}^{X_0,j} \left[ \ln \left( \frac{I_0}{I(T)} \right) \right] &= -\mathbb{E}^{X_0,j} \left[ \int_0^T \Theta_{\xi(s)} \left( (S(s))^{\rho_{\xi(s)}} (I(s))^{\zeta_{\xi(s)} - 1} \right) ds \right] \\ &\leq -\frac{\Lambda}{2} T. \end{aligned} \quad (5.55)$$

De (5.50), nous obtenons

$$\begin{aligned} \mathbb{E}^{X_0,j} \left[ e^{\ln(\frac{I_0}{I(T)})} + e^{\ln(\frac{I(T)}{I_0})} \right] &\leq e^{M_{-1}T} + e^{M_1T} \\ &< \infty, \quad \text{pour tout } T \geq 0. \end{aligned}$$

En appliquant le lemme 5.4.1 et (5.55), nous déduisons

$$\ln \left( \mathbb{E}^{X_0,j} \left[ e^{\alpha \ln(\frac{I_0}{I(T)})} \right] \right) \leq -\frac{\Lambda\alpha}{2} T + \widehat{M}\alpha^2, \quad \text{pour } \alpha \in [0, 0.5]. \quad (5.56)$$

où  $\widehat{M}$  est une constante dépendant de  $T$ ,  $M_{-1}$ , et  $M_1$ . Pour un  $\alpha$  suffisamment petit, l'inégalité (5.56), pour  $I_0 > \rho$ ,  $j \in \mathcal{E}$ , donne

$$\begin{aligned} \mathbb{E}^{X_0,j} \left[ \frac{I_0^\alpha}{I^\alpha(T)} \right] &= \mathbb{E}^{X_0,j} \left[ e^{\alpha \ln(\frac{I_0}{I(T)})} \right] \\ &\leq e^{(-\frac{\Lambda\alpha}{2} T + \widehat{M}\alpha^2)} \\ &\leq e^{(-\frac{\Lambda\alpha}{4} T)}. \end{aligned}$$

Pour un  $\rho > 0$  suffisamment petit tel que  $I_0 > \rho$ , nous avons

$$\mathbb{E}^{X_0,j} [I^{-\alpha}(T)] \leq \kappa I_0^{-\alpha}, \quad \text{où } \kappa = \exp \left( -\frac{\Lambda\alpha}{4} T \right). \quad (5.57)$$

Les inégalités (5.50) et (5.57) impliquent que

$$\begin{aligned} \mathbb{E}^{X_0,j} [I^{-\alpha}(T)] &\leq \kappa I_0^{-\alpha} + C \\ &= \kappa \mathbb{E}^{X_0,j} [I_0^{-\alpha}] + C, \end{aligned} \quad (5.58)$$

où  $C = \rho^{-\alpha} \exp(M_{-\alpha} T)$ . En appliquant la propriété de Markov et (5.58), nous concluons

que

$$\mathbb{E}^{X_0,j}[I^{-\alpha}\{(p+1)T\}] \leq \kappa \mathbb{E}^{X_0,j}[I^{-\alpha}(pT)] + C, \quad \text{pour } p \in \mathbb{N}.$$

En itérant l'inégalité précédente, nous dérivons

$$\mathbb{E}^{X_0,j}[I^{-\alpha}(nT)] \leq \kappa^n I_0^{-\alpha} + \frac{C(1-\kappa^n)}{1-\kappa}, \quad \text{pour } n \in \mathbb{N}. \quad (5.59)$$

De (5.51) et (5.59), nous avons

$$\mathbb{E}^{X_0,j}[I^{-\alpha}(t)] \leq \left( \kappa^n I_0^{-\alpha} + \frac{C(1-\kappa^n)}{1-\kappa} \right) e^{M_{-\alpha} T}, \quad \text{pour } t \in [nT, (n+1)T]. \quad (5.60)$$

Puisque  $\kappa < 1$ , en prenant  $n \rightarrow +\infty$  dans (5.60), on obtient

$$\begin{aligned} \limsup_{t \rightarrow +\infty} \mathbb{E}^{X_0,j}[I^{-\alpha}(t)] &= \frac{C}{1-\kappa} e^{M_{-\alpha} T} \\ &\triangleq \Upsilon. \end{aligned}$$

En appliquant l'inégalité de Chebyshev, nous obtenons

$$\begin{aligned} \mathbf{P}(|I(t)| < v) &= \mathbf{P}\left(\frac{1}{|I(t)|^\alpha} > \frac{1}{v^\alpha}\right) \\ &\leq v^\alpha \mathbb{E}[|I^{-\alpha}(t)|], \end{aligned}$$

pour  $v = \left(\frac{\epsilon}{\Upsilon}\right)^{\frac{1}{\alpha}}$  et une constante arbitrairement petite  $\epsilon > 0$ , nous obtenons

$$\begin{aligned} \limsup_{t \rightarrow \infty} \mathbf{P}(|I(t)| < v) &\leq v^\alpha \Upsilon \\ &= \epsilon. \end{aligned}$$

Ainsi,  $\liminf_{t \rightarrow \infty} \mathbf{P}(I(t) \geq v) > 1 - \epsilon$ . La démonstration est terminée.  $\square$

## 5.5 Simulations informatiques

Nous analysons l'influence des paramètres clés sur le comportement des systèmes (5.3). Deux exemples de chaînes de Markov à deux états sont présentés pour illustrer nos résultats. Les simulations ont été implémentées en Python, utilisant l'IDE Spyder, ce qui permet une analyse numérique complète des phénomènes étudiés. Selon la méthode numérique d'ordre supérieur développée en utilisant la méthode d'Euler-Maruyama [182],

soit  $k$  l'indice temporel et  $\zeta$  l'étape de temps discrète. Le système discréétisé est donné par

$$\begin{cases} S_{k+1} = S_k + [\mu_k - \mu_k S_k - \beta_k S_k^{\rho_k} I_k^{\zeta_k} + \eta_k R_k] \zeta - \sigma_k S_k^{\rho_k} I_k^{\zeta_k} \Delta W_k, \\ I_{k+1} = I_k + [-(\mu_k + \delta_k) I_k + \beta_k S_k^{\rho_k} I_k^{\zeta_k}] \zeta + \sigma_k S_k^{\rho_k} I_k^{\zeta_k} \Delta W_k, \\ R_{k+1} = R_k + [-(\mu_k + \eta_k) R_k + \delta_k I_k] \zeta, \end{cases}$$

où  $\Delta W_k \sim \mathcal{N}(0, \zeta)$  représente l'incrément du processus de Wiener.

### 5.5.1 Chaînes de Markov à deux états

Considérons une chaîne de Markov en temps continu  $(\xi(t))_{t \geq 0}$  avec l'espace d'états  $\mathcal{E} = \{e_1, e_2\}$ , la matrice génératrice  $\Gamma$  et la distribution stationnaire  $\pi$ . Pour une petite étape de temps  $\zeta > 0$ , la matrice de transition  $A$  peut être approximée par  $A = e^{\zeta \Gamma}$ . Ensuite, nous considérons les deux chaînes de Markov suivantes.

**Exemple 5.5.1.** En posant  $\zeta = 0.01$  et  $\Gamma = \begin{pmatrix} -3 & 3 \\ 4 & -4 \end{pmatrix}$ , nous obtenons

$$A = \begin{pmatrix} 0.9704 & 0.0296 \\ 0.0408 & 0.9592 \end{pmatrix}, \quad \pi = (\pi_1, \pi_2) = (0.5714, 0.4286).$$

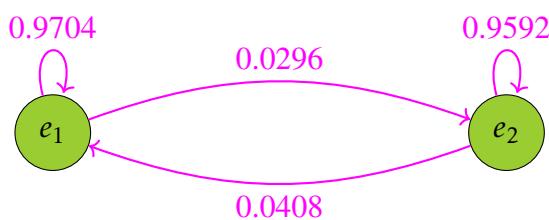


FIGURE 5.2. Diagramme de la chaîne de Markov à deux états de l'exemple 5.5.1

**Exemple 5.5.2.** En posant  $\zeta = 0.0001$  et  $\Gamma = \begin{pmatrix} -1 & 1 \\ 2 & -2 \end{pmatrix}$ , nous obtenons

$$A = \begin{pmatrix} 0.9999 & 0.0001 \\ 0.0002 & 0.9998 \end{pmatrix}, \quad \pi = (\pi_1, \pi_2) = (0.6667, 0.3333).$$

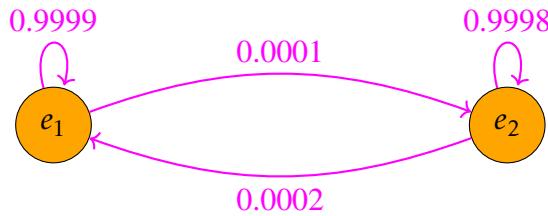


FIGURE 5.3. Diagramme de la chaîne de Markov à deux états de l'exemple 5.5.2

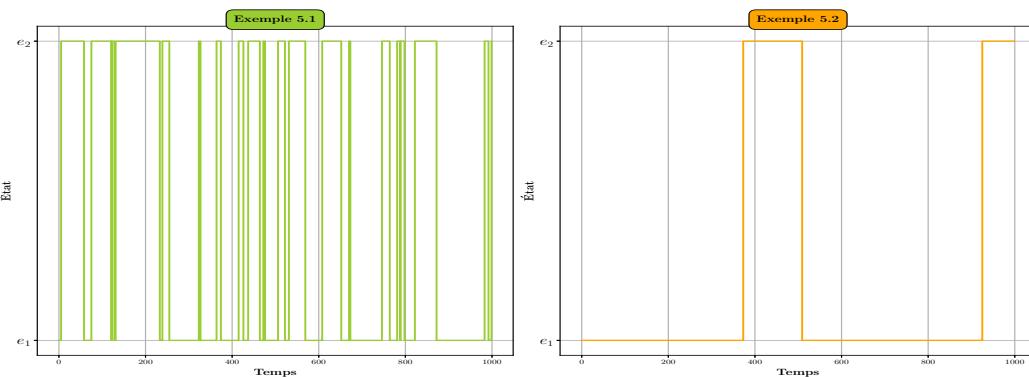


FIGURE 5.4. Dynamique de transition des chaînes de Markov.

## 5.5.2 Extinction ( $\Lambda < 0$ )

### 5.5.2.1 Cas : $\widetilde{\Lambda}_1 < 0, \widetilde{\Lambda}_2 < 0, \overline{\Lambda}_1 < 0$ et $\overline{\Lambda}_2 < 0$

(a) Soit

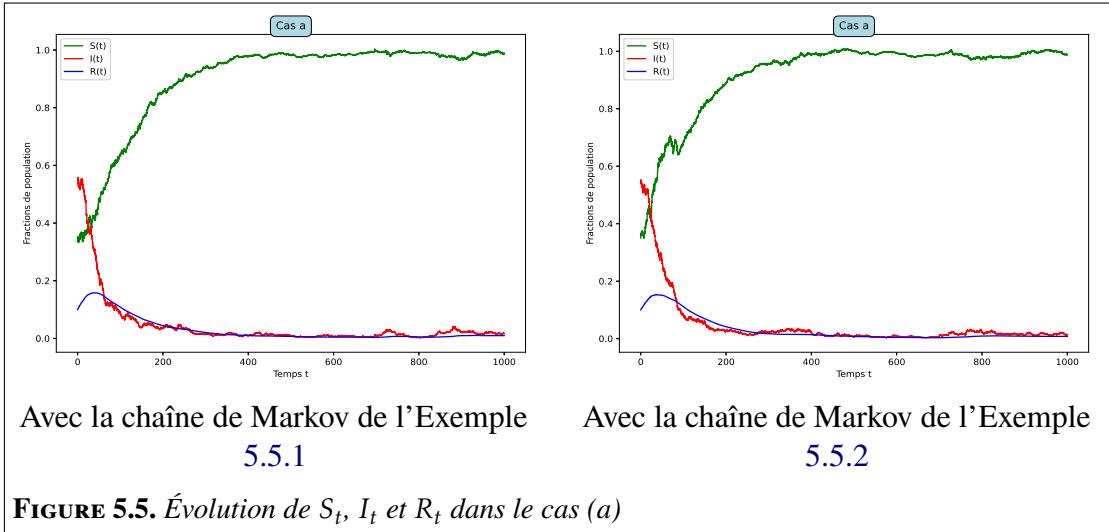
$$(S_0, I_0, R_0) = (0.35, 0.55, 0.1), \quad (\zeta_1, \zeta_2) = (0.5, 0.3), \quad (\rho_1, \rho_2) = (0.5, 0.5), \\ (\mu_1, \mu_2) = (0.999, 0.887), \quad (\beta_1, \beta_2) = (0.3, 0.4), \quad (\eta_1, \eta_2) = (0.5, 0.5), \\ (\delta_1, \delta_2) = (0.9899, 0.988), \quad (\sigma_1, \sigma_2) = (0.9999, 0.8899).$$

Ainsi,

$$\widetilde{\Lambda}_1 \approx -1.8989 < 0, \quad \widetilde{\Lambda}_2 \approx -1.875 < 0,$$

et,

$$\Lambda = \sum_{j=1}^2 \pi_j \widetilde{\Lambda}_j \approx \begin{cases} -1.85681 < 0, & \text{si } \pi = (0.5714, 0.4286), \\ -1.84213 < 0, & \text{si } \pi = (0.6667, 0.3333). \end{cases}$$



**(b)** Soit

$$(S_0, I_0, R_0) = (0.35, 0.55, 0.1), \quad (\zeta_1, \zeta_2) = (1.5, 1.1), \quad (\rho_1, \rho_2) = (0.5, 0.7), \\ (\mu_1, \mu_2) = (0.9999, 0.61), \quad (\beta_1, \beta_2) = (0.1, 0.3), \quad (\eta_1, \eta_2) = (0.5, 0.3), \\ (\delta_1, \delta_2) = (0.5, 0.3), \quad (\sigma_1, \sigma_2) = (0.8, 0.9).$$

Ainsi,

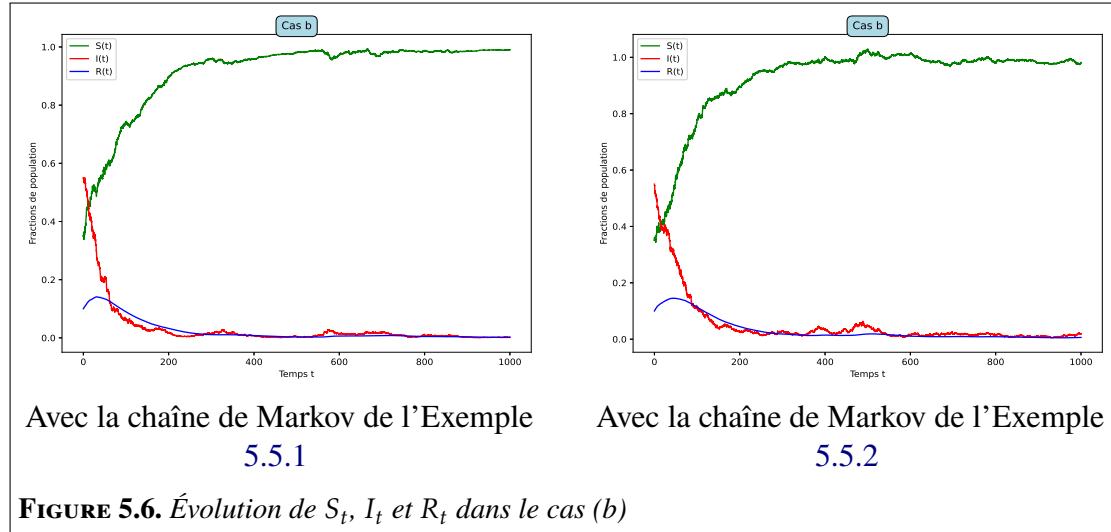
$$\bar{\Lambda}_1 \approx -1.4921 < 0, \quad \frac{\beta_1}{\sigma_1^2} - \frac{\rho_1^{\rho_1} (\zeta_1 - 1)^{\zeta_1 - 1}}{(\rho_1 + \zeta_1 - 1)^{\rho_1 + \zeta_1 - 1}} \approx -0.3438 < 0, \\ \bar{\Lambda}_2 \approx -0.8544 < 0, \quad \frac{\beta_2}{\sigma_2^2} - \frac{\rho_2^{\rho_2} (\zeta_2 - 1)^{\zeta_2 - 1}}{(\rho_2 + \zeta_2 - 1)^{\rho_2 + \zeta_2 - 1}} \approx -0.3568 < 0,$$

et,

$$\Lambda = \sum_{j=1}^2 \pi_j \bar{\Lambda}_j \approx \begin{cases} -1.3327 < 0, & \text{si } \pi = (0.5714, 0.4286), \\ -1.2796 < 0, & \text{si } \pi = (0.6667, 0.3333). \end{cases}$$

**(c)** Soit

$$(S_0, I_0, R_0) = (0.35, 0.55, 0.1), \quad (\zeta_1, \zeta_2) = (1.2, 1.5), \quad (\rho_1, \rho_2) = (0.6, 0.8), \\ (\mu_1, \mu_2) = (2, 2.5), \quad (\beta_1, \beta_2) = (2.75, 2.5), \quad (\eta_1, \eta_2) = (0.5, 0.5), \\ (\delta_1, \delta_2) = (3, 3), \quad (\sigma_1, \sigma_2) = (0.003, 0.001).$$



Ainsi,

$$\begin{aligned}\bar{\Lambda}_1 &\approx -3.6313 < 0, \quad \frac{\beta_1}{\sigma_1^2} - \frac{\rho_1^{\rho_1}(\zeta_1-1)^{\zeta_1-1}}{(\rho_1+\zeta_1-1)^{\rho_1+\zeta_1-1}} \approx 305554.92 > 0, \\ \bar{\Lambda}_2 &\approx -4.3057 < 0, \quad \frac{\beta_2}{\sigma_2^2} - \frac{\rho_2^{\rho_2}(\zeta_2-1)^{\zeta_2-1}}{(\rho_2+\zeta_2-1)^{\rho_2+\zeta_2-1}} \approx 2499999.58 > 0,\end{aligned}$$

et,

$$\Lambda = \sum_{j=1}^2 \pi_j \bar{\Lambda}_j \approx \begin{cases} -3.7999 < 0, & \text{si } \pi = (0.5714, 0.4286), \\ -3.8561 < 0, & \text{si } \pi = (0.6667, 0.3333). \end{cases} \quad (5.61)$$

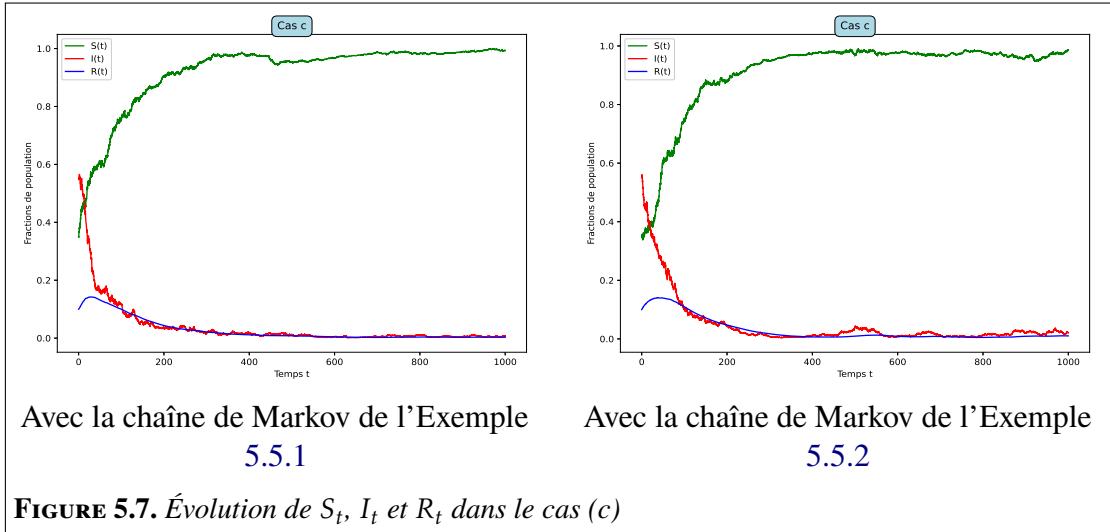
### 5.5.2.2 Cas : $\tilde{\Lambda}_1 < 0$ , $\tilde{\Lambda}_2 > 0$ , $\bar{\Lambda}_1 < 0$ et $\bar{\Lambda}_2 > 0$

(d) Soit

$$\begin{aligned}(S_0, I_0, R_0) &= (0.35, 0.55, 0.1), \quad (\zeta_1, \zeta_2) = (0.5, 0.3), \quad (\rho_1, \rho_2) = (0.5, 0.5), \\ (\mu_1, \mu_2) &= (0.9998, 0.05), \quad (\beta_1, \beta_2) = (0.45, 0.4), \quad (\eta_1, \eta_2) = (0.5, 0.5), \\ (\delta_1, \delta_2) &= (0.9989, 0.006), \quad (\sigma_1, \sigma_2) = (0.99999, 0.99999).\end{aligned}$$

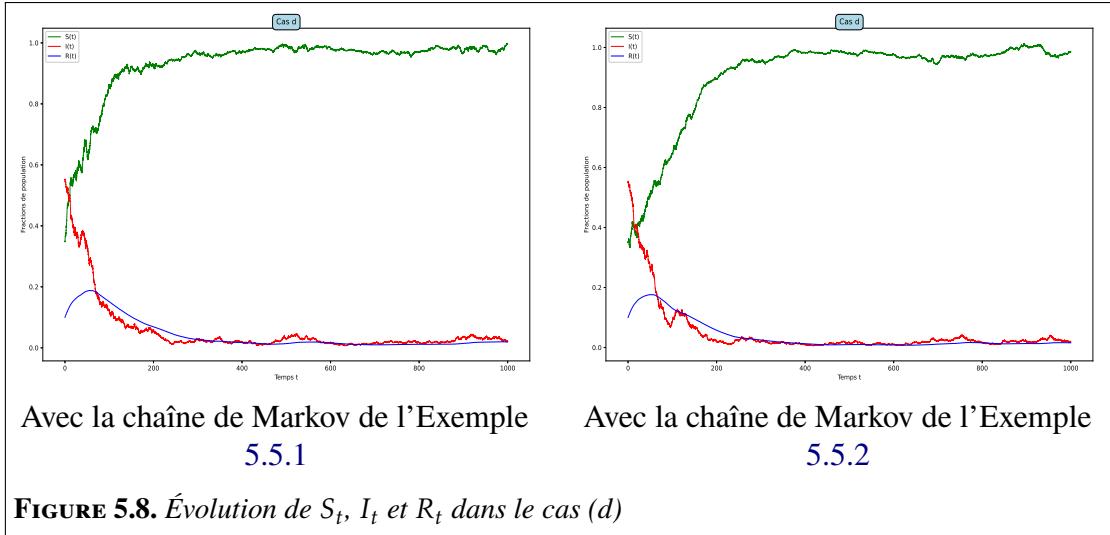
Ainsi,

$$\tilde{\Lambda}_1 \approx -1.7961 < 0, \quad \tilde{\Lambda}_2 \approx 0.0583 > 0,$$



et,

$$\Lambda = \sum_{j=1}^2 \pi_j \tilde{\Lambda}_j \approx \begin{cases} -1.33257 < 0, & \text{si } \pi = (0.5714, 0.4286), \\ -1.178096 < 0, & \text{si } \pi = (0.6667, 0.3333). \end{cases}$$



(e) Soit

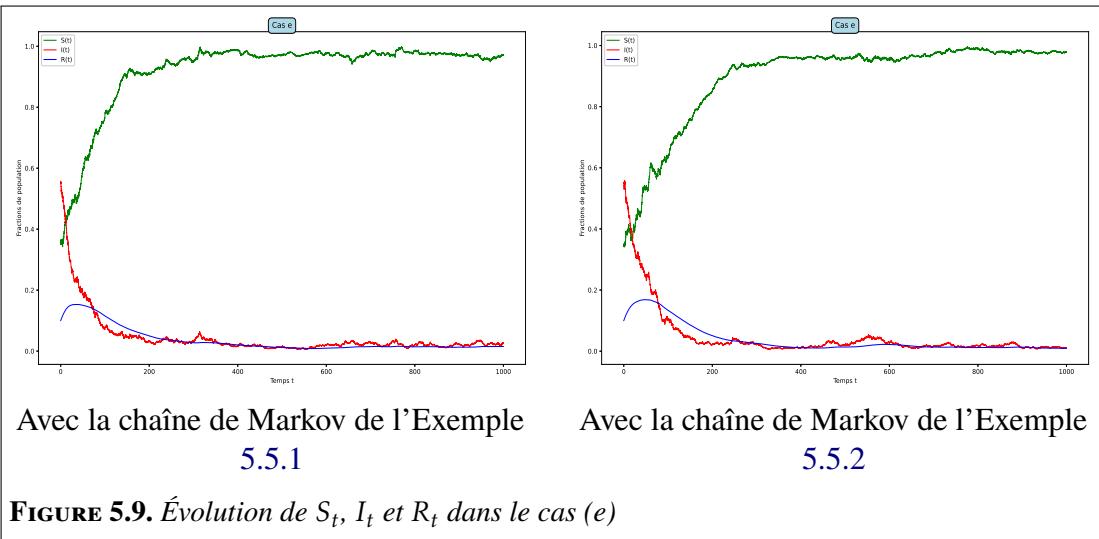
$$(S_0, I_0, R_0) = (0.35, 0.55, 0.1), \quad (\zeta_1, \zeta_2) = (1.5, 1.1), \quad (\rho_1, \rho_2) = (0.5, 0.7), \\ (\mu_1, \mu_2) = (0.9999, 0.0001), \quad (\beta_1, \beta_2) = (0.1, 0.3), \quad (\eta_1, \eta_2) = (0.5, 0.5), \\ (\delta_1, \delta_2) = (0.99999, 0.0003), \quad (\sigma_1, \sigma_2) = (0.8, 0.9).$$

Ainsi,

$$\bar{\Lambda}_1 \approx -1.9920 < 0, \quad \frac{\beta_1}{\sigma_1^2} - \frac{\rho_1^{\rho_1} (\zeta_1 - 1)^{\zeta_1 - 1}}{(\rho_1 + \zeta_1 - 1)^{\rho_1 + \zeta_1 - 1}} \approx -0.09375 < 0, \\ \bar{\Lambda}_2 \approx 0.0552 > 0, \quad \frac{\beta_2}{\sigma_2^2} - \frac{\rho_2^{\rho_2} (\zeta_2 - 1)^{\zeta_2 - 1}}{(\rho_2 + \zeta_2 - 1)^{\rho_2 + \zeta_2 - 1}} \approx -0.36863 < 0,$$

et,

$$\Lambda = \sum_{j=1}^2 \pi_j \bar{\Lambda}_j \approx \begin{cases} -1.4803 < 0, & \text{si } \pi = (0.5714, 0.4286), \\ -1.3097 < 0, & \text{si } \pi = (0.6667, 0.3333). \end{cases}$$



(f) Soit

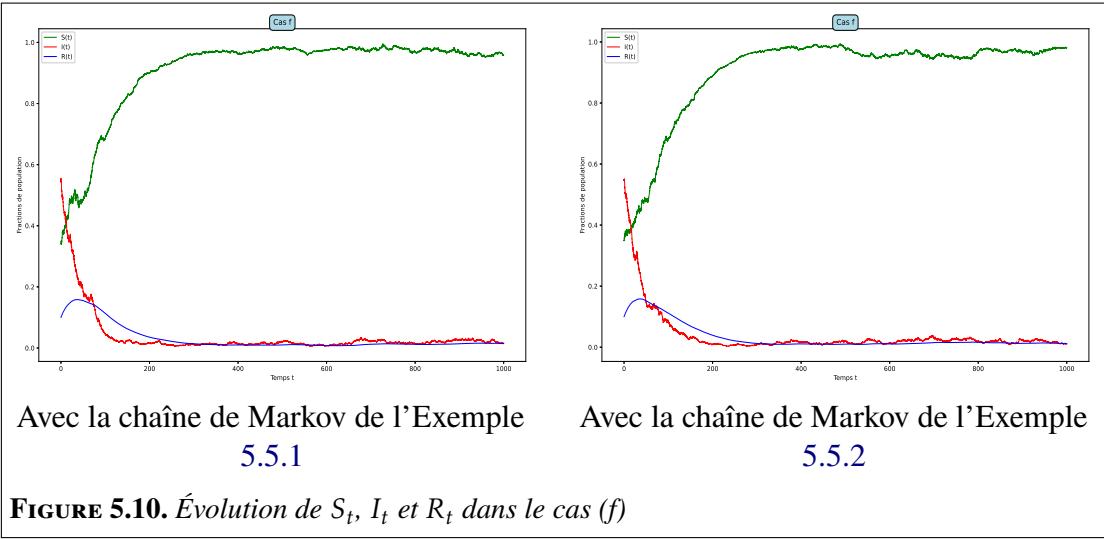
$$(S_0, I_0, R_0) = (0.35, 0.55, 0.1), \quad (\zeta_1, \zeta_2) = (1.5, 1.2), \quad (\rho_1, \rho_2) = (0.8, 0.6), \\ (\mu_1, \mu_2) = (0.9999, 0.23), \quad (\beta_1, \beta_2) = (0.9999, 0.9), \quad (\eta_1, \eta_2) = (0.5, 0.5), \\ (\delta_1, \delta_2) = (0.99998, 0.34), \quad (\sigma_1, \sigma_2) = (0.001, 0.003).$$

Ainsi,

$$\begin{aligned}\bar{\Lambda}_1 &\approx -1.5794 < 0, \quad \frac{\beta_1}{\sigma_1^2} - \frac{\rho_1^{\rho_1}(\zeta_1 - 1)^{\zeta_1 - 1}}{(\rho_1 + \zeta_1 - 1)^{\rho_1 + \zeta_1 - 1}} \approx 999899.57 > 0, \\ \bar{\Lambda}_2 &\approx 0.0039 > 0, \quad \frac{\beta_2}{\sigma_2^2} - \frac{\rho_2^{\rho_2}(\zeta_2 - 1)^{\zeta_2 - 1}}{(\rho_2 + \zeta_2 - 1)^{\rho_2 + \zeta_2 - 1}} \approx 99999.36 > 0,\end{aligned}$$

et,

$$\Lambda = \sum_{j=1}^2 \pi_j \bar{\Lambda}_j \approx \begin{cases} -0.3919 < 0, & \text{si } \pi = (0.5714, 0.4286), \\ -0.5238 < 0, & \text{si } \pi = (0.6667, 0.3333). \end{cases}$$



### 5.5.3 Persistance ( $\Lambda > 0$ )

#### 5.5.3.1 Cas : $\tilde{\Lambda}_1 > 0, \tilde{\Lambda}_2 > 0, \bar{\Lambda}_1 > 0$ et $\bar{\Lambda}_2 > 0$

(a) Soit

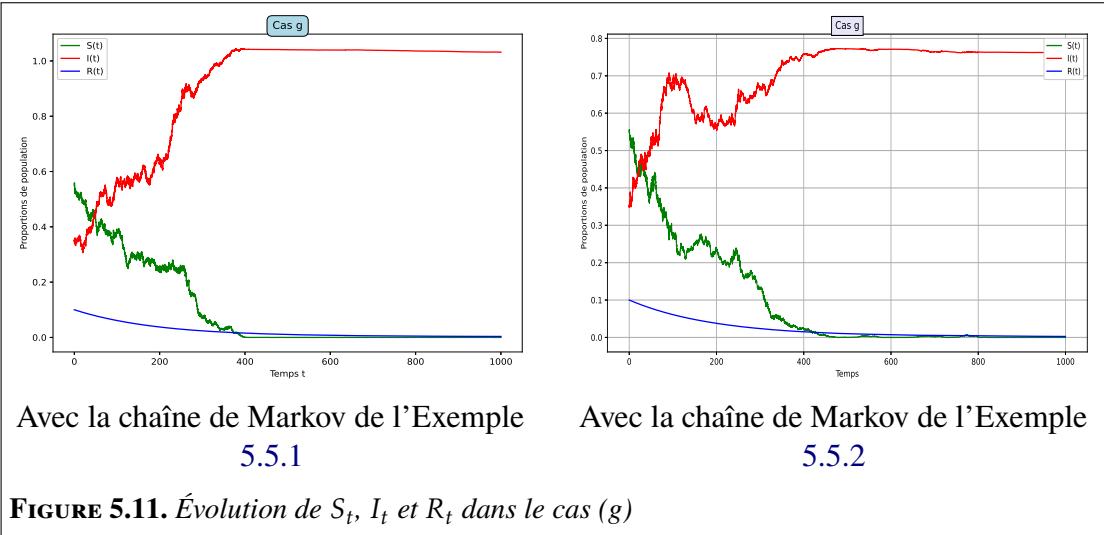
$$\begin{aligned}(S_0, I_0, R_0) &= (0.55, 0.35, 0.1), \quad (\zeta_1, \zeta_2) = (0.25, 0.15), \quad (\rho_1, \rho_2) = (0.5, 0.5), \\ (\mu_1, \mu_2) &= (0.001, 0.005), \quad (\beta_1, \beta_2) = (0.88, 0.99), \quad (\eta_1, \eta_2) = (0.5, 0.5), \\ (\delta_1, \delta_2) &= (0.001, 0.006), \quad (\sigma_1, \sigma_2) = (0.26, 0.67).\end{aligned}$$

Ainsi,

$$\tilde{\Lambda}_1 \approx 0.2423 > 0, \quad \tilde{\Lambda}_2 \approx 0.1827 > 0,$$

et,

$$\Lambda = \sum_{j=1}^2 \pi_j \tilde{\Lambda}_j \approx \begin{cases} 0.2274 > 0, & \text{si } \pi = (0.5714, 0.4286), \\ 0.2224 > 0, & \text{si } \pi = (0.6667, 0.3333). \end{cases}$$



(b) Soit

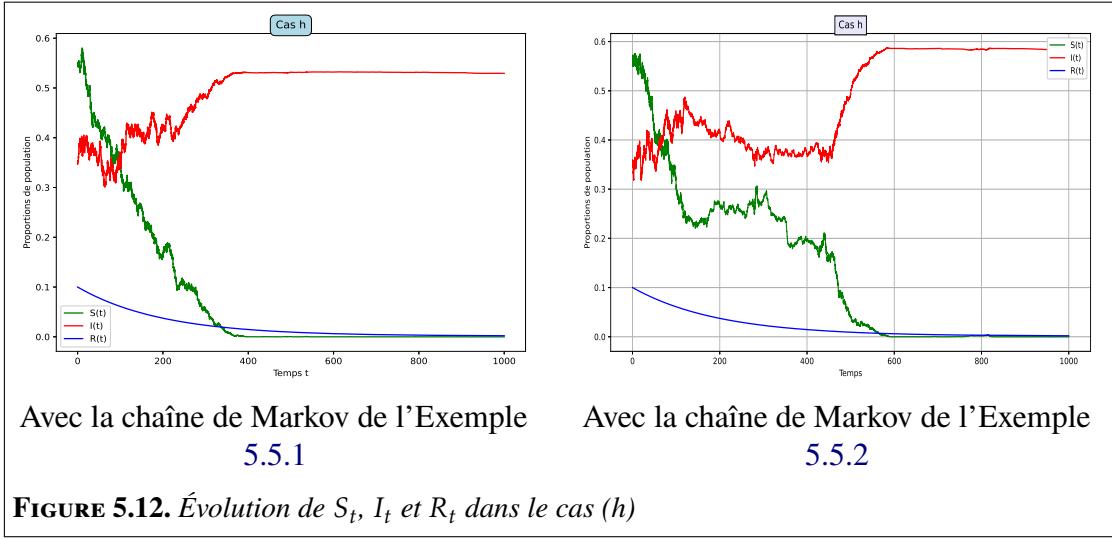
$$\begin{aligned} (S_0, I_0, R_0) &= (0.55, 0.35, 0.1), \quad (\zeta_1, \zeta_2) = (1.5, 1.1), \quad (\rho_1, \rho_2) = (0.5, 0.7), \\ (\mu_1, \mu_2) &= (0.001, 0.006), \quad (\beta_1, \beta_2) = (0.28, 0.35), \quad (\eta_1, \eta_2) = (0.5, 0.5), \\ (\delta_1, \delta_2) &= (0.002, 0.003), \quad (\sigma_1, \sigma_2) = (0.75, 0.7). \end{aligned}$$

Ainsi,

$$\begin{aligned} \bar{\Lambda}_1 &\approx 0.0666 > 0, \quad \frac{\beta_1}{\sigma_1^2} - \frac{\rho_1^{\rho_1} (\zeta_1 - 1)^{\zeta_1 - 1}}{(\rho_1 + \zeta_1 - 1)^{\rho_1 + \zeta_1 - 1}} \approx -0.0022 < 0, \\ \bar{\Lambda}_2 &\approx 0.1159 > 0, \quad \frac{\beta_2}{\sigma_2^2} - \frac{\rho_2^{\rho_2} (\zeta_2 - 1)^{\zeta_2 - 1}}{(\rho_2 + \zeta_2 - 1)^{\rho_2 + \zeta_2 - 1}} \approx -0.0254 < 0, \end{aligned}$$

et,

$$\Lambda = \sum_{j=1}^2 \pi_j \bar{\Lambda}_j \approx \begin{cases} 0.079 > 0, & \text{si } \pi = (0.5714, 0.4286), \\ 0.0831 > 0, & \text{si } \pi = (0.6667, 0.3333). \end{cases}$$



(c) Soit

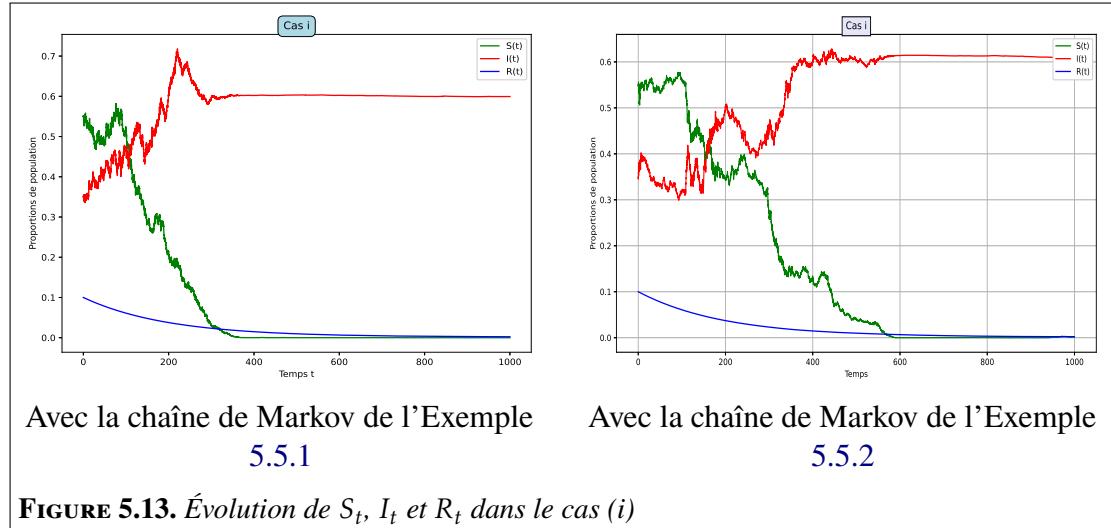
$$(S_0, I_0, R_0) = (0.55, 0.35, 0.1), \quad (\zeta_1, \zeta_2) = (1.2, 1.5), \quad (\rho_1, \rho_2) = (0.6, 0.8), \\ (\mu_1, \mu_2) = (0.002, 0.003), \quad (\beta_1, \beta_2) = (0.999, 0.999), \quad (\eta_1, \eta_2) = (0.5, 0.5), \\ (\delta_1, \delta_2) = (0.001, 0.002), \quad (\sigma_1, \sigma_2) = (0.003, 0.001).$$

Ainsi,

$$\bar{\Lambda}_1 \approx 0.6341 > 0, \quad \frac{\beta_1}{\sigma_1^2} - \frac{\rho_1^{\rho_1} (\zeta_1 - 1)^{\zeta_1 - 1}}{(\rho_1 + \zeta_1 - 1)^{\rho_1 + \zeta_1 - 1}} \approx 110999.36 > 0, \\ \bar{\Lambda}_2 \approx 0.0679 > 0, \quad \frac{\beta_2}{\sigma_2^2} - \frac{\rho_2^{\rho_2} (\zeta_2 - 1)^{\zeta_2 - 1}}{(\rho_2 + \zeta_2 - 1)^{\rho_2 + \zeta_2 - 1}} \approx 9989.57 > 0,$$

et,

$$\Lambda = \sum_{j=1}^2 \pi_j \bar{\Lambda}_j \approx \begin{cases} 0.4925 > 0, & \text{si } \pi = (0.5714, 0.4286), \\ 0.4454 > 0, & \text{si } \pi = (0.6667, 0.3333). \end{cases}$$



### 5.5.3.2 Cas : $\tilde{\Lambda}_1 < 0$ , $\tilde{\Lambda}_2 > 0$ , $\overline{\Lambda}_1 < 0$ et $\overline{\Lambda}_2 > 0$

(d) Soit

$$(S_0, I_0, R_0) = (0.55, 0.35, 0.1), \quad (\zeta_1, \zeta_2) = (0.5, 0.3), \quad (\rho_1, \rho_2) = (0.5, 0.5), \\ (\mu_1, \mu_2) = (0.112, 0.05), \quad (\beta_1, \beta_2) = (0.45, 0.69), \quad (\eta_1, \eta_2) = (0.5, 0.5), \\ (\delta_1, \delta_2) = (0.0906, 0.006), \quad (\sigma_1, \sigma_2) = (0.99999, 0.999).$$

Ainsi,

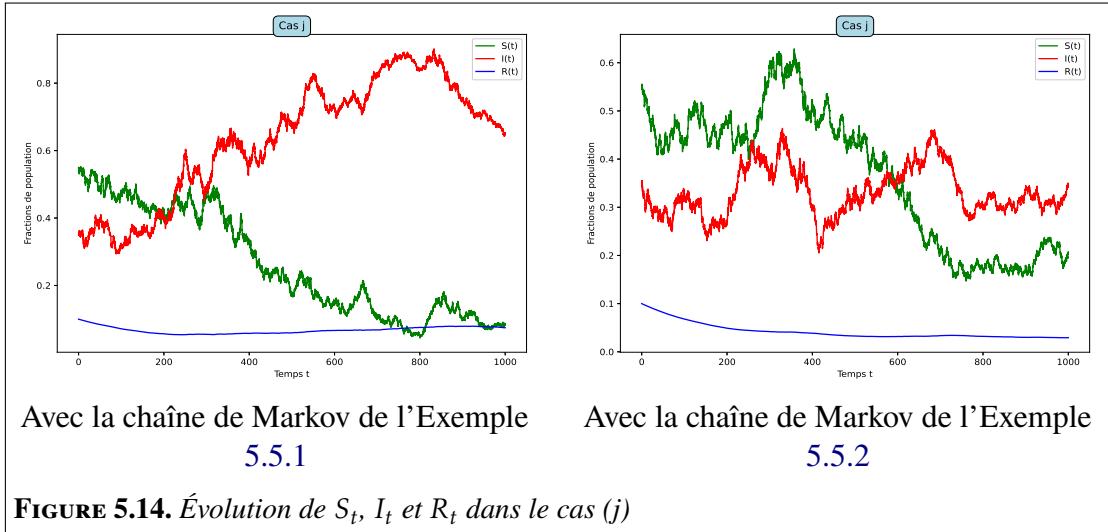
$$\tilde{\Lambda}_1 \approx -0.0001 < 0, \quad \tilde{\Lambda}_2 \approx 0.2847 > 0,$$

et,

$$\Lambda = \sum_{j=1}^2 \pi_j \tilde{\Lambda}_j \approx \begin{cases} 0.07112 > 0, & \text{si } \pi = (0.5714, 0.4286), \\ 0.09484 > 0, & \text{si } \pi = (0.6667, 0.3333). \end{cases}$$

(e) Soit

$$(S_0, I_0, R_0) = (0.55, 0.35, 0.1), \quad (\zeta_1, \zeta_2) = (1.5, 1.1), \quad (\rho_1, \rho_2) = (0.5, 0.2), \\ (\mu_1, \mu_2) = (0.021, 0.061), \quad (\beta_1, \beta_2) = (0.075, 0.402), \quad (\eta_1, \eta_2) = (0.5, 0.5), \\ (\delta_1, \delta_2) = (0.01234, 0.0061), \quad (\sigma_1, \sigma_2) = (0.8, 0.7).$$



Ainsi,

$$\begin{aligned}\bar{\Lambda}_1 &\approx -0.0289 < 0, \quad \frac{\beta_1}{\sigma_1^2} - \frac{\rho_1^{\rho_1}(\zeta_1 - 1)^{\zeta_1 - 1}}{(\rho_1 + \zeta_1 - 1)^{\rho_1 + \zeta_1 - 1}} \approx -0.3828 < 0, \\ \bar{\Lambda}_2 &\approx 0.0978 > 0, \quad \frac{\beta_2}{\sigma_2^2} - \frac{\rho_2^{\rho_2}(\zeta_2 - 1)^{\zeta_2 - 1}}{(\rho_2 + \zeta_2 - 1)^{\rho_2 + \zeta_2 - 1}} \approx -0.0057 < 0.\end{aligned}$$

et,

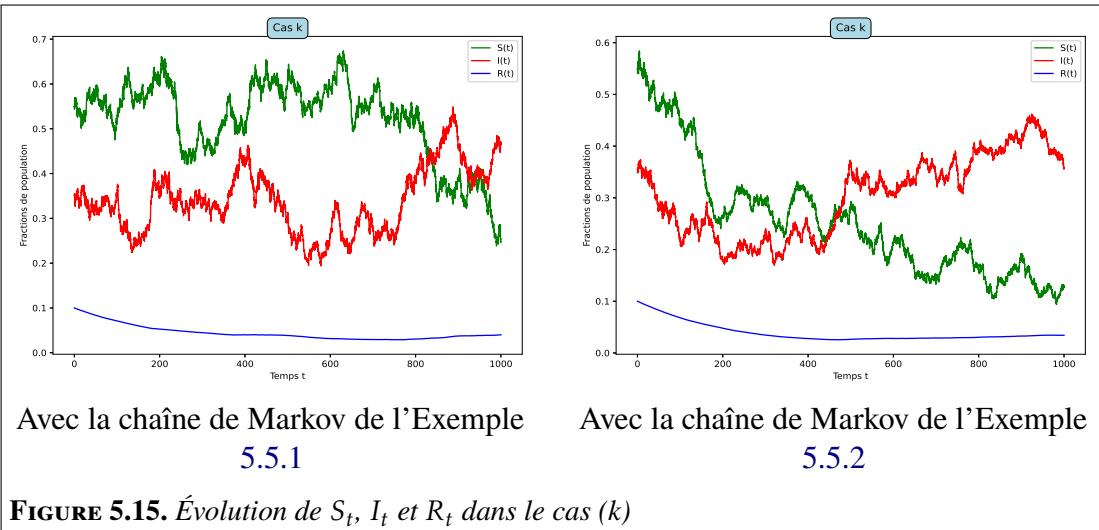
$$\Lambda = \sum_{j=1}^2 \pi_j \bar{\Lambda}_j \approx \begin{cases} 0.0027 > 0, & \text{si } \pi = (0.5714, 0.4286), \\ 0.0132 > 0, & \text{si } \pi = (0.6667, 0.3333). \end{cases}$$

(f) Soit

$$\begin{aligned}(S_0, I_0, R_0) &= (0.55, 0.35, 0.1), \quad (\zeta_1, \zeta_2) = (1.5, 1.2), \quad (\rho_1, \rho_2) = (0.8, 0.6), \\ (\mu_1, \mu_2) &= (0.19, 0.002), \quad (\beta_1, \beta_2) = (0.999, 0.999), \quad (\eta_1, \eta_2) = (0.5, 0.5), \\ (\delta_1, \delta_2) &= (0.29998, 0.001), \quad (\sigma_1, \sigma_2) = (0.001, 0.003).\end{aligned}$$

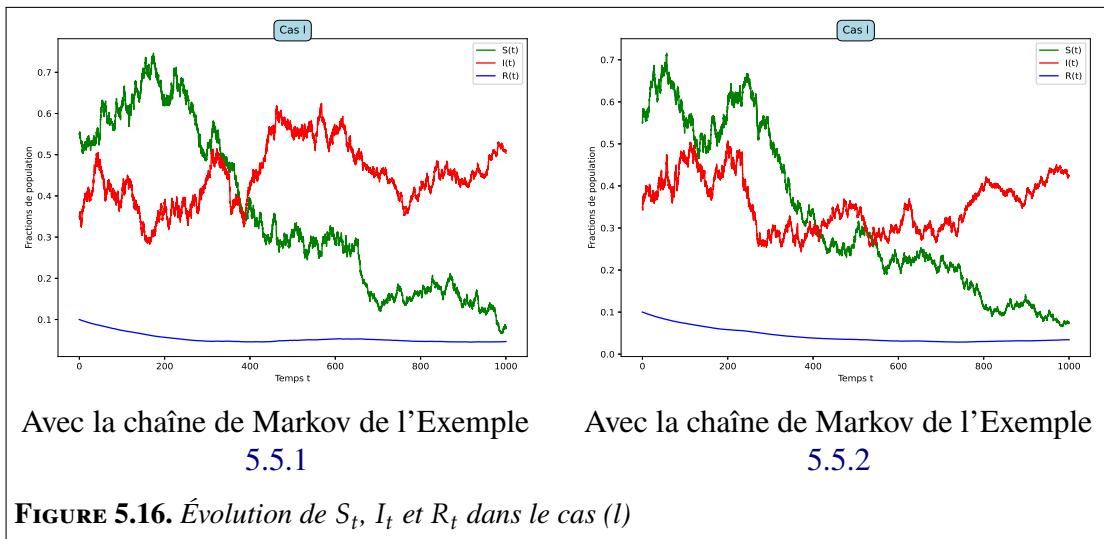
Ainsi,

$$\begin{aligned}\bar{\Lambda}_1 &\approx -0.0698 < 0, \quad \frac{\beta_1}{\sigma_1^2} - \frac{\rho_1^{\rho_1}(\zeta_1 - 1)^{\zeta_1 - 1}}{(\rho_1 + \zeta_1 - 1)^{\rho_1 + \zeta_1 - 1}} \approx 998999.57 > 0, \\ \bar{\Lambda}_2 &\approx 0.6341 > 0, \quad \frac{\beta_2}{\sigma_2^2} - \frac{\rho_2^{\rho_2}(\zeta_2 - 1)^{\zeta_2 - 1}}{(\rho_2 + \zeta_2 - 1)^{\rho_2 + \zeta_2 - 1}} \approx 110999.36 > 0,\end{aligned}$$



et,

$$\Lambda = \sum_{j=1}^2 \pi_j \bar{\Lambda}_j \approx \begin{cases} 0.4581 > 0, & \text{si } \pi = (0.5714, 0.4286), \\ 0.3995 > 0, & \text{si } \pi = (0.6667, 0.3333). \end{cases}$$



## 5.6 Conclusion

Cette étude fournit une analyse approfondie d'un modèle épidémique stochastique SIRS avec des dynamiques hybrides, régies par une chaîne de Markov à états finis et incorporant des taux de transmission non linéaires. L'introduction d'exposants commutés dans le terme bilinéaire d'incidence  $S^{\rho_{\xi(t)}} I^{\zeta_{\xi(t)}}$  permet une représentation plus réaliste des dynamiques de l'épidémie sous des conditions environnementales variables. Une contribution clé de ce travail est la dérivation des conditions nécessaires et suffisantes pour l'extinction et la persistance des maladies, comblant ainsi un vide significatif dans la littérature existante. Le paramètre seuil  $\Lambda$ , qui dépend des exposants commutés  $\rho_{\xi(t)}$  et  $\zeta_{\xi(t)}$ , constitue un déterminant crucial du comportement à long terme du système. Plus précisément, si  $\Lambda > 0$ , la maladie persiste stochastiquement, tandis que  $\Lambda < 0$  assure la stabilité asymptotique globale de l'équilibre sans maladie en probabilité, entraînant ainsi une éradication éventuelle. Ces résultats généralisent les seuils classiques en incorporant les effets du commutement de régime sur le taux d'incidence bilinéaire  $S^{\rho_{\xi(t)}} I^{\zeta_{\xi(t)}}$ , étendant ainsi leur applicabilité aux systèmes influencés par des fluctuations environnementales.

# Conclusion Générale

## 1. Modèles SIRS dans la Modélisation Épidémiologique

En mathématiques, les applications de la modélisation dans les maladies infectieuses deviennent de plus en plus importantes pour comprendre, prédire et contrôler les risques sanitaires dans le monde entier. Le modèle SIRS en particulier — où les individus passent de l'état de susceptible à infectieux, puis à rétabli, et peuvent redevenir susceptibles — est un modèle de base informé par une immunité temporaire réelle. Il a historiquement rendu compte de la tendance périodique de nombreuses épidémies et reste une base pour de nombreuses méthodes actuelles de lutte contre la réémergence de maladies comme la grippe ou la coqueluche.

La force du modèle SIRS est de s'adapter efficacement à la complexité de la vie : démographie, régénération de la susceptibilité, interactions sociales, interventions médicales ou vaccins. Pour obtenir des "seuils épidémiques" numériques (notamment, le nombre de reproduction de base) nécessaires à la formulation de politiques et au contrôle, un estimateur d'incidence cible est proposé. Ce type d'outil, par exemple, aide à informer les autorités sur la couverture qu'elles devraient viser avec la vaccination, ou si et quand une transition possible vers l'endémicité devrait être attendue.

Pourtant, le monde réel des épidémies nous rappelle que les dynamiques ne sont jamais parfaitement lisses, prévisibles ou entièrement sous notre contrôle. Elles sont caractérisées par des pertes, des gains, des chocs, des facteurs environnementaux et/ou sociaux imprévus et par l'hétérogénéité de la population. Le modèle SIRS s'est également naturellement affiné en vue de cela, en ajoutant des sources d'aléa telles que le bruit brownien, les sauts de Lévy ou le changement de régime pour améliorer son réalisme et sa flexibilité.

Cette spécialisation est intégrée dans une perspective très tangible dans la compilation de cette thèse. D'autre part, elle offre une opportunité d'étudier les mécanismes de résurgence ou d'extinction qui échappent au traitement déterministe : par exemple, pour expliquer pourquoi une maladie peut réapparaître après des mois d'absence ou, inversement, pourquoi une seule fluctuation isolée peut conduire à l'éradication. D'autre part, la formulation stochastique d'une épidémie SIRS permet de quantifier le risque suivant : "quelle est la probabilité que la maladie ait disparu dans un an ? Quel est le risque

d'une grande résurgence due à des mutations ou à des rassemblements inattendus ?"

En fin de compte, la modélisation SIRS, en particulier dans ses formes améliorées étudiées ici, se révèle être un véritable "croisement" interdisciplinaire où les mathématiques, la science des données, la biologie, la sociologie et la santé publique se rencontrent pour répondre à la fois aux questions théoriques, à la prise de décision en matière de santé et à l'information publique. Confronter les menaces sanitaires mondiales qui sont suralimentées, apprendre et approfondir est une évidence scientifique.

## 2. Nouveauté des Deux Méthodes Développées dans la Thèse

Cette thèse est remarquable pour deux contributions majeures à la science des dynamiques épidémiques, marquant toutes deux un progrès substantiel dans le domaine.

Premièrement, l'incorporation des sauts de Lévy dans le modèle SIRS — représentant des chocs soudains rares mais à fort impact (événements de super-propagation, mutations majeures ou changements environnementaux inattendus) fournit un dispositif analytique original pour étudier les processus de maladie dans leur imprévisibilité. Contrairement à la situation classique du bruit gaussien, les sauts de Lévy rendent mathématiquement faisable la modélisation des événements extrêmes qui conduisent l'évolution d'une épidémie.

Deuxièmement, la mise à jour bayésienne des paramètres du modèle, par une marche aléatoire dans une chaîne de Markov, imite une certaine réalité contextuelle : un pathogène n'évolue pas dans un environnement statique, mais connaît plutôt des changements saisonniers, des politiques de santé publique variables ou des différences dans le comportement de la population. Cette nouveauté méthodologique met en évidence l'aspect cumulatif des séquences de politiques ou la sensibilité aux alternances abruptes, ce qui explique un certain nombre de faits empiriques que nous ignorions dans le passé.

En combinant ces deux axes, la thèse ouvre la voie à une génération de modèles capables de reproduire la variété des situations observées (endémicité, vagues successives, extinction soudaine, etc.), mais aussi leur imprévisibilité, cruciale pour les parties prenantes impliquées dans la prise de décision en contexte d'urgence sanitaire ou en ce qui concerne les informations recueillies.

## 3. Résumé des Résultats Théoriques des Deux Approches

Les résultats théoriques que contient la thèse constituent un progrès marqué tant dans leur dérivation formelle que dans leur application potentielle à des problèmes réels.

Pour le modèle SIRS avec sauts de Lévy, l'existence et l'unicité globale des solutions prouvent que la dynamique est bien posée dans l'espace de probabilité, et nous pouvons

étudier les propriétés fines du comportement à long terme. Ne se contentant pas de s'appuyer sur cette fondation, la thèse introduit des fonctions de Lyapunov conçues à dessein pour le cadre stochastique, qui peuvent différencier entre extinction quasi-certaine et persistance endémique. Ces conditions sont données en termes de seuils qui sont explicitement uniquement dans les constantes intrinsèques des systèmes, mais aussi dans la taille et le poids des sauts. Pour la première fois, nous sommes ici capables de quantifier l'importance d'un événement extrême dans le basculement du comportement collectif.

La section sur le modèle à commutation de Markov est également importante. L'étude de la chaîne de Markov sous-jacente pour cette variabilité des paramètres nous permet de dériver des conditions suffisantes pour la stabilité, l'extinction et la résurgence non seulement en moyenne mais aussi de manière intégrée sur toute la structure pour l'alternance des régimes respectivement. Un résultat frappant est de montrer que de courtes phases "mauvaises" peuvent suffire à inverser la dynamique globale, créant des dynamiques "stop and go", qui rapprochent le modèle des épidémies réelles.

Au-delà de la simple existence de seuils, la vitesse de convergence, les transitoires et la robustesse de ces critères par rapport aux changements de paramètres et aux inexacitudes dans la connaissance du système sont également étudiées, ce qui sont des traits essentiels pour l'utilisation pratique des résultats théoriques obtenus.

## 4. Résumé des Simulations Numériques

Les simulations numériques réalisées dans cette thèse ne sont pas seulement illustratives : elles représentent un véritable laboratoire numérique où la solidité théorique, la robustesse et le champ d'application effectif des modèles développés sont testés.

Les résultats numériques ouvrent la voie à l'observation de la manière dont, pour les modèles à sauts de Lévy, lorsque les paramètres sont relativement proches du seuil, le sort de l'épidémie peut être complètement changé suite à un ou plusieurs grands chocs : une situation extrêmement proche de l'extinction peut être déplacée dans une vague soudaine, ou, inversement, une flambée peut être éteinte par une séquence favorable. De cette manière, les oscillations aléatoires simulées, les extinctions précoces ou les récurrences endémiques s'accordent alors bien avec les limites théoriques prédictives.

Dans le cadre de la commutation markovienne, les diagrammes temporels révèlent des cycles rythmiques calme et résurgence — qui sont observés dans les données épidémiques réelles, et cela est également cohérent avec les résultats empiriques. De manière intéressante, et en ligne avec les prédictions du modèle, la dépendance au temps passé dans chacun des régimes, et au taux auquel les alternances de régime ont lieu, au-delà des valeurs moyennes, montrent empiriquement que dans certains cas la valeur moyenne est insuffisante pour expliquer le comportement global.

D'un point de vue technique, l'utilisation des chocs et des commutations considérés dans la construction d'algorithmes numériques adaptatifs permet d'obtenir des résultats

fiables. L'utilisation de plusieurs ensembles de paramètres, de méthodes VR et de longues simulations contribue à l'évaluation de la stabilité du système et à la présentation aux décideurs de scénarios quantifiés et comparables - utiles dans une perspective de gestion des risques épidémiques.

## 5. Questions Ouvertes Non Couvertes

De nombreuses questions intéressantes pour de futures recherches ont été ouvertes par cette thèse.

À un niveau méthodologique, la question de l'accès aux vrais paramètres est centrale : comment évaluer la véritable distribution des sauts de Lévy ou la loi de transition du processus de commutation markovienne, à partir de données de surveillance souvent disparates ou incomplètes ?

La difficulté d'étendre à la structuration spatiale incluant une certaine mobilité, hétérogénéité ou même des populations structurées par sexe a à peine été abordée, alors qu'il s'agit d'une question centrale aujourd'hui pour la compréhension de la diffusion géographique des maladies ou la formation de clusters.

De plus, la formalisation du contrôle optimal adaptatif pour les dynamiques épidémiques dans un monde où non seulement l'intensité des dynamiques épidémiques est dirigée par le hasard mais même le type de hasard (chocs et commutations) est une combinaison d'entre eux est encore un problème ouvert. Enfin, les questions de transmission interindividuelle au niveau du réseau, avec des effets de mémoire et de retard, sont une continuation naturelle dans le cadre des développements de la théorie des processus stochastiques appliqués.

## 6. Perspectives pour les Travaux Futurs

Les perspectives ouvertes sont variées et encourageantes :

Aller plus loin du côté théorique, il serait possible de mieux utiliser la combinaison des sauts de Lévy et de la commutation markovienne dans des scénarios de population structurée, où il y a de multiples interactions non triviales, afin de mieux correspondre à la complexité réelle des systèmes naturels et sociaux concrets. Divers axes méthodologiques par exemple, l'élaboration de critères génériques d'extinction et de permanence dans les réseaux interdépendants, l'expansion du filtrage statistique bayésien pour la calibration en temps réel, ou l'analyse du rôle des délais et de la mémoire dans la transmission offrent beaucoup de diversité.

D'un point de vue applicatif, ils ont une large portée au-delà du domaine de l'épidémiologie classique : l'addiction, les rumeurs collectives, les mouvements sociaux, les crises économiques ou écologiques portent les mêmes dynamiques. L'application de

modèles SIRS stochastiques hybrides dans ces usages peut révéler des insights sur le mécanisme de contagion, de questionnement ou de résilience pour chacun d'eux.

Enfin, la participation croissante des mathématiques appliquées au processus de décision publique a créé la nécessité de vulgarisation et d'accès : le développement de plateformes ouvertes, la promotion d'un dialogue entre chercheurs, praticiens, décideurs et citoyens, la promotion d'une culture de données ouvertes, de risques partagés. La modélisation ne sera totalement utile que si elle est intégrée comme un levier opérationnel dans la chaîne de réponse collective et adaptative aux crises : c'est l'objectif mais aussi l'ambition de notre thèse.

# Annexe A

## Programmes informatiques

### A.1 Introduction

Ce chapitre présente de manière détaillée les programmes Python développés pour générer les figures et les résultats discutés dans cette thèse. Ces programmes constituent des outils essentiels pour illustrer les concepts clés, les modèles mathématiques et les simulations explorés dans cette recherche. Chaque section correspond à un chapitre spécifique détaillant les méthodologies computationnelles employées et garantissant la reproductibilité des résultats. En structurant le code de manière modulaire et bien documentée, ce chapitre vise à faciliter la compréhension et les adaptations futures pour des investigations scientifiques similaires.

### A.2 Programmes Python : Chapitre 2

**Listing A.1.** *Implémentation Python pour visualiser l'évolution temporelle de  $x(t)$ ,  $y(t)$  et  $z(t)$  dans le système de Lorenz*

```
1 # Importation des bibliothèques nécessaires
2 import numpy as np
3 import matplotlib.pyplot as plt
4 from scipy.integrate import solve_ivp
5
6 # Définition des paramètres du système de Lorenz
7 sigma = 10.0
8 rho = 30.0
9 beta = 8.0 / 3.0
10
11 # Définition des équations différentielles de Lorenz
```

```
12 def lorenz(t, state):
13     x, y, z = state
14     dxdt = sigma * (y - x)
15     dydt = x * (rho - z) - y
16     dzdt = x * y - beta * z
17     return [dxdt, dydt, dzdt]
18
19 # Conditions initiales
20 initial_state = [5.0, 21.0, 10.0]
21
22 # Intervalle de temps
23 t_span = (0, 100)
24 t_eval = np.linspace(0, 100, 10000)
25
26 # Résolution du système d'équations différentielles
27 sol = solve_ivp(lorenz, t_span, initial_state, t_eval=t_eval)
28
29 # Extraction des solutions
30 x = sol.y[0]
31 y = sol.y[1]
32 z = sol.y[2]
33 t = sol.t
34
35 # Tracé des séries temporelles de  $x(t)$ ,  $y(t)$  et  $z(t)$ 
36 plt.figure(figsize=(10, 6))
37
38 plt.subplot(3, 1, 1)
39 plt.plot(t, x, label=r'$x(t)$', color='r')
40 plt.xlabel('Temps $t$')
41 plt.ylabel(r'$x(t)$')
42 plt.title('Série temporelle de $x(t)$')
43 plt.legend()
44 plt.grid()
45
46 plt.subplot(3, 1, 2)
47 plt.plot(t, y, label=r'$y(t)$', color='g')
48 plt.xlabel('Temps $t$')
49 plt.ylabel(r'$y(t)$')
50 plt.title('Série temporelle de $y(t)$')
51 plt.legend()
52 plt.grid()
53
54 plt.subplot(3, 1, 3)
```

```

55 plt.plot(t, z, label=r'$z(t)$', color='b')
56 plt.xlabel('Temps $t$')
57 plt.ylabel(r'$z(t)$')
58 plt.title('Série temporelle de $z(t)$')
59 plt.legend()
60 plt.grid()
61
62 plt.tight_layout()
63
64 # Sauvegarde de la figure au format EPS
65 plt.savefig('lorenz_time_series.eps', format='eps', dpi=1000)
66 plt.show()

```

**Listing A.2.** Simulation du système de Lorenz et tracé des courbes paramétriques

```

1 import numpy as np
2 import matplotlib.pyplot as plt
3 from scipy.integrate import solve_ivp
4
5 # Définition des paramètres du système de Lorenz
6 sigma = 10.0
7 rho = 30.0
8 beta = 8.0 / 3.0
9
10 # Définition des équations différentielles de Lorenz
11 def lorenz(t, state):
12     x, y, z = state
13     dxdt = sigma * (y - x)
14     dydt = x * (rho - z) - y
15     dzdt = x * y - beta * z
16     return [dxdt, dydt, dzdt]
17
18 # Conditions initiales
19 initial_state = [5.0, 21.0, 10.0]
20
21 # Intervalle de temps
22 t_span = (0, 100)
23 t_eval = np.linspace(0, 100, 10000)
24
25 # Résolution du système d'équations différentielles
26 sol = solve_ivp(lorenz, t_span, initial_state, t_eval=t_eval)
27
28 # Extraction des solutions
29 x, y, z = sol.y
30
31 # Tracé des courbes paramétriques
32 plt.figure(figsize=(15, 5))
33

```

```

34 plt.subplot(1, 3, 1)
35 plt.plot(x, y, color='b')
36 plt.xlabel('$x(t)$')
37 plt.ylabel('$y(t)$')
38 plt.title('Courbe paramétrique $(x(t), y(t))$')
39 plt.grid()
40
41 plt.subplot(1, 3, 2)
42 plt.plot(x, z, color='r')
43 plt.xlabel('$x(t)$')
44 plt.ylabel('$z(t)$')
45 plt.title('Courbe paramétrique $(x(t), z(t))$')
46 plt.grid()
47
48 plt.subplot(1, 3, 3)
49 plt.plot(y, z, color='g')
50 plt.xlabel('$y(t)$')
51 plt.ylabel('$z(t)$')
52 plt.title('Courbe paramétrique $(y(t), z(t))$')
53 plt.grid()
54
55 plt.tight_layout()
56 plt.savefig('lorenz_parametric_curves.eps', format='eps', dpi=1000)
57 plt.show()

```

**Listing A.3.** Implémentation Python pour visualiser la trajectoire 3D du système de Lorenz

```

1 import numpy as np
2 import matplotlib.pyplot as plt
3 from scipy.integrate import solve_ivp
4 from mpl_toolkits.mplot3d import Axes3D # Nécessaire pour les tracés
   ↪ 3D
5
6 # Définition des paramètres du système de Lorenz
7 sigma = 10.0
8 rho = 30.0
9 beta = 8.0 / 3.0
10
11 # Définition des équations différentielles de Lorenz
12 def lorenz(t, state):
13     x, y, z = state
14     dxdt = sigma * (y - x)
15     dydt = x * (rho - z) - y
16     dzdt = x * y - beta * z
17     return [dxdt, dydt, dzdt]
18
19 # Conditions initiales

```

```

20 initial_state = [5.0, 21.0, 10.0]
21
22 # Intervalle de temps
23 t_span = (0, 100)
24 t_eval = np.linspace(0, 100, 10000)
25
26 # Résolution du système d'équations différentielles
27 sol = solve_ivp(lorenz, t_span, initial_state, t_eval=t_eval)
28
29 # Extraction des solutions
30 x = sol.y[0]
31 y = sol.y[1]
32 z = sol.y[2]
33
34 # Création d'un graphique 3D
35 fig = plt.figure(figsize=(10, 8))
36 ax = fig.add_subplot(111, projection='3d') # Création d'un axe 3D
37
38 # Tracé de la courbe paramétrique 3D
39 ax.plot(x, y, z, color='b', lw=0.5)
40 ax.set_xlabel(r'$x(t)$')
41 ax.set_ylabel(r'$y(t)$')
42 ax.set_zlabel(r'$z(t)$')
43 ax.set_title(r'Trajectoire 3D du système de Lorenz')
44
45 # Sauvegarde de la figure au format EPS
46 plt.savefig('lorenz_3d_curve.eps', format='eps', dpi=1000)
47
48 # Affichage du graphique
49 plt.show()

```

**Listing A.4.** Comparaison de modèles logistique et exponentiel en Python

```

1 import numpy as np
2 import matplotlib.pyplot as plt
3 from scipy.optimize import least_squares
4
5 # Fonctions modèles
6 def logistique(t, alpha, mu, k):
7     """Modèle logistique (croissance saturée)"""
8     return (mu * np.exp(k * t)) / (alpha * np.exp(k * t) + mu - alpha
9         )
10 def exponentielle(t, C, k):

```

```
11     """Modèle exponentiel (croissance non bornée)"""
12     return C * np.exp(k * t)
13
14 # Données extraites manuellement (t, y) pour la courbe logistique (
15 #   ↪ bleue)
15 donnees_logistique = np.array([
16     [0, 1.0],
17     [1, 2.4],
18     [2, 6.0],
19     [3, 10.0],
20     [4, 15.0],
21     [5, 18.0],
22     [6, 19.5],
23     [7, 19.8]
24 ])
25
26 # Données extraites manuellement (t, y) pour la courbe exponentielle
26 #   ↪ (rouge)
27 donnees_exponentielle = np.array([
28     [0, 1.0],
29     [0.5, 1.65],
30     [1, 2.7],
31     [1.5, 4.4],
32     [2, 7.2],
33     [2.3, 10.0],
34     [2.6, 14.5]
35 ])
36
37 # Fonctions d'erreur pour l'optimisation des paramètres
38 def erreur_logistique(params):
39     alpha, mu, k = params
40     y_modele = logistique(donnees_logistique[:, 0], alpha, mu, k)
41     return y_modele - donnees_logistique[:, 1]
42
43 def erreur_exponentielle(params):
44     C, k = params
45     y_modele = exponentielle(donnees_exponentielle[:, 0], C, k)
46     return y_modele - donnees_exponentielle[:, 1]
47
48 # Estimations initiales des paramètres
49 init_logistique = [0.2, 1.0, 1.0] # alpha, mu, k
50 init_exponentielle = [1.0, 1.0] # C, k
51
```

```

52 # Optimisation des paramètres
53 resultat_logistique = least_squares(erreur_logistique,
54                                     ↪ init_logistique, bounds=(0, np.inf))
54 resultat_exponentielle = least_squares(erreur_exponentielle,
55                                     ↪ init_exponentielle, bounds=(0, np.inf))
55
56 # Paramètres optimisés
57 alpha_opt, mu_opt, k_opt_log = resultat_logistique.x
58 C_opt, k_opt_exp = resultat_exponentielle.x
59
60 # Affichage des résultats
61 print("Paramètres optimisés :")
62 print(f"Logistique : alpha = {alpha_opt:.4f}, mu = {mu_opt:.4f}, k =
63       ↪ {k_opt_log:.4f}")
63 print(f"Exponentielle : C = {C_opt:.4f}, k = {k_opt_exp:.4f}")
64
65 # Création d'un domaine fin pour le tracé des courbes
66 t_fin = np.linspace(0, 7, 500)
67
68 # Calcul des courbes optimisées
69 y_log_opt = logistique(t_fin, alpha_opt, mu_opt, k_opt_log)
70 y_exp_opt = exponentielle(t_fin, C_opt, k_opt_exp)
71
72 # Tracé des courbes
73 plt.figure(figsize=(8, 5))
74 plt.plot(t_fin, y_log_opt, color='#0000FF', linewidth=3,
75           label=r'Logistique : $y(t) = \frac{\mu e^{kt}}{\alpha e^{kt}}
76           ↪ + \mu - \alpha}$')
76 plt.plot(t_fin, y_exp_opt, color='#FF0000', linestyle='--',
77           ↪ linewidth=2,
77           label=r'Exponentielle : $y(t) = Ce^{kt}$')
78
79 plt.xlim(0, 7)
80 plt.ylim(0, 22)
81 plt.xlabel('Temps (t)')
82 plt.ylabel('y(t)')
83 plt.grid(True, linestyle=':', color='gray', alpha=0.5)
84 plt.legend(loc='upper left', fontsize=10)
85 plt.tight_layout()
86 plt.show()

```

**Listing A.5.** Programme Python générant les lois d'évolution du modèle Proie-Prédateur

1 | # Importation des bibliothèques nécessaires

```

2 import numpy as np
3 import matplotlib.pyplot as plt
4 from scipy.integrate import odeint
5
6 carrying_capacity = np.array([300, 200])
7 alpha = np.array([400, 100])
8 signs = np.array([1, -1])
9
10 def predator_prey_system(y, t, carrying_capacity, signs):
11     dydt = signs * (1 - np.flipud(y / carrying_capacity)) * y
12     return dydt
13
14 conditions_initiales = [100, 50]
15 intervalle_temps = np.linspace(0, 20, 1000)
16
17 solution = odeint(predator_prey_system, conditions_initiales,
18                     ↪ intervalle_temps, args=(carrying_capacity, signs))
19
20 plt.figure(figsize=(10, 6))
21 plt.plot(intervalle_temps, solution[:, 0], 'bo-', label='Proies',
22           ↪ linewidth=2)
23 plt.plot(intervalle_temps, solution[:, 1], 'go-', label='Prédateurs',
24           ↪ linewidth=2)
25
26 plt.xlabel('Temps (t)')
27 plt.ylabel('Population')
28 plt.legend()
29 plt.title('Lois d\'évolution du modèle Proie-Prédateur')
30 plt.grid(True)
31
32 plt.show()

```

## A.3 Programmes Python : Chapitre 3

**Listing A.6.** Code Python pour modéliser la diffusion par marche aléatoire

```

1 import numpy as np
2 import matplotlib.pyplot as plt
3
4 # Définition des paramètres
5 num_steps = 50000 # Nombre d'étapes dans la marche aléatoire

```

```

6 | x = np.zeros(num_steps + 1) # Ajout d'un point pour éviter les
|   ↪ erreurs
7 | y = np.zeros(num_steps + 1)
8 |
9 | # Génération des pas aléatoires
10| theta = np.random.uniform(0, 2*np.pi, num_steps) # Angles aléatoires
11| x[1:] = np.cumsum(np.cos(theta))
12| y[1:] = np.cumsum(np.sin(theta))
13|
14| # Création de la figure
15| plt.figure(figsize=(8, 6))
16| plt.plot(x, y, linewidth=0.7, alpha=0.7, color='black') #
|   ↪ Trajectoire
17| plt.scatter(0, 0, color='red', label='Départ') % Point de départ
18| plt.scatter(x[-1], y[-1], color='blue', label='Arrivée') % Point
|   ↪ final
19| plt.axis('equal')
20| plt.title("Modélisation de la diffusion par marche aléatoire")
21| plt.legend()
22| plt.show()

```

## A.4 Programmes Python : Chapitre 4

**Listing A.7.** Programme Python générant le tracé cumulatif de données stochastiques

```

1 | import numpy as np
2 | import matplotlib.pyplot as plt
3 |
4 | num_curves = 10
5 |
6 | couleurs = ['#1f77b4', '#ff7f0e', '#2ca02c', '#d62728', '#9467bd',
7 |             '#8c564b', '#e377c2', '#7f7f7f', '#bcbd22', '#17becf']
8 |
9 | for i in range(num_curves):
10|     couleur = couleurs[i % len(couleurs)]
11|     plt.plot(np.cumsum(np.random.randn(1000)), color=couleur,
|               ↪ linewidth=1)
12|
13| plt.xlabel('Pas de temps') % Libellé de l'axe x
14| plt.ylabel('Somme cumulée') % Libellé de l'axe y
15| plt.axis('off')
16| plt.show()

```

**Listing A.8.** Programme Python illustrant la loi circulaire de Girko avec SageMathCell

```

1 import numpy as np
2 import matplotlib.pyplot as plt
3
4 n = 66
5 r = 66
6
7 couleurs = ['blue', 'green', 'red', 'cyan', 'magenta',
8             'yellow', 'black', 'orange', 'purple', 'brown']
9
10 for i in range(1, r):
11     M = np.sign(np.random.randn(n, n)) / np.sqrt(n)
12     S = np.linalg.eigvals(M)
13     plt.plot(S.real, S.imag, '.', color=couleurs[i % len(couleurs)],
14               markerSize=3)
14
15 plt.axis('off')
16 plt.title("Loi circulaire")
17 plt.show()

```

**Listing A.9.** Code Python pour simuler et analyser le processus d'Ornstein-Uhlenbeck

```

1 import numpy as np
2 import matplotlib.pyplot as plt
3 from scipy.stats import norm
4
5 # Paramètres du processus d'Ornstein-Uhlenbeck
6 mu = 1.0 % Force de rappel vers la moyenne
7 sigma = 1.0 % Volatilité
8 X0 = 0.0 % Valeur initiale
9 T = 10 % Temps total
10 dt = 0.01 % Pas de temps
11 N = int(T / dt) % Nombre de pas de temps
12 t = np.linspace(0, T, N) % Tableau des temps
13
14 # Simulation du processus d'Ornstein-Uhlenbeck
15 np.random.seed(42) % Pour reproductibilité
16 dB = np.random.normal(0, np.sqrt(dt), N) % Incréments browniens
17 X = np.zeros(N) % Initialisation du processus
18 X[0] = X0
19 for i in range(1, N):
20     X[i] = X[i-1] - mu * X[i-1] * dt + sigma * dB[i]
21
22 # Moyenne et variance théoriques

```

```

23 moyenne_theorique = X0 * np.exp(-mu * t) % Moyenne théorique
24 var_theorique = (sigma**2 / (2 * mu)) * (1 - np.exp(-2 * mu * t)) %
    ↪ Variance théorique
25
26 # Génération de données supplémentaires pour comparaison
27 num_simulations = 100 % Nombre de simulations pour analyse d'
    ↪ ensemble
28 X_ensemble = np.zeros((num_simulations, N))
29 for j in range(num_simulations):
30     dB_ensemble = np.random.normal(0, np.sqrt(dt), N)
31     X_ensemble[j, 0] = X0
32     for i in range(1, N):
33         X_ensemble[j, i] = X_ensemble[j, i-1] - mu * X_ensemble[j, i
            ↪ -1] * dt + sigma * dB_ensemble[i]
34
35 # Création de la figure avec 4 sous-graphiques
36 fig, axs = plt.subplots(2, 2, figsize=(14, 10))
37 fig.suptitle('Processus d\'Ornstein-Uhlenbeck : Simulation et
    ↪ analyse', fontsize=16, y=1.02)
38
39 # Sous-graphique 1 : Processus simulé
40 axs[0, 0].plot(t, X, label='Trajectoire simulée', color='blue',
    ↪ linewidth=1.5)
41 axs[0, 0].set_title('Processus d\'Ornstein-Uhlenbeck simulé')
42 axs[0, 0].set_xlabel('Temps (t)')
43 axs[0, 0].set_ylabel('X(t)')
44 axs[0, 0].legend(loc='upper right')
45 axs[0, 0].grid(True, linestyle='--', alpha=0.6)
46
47 # Sous-graphique 2 : Moyenne théorique vs simulée
48 axs[0, 1].plot(t, moyenne_theorique, label='Moyenne théorique',
    ↪ color='green', linestyle='--', linewidth=2)
49 axs[0, 1].plot(t, np.mean(X_ensemble, axis=0), label='Moyenne simulé
            ↪ e', color='orange', linestyle='-', linewidth=1.5)
50 axs[0, 1].set_title('Moyenne théorique vs simulée')
51 axs[0, 1].set_xlabel('Temps (t)')
52 axs[0, 1].set_ylabel('Moyenne')
53 axs[0, 1].legend(loc='upper right')
54 axs[0, 1].grid(True, linestyle='--', alpha=0.6)
55
56 # Sous-graphique 3 : Variance théorique vs simulée
57 axs[1, 0].plot(t, var_theorique, label='Variance théorique', color='
            ↪ red', linestyle='--', linewidth=2)

```

```

58 | axs[1, 0].plot(t, np.var(X_ensemble, axis=0), label='Variance simulé
  ↪ e', color='purple', linestyle='--', linewidth=1.5)
59 | axs[1, 0].set_title('Variance théorique vs simulée')
60 | axs[1, 0].set_xlabel('Temps (t)')
61 | axs[1, 0].set_ylabel('Variance')
62 | axs[1, 0].legend(loc='upper right')
63 | axs[1, 0].grid(True, linestyle='--', alpha=0.6)
64 |
65 | # Sous-graphique 4 : Distribution de X(t) à un temps spécifique (ex :
  ↪ t = T/2)
66 | t_half = int(N / 2) % Indice temporel à t = T/2
67 | x_values = np.linspace(min(X_ensemble[:, t_half]), max(X_ensemble[:, t_half]), 1000)
68 | pdf_theorique = norm.pdf(x_values, moyenne_theorique[t_half], np.
  ↪ sqrt(var_theorique[t_half]))
69 | axs[1, 1].hist(X_ensemble[:, t_half], bins=30, density=True, color='
  ↪ skyblue', alpha=0.7, label='Distribution simulée')
70 | axs[1, 1].plot(x_values, pdf_theorique, label='Distribution thé
  ↪ orique', color='darkblue', linestyle='--', linewidth=2)
71 | axs[1, 1].set_title(f'Distribution de X(t) à t = {t[t_half]:.2f}')
72 | axs[1, 1].set_xlabel('X(t)')
73 | axs[1, 1].set_ylabel('Densité de probabilité')
74 | axs[1, 1].legend(loc='upper right')
75 | axs[1, 1].grid(True, linestyle='--', alpha=0.6)
76 |
77 | # Ajustement de la mise en page
78 | plt.tight_layout()
79 |
80 | # Sauvegarde de la figure au format EPS
81 | output_filename = 'analyse_ornstein_uhlenbeck.eps'
82 | plt.savefig(output_filename, format='eps', dpi=300, bbox_inches='
  ↪ tight')
83 | print(f'Figure sauvegardée sous {output_filename}')
84 |
85 | # Affichage de la figure
86 | plt.show()

```

## A.5 Programmes Python : Chapitre 5

**Listing A.10.** Simulation stochastique du modèle SIRS - Cas d'extinction

```
1 | import numpy as np
```

```
2 import matplotlib.pyplot as plt
3
4 # Définir une nouvelle commande pour modifier la couleur du numéro
# de citation
5 precision = 9
6
7 def afficher_nombre(nombre):
8     format_str = "{:. " + str(precision) + "f}"
9     return format_str.format(nombre)
10
11 def simuler_et_tracer_SIRS(ax, t, rho, alpha, lambda_val, eta, sigma,
# initial_S, initial_I, initial_R):
# """
12
13     Simule le modèle SIRS avec stochasticité et trace les résultats.
14
15     Paramètres:
16         ax (matplotlib.axes.Axes): Objet Axes pour le tracé.
17         t (numpy.ndarray): Tableau des valeurs temporelles.
18         rho (float): Taux de transmission.
19         alpha (float): Taux d'infection.
20         lambda_val (float): Taux de guérison.
21         eta (float): Taux de réintroduction dans la population
# susceptible.
22         sigma (float): Paramètre de volatilité.
23         initial_S (float): Proportion initiale d'individus
# susceptibles.
24         initial_I (float): Proportion initiale d'individus infectés.
25         initial_R (float): Proportion initiale d'individus rétablis.
26
27     Retourne:
28         None
29     """
30
31     # Initialiser les tableaux pour stocker les résultats
32     susceptible = np.zeros_like(t)
33     infecte = np.zeros_like(t)
34     retabli = np.zeros_like(t)
35
36     # Définir les valeurs initiales
37     susceptible[0], infecte[0], retabli[0] = initial_S, initial_I,
# initial_R
38
39     # Effectuer l'intégration d'Euler-Maruyama
```

```

40   for i in range(1, len(t)):
41     dW_S = np.random.normal(0, np.sqrt(dt))
42     dW_I = np.random.normal(0, np.sqrt(dt))
43     dSdt = rho * (1 - susceptible[i-1]) + eta * retabli[i-1] -
44       ↪ alpha * susceptible[i-1] * infecte[i-1]
45     dIdt = alpha * susceptible[i-1] * infecte[i-1] - (rho +
46       ↪ lambda_val) * infecte[i-1]
47     dRdt = lambda_val * infecte[i-1] - (rho + eta) * retabli[i-1]
48     susceptible[i] = susceptible[i-1] + dSdt * dt + sigma *
49       ↪ susceptible[i-1] * infecte[i-1] * dW_S
50     infecte[i] = infecte[i-1] + dIdt * dt + sigma * susceptible[i-
51       ↪ 1] * infecte[i-1] * dW_I
52     retabli[i] = retabli[i-1] + dRdt * dt
53
54   # Tracer les résultats
55   ax.plot(t, susceptible, label='Susceptible', color='blue')
56   ax.plot(t, infecte, label='Infecté', color='red')
57   ax.plot(t, retabli, label='Rétabli', color='green')
58   ax.set_xlabel('Temps', color='magenta')
59   ax.set_ylabel('Proportion : S, I et R', color='lime')
60   ax.set_title(f'Simulation Stochastique du Modèle SIRS : Cas d\'
61     ↪ extinction\n Valeurs initiales : (S={cas["initial_S"]}, I
62     ↪ ={cas["initial_I"]}, R={cas["initial_R"]})', transform=ax.
63     ↪ transAxes, fontsize=10, verticalalignment='top',
64     ↪ horizontalalignment='center', color='olive')
65
66   # Calculer T3 et T4
67   T3 = alpha / (rho + (1/4) * sigma**2)
68   T4 = ((1/2) * sigma**2)
69
70   # Ajouter les valeurs des paramètres sous l'axe des x
71   decalage_parametres = -0.18 # Décalage en centimètres (1.5 cm ≈
72     ↪ 0.59 pouces)
73   decalage_valeurs_t = -0.1 # Décalage en centimètres (1.5 cm ≈
74     ↪ 0.59 pouces)
75
76   ax.text(0.03, decalage_parametres, f'$\rho={afficher_nombre(rho)
77     ↪ }$', color='teal', transform=ax.transAxes, fontsize=10,
78     ↪ verticalalignment='top')
79   ax.text(0.38, decalage_parametres, f'$\alpha={afficher_nombre(
80     ↪ }$'

```

```

    ↵ alpha})$$', color='teal', transform=ax.transAxes, fontsize
    ↵ =10, verticalalignment='top')
71 ax.text(0.72, decalage_parametres, f'$\\lambda={afficher_nombre(
    ↵ lambda_val})$', color='teal', transform=ax.transAxes,
    ↵ fontsize=10, verticalalignment='top')
72
73 ax.text(0.18, decalage_parametres-0.07, f'$\\eta={afficher_nombre(
    ↵ (eta)})$', color='teal', transform=ax.transAxes, fontsize
    ↵ =10, verticalalignment='top')
74 ax.text(0.58, decalage_parametres-0.07, f'$\\varsigma_{{}\\upsilon} \\
    ↵ }={afficher_nombre(sigma)}$', color='teal', transform=ax.
    ↵ transAxes, fontsize=10, verticalalignment='top')
75
76 ax.text(0.18, decalage_valeurs_t, f'$\\mathcal{T}^3}={
    ↵ afficher_nombre(T3)}$', color='Maroon', transform=ax.
    ↵ transAxes, fontsize=10, verticalalignment='top')
77 ax.text(0.58, decalage_valeurs_t, f'$\\mathcal{T}^4}={
    ↵ afficher_nombre(T4)}$', color='Maroon', transform=ax.
    ↵ transAxes, fontsize=10, verticalalignment='top')
78
79 # Définir les paramètres pour chaque cas
80 cas = [
81     {"rho": 0.1, "alpha": 0.79999999, "lambda_val": 0.51, "eta": 0.05, "sigma": 0.89, "initial_S": 0.35, "initial_I": 0.45, "initial_R": 0.2},
82     {"rho": 0.91, "alpha": 0.99, "lambda_val": 0.49, "eta": 0.05, "sigma": 0.599, "initial_S": 0.35, "initial_I": 0.45, "initial_R": 0.2},
83     {"rho": 0.021, "alpha": 0.018, "lambda_val": 0.43, "eta": 0.05, "sigma": 0.99999999, "initial_S": 0.35, "initial_I": 0.45, "initial_R": 0.2},
84     {"rho": 0.00011, "alpha": 0.46, "lambda_val": 0.00015, "eta": 0.05, "sigma": 0.99999999, "initial_S": 0.35, "initial_I": 0.45, "initial_R": 0.2}
85 ]
86
87 try:
88     # Itérer sur chaque cas et tracer le modèle SIRS
89     for i, cas in enumerate(cas):
90         print(f"Cas {i+1}:")
91         fig, ax = plt.subplots()
92         t_min, t_max = 1000, 1020
93         dt = 0.001 # Vous pourriez avoir besoin d'ajuster la taille

```

```

94         ↪ du pas pour une meilleure précision
95     num_steps = int((t_max - t_min) / dt)
96     t = np.linspace(t_min, t_max, num_steps)
97     simuler_et_tracer_SIRS(ax, t, **cas)
98     plt.tight_layout() # Ajuster la mise en page pour un meilleur
99         ↪ espacement
100    # Enregistrement du graphique en format EPS
101    filename = f"graphique_cas_{i+1}.eps"
102    plt.savefig(filename, format='eps')
103    print(f"Graphique enregistré sous {filename}")
104    plt.show()
105
106 except Exception as e:
107     print("Une erreur est survenue lors de l'exécution:")
108     print(e)

```

**Listing A.11.** Simulation stochastique du modèle SIRS - Cas de persistance

```

1 import numpy as np
2 import matplotlib.pyplot as plt
3
4 # Définir une nouvelle commande pour modifier la couleur du numéro
4     ↪ de citation
5 def afficher_nombre(nombre):
6     precision = 9
7     format_str = "{:. " + str(precision) + "f}"
8     return format_str.format(nombre)
9
10 def simuler_et_tracer_SIRS(ax, t, rho, alpha, lambda_val, eta, sigma,
11     ↪ initial_S, initial_I, initial_R):
11     """
12     Simule le modèle SIRS avec stochasticité et trace les résultats.
13
14     Paramètres:
15         ax (matplotlib.axes.Axes): Objet Axes pour le tracé.
16         t (numpy.ndarray): Tableau des valeurs temporelles.
17         rho (float): Taux de transmission.
18         alpha (float): Taux d'infection.
19         lambda_val (float): Taux de guérison.
20         eta (float): Taux de réintroduction dans la population
20             ↪ susceptible.
21         sigma (float): Paramètre de volatilité.
22         initial_S (float): Proportion initiale d'individus
22             ↪ susceptibles.

```

```

23     initial_I (float): Proportion initiale d'individus infectés.
24     initial_R (float): Proportion initiale d'individus rétablis.
25
26     Retourne:
27     None
28     """
29     # Initialiser les tableaux pour stocker les résultats
30     susceptible = np.zeros_like(t)
31     infecte = np.zeros_like(t)
32     retabli = np.zeros_like(t)
33
34     # Définir les valeurs initiales
35     susceptible[0], infecte[0], retabli[0] = initial_S, initial_I,
36     ↪ initial_R
37
38     # Effectuer l'intégration d'Euler-Maruyama
39     for i in range(1, len(t)):
40         dW_S = np.random.normal(0, np.sqrt(dt))
41         dW_I = np.random.normal(0, np.sqrt(dt))
42         dSdt = rho * (1 - susceptible[i-1]) + eta * retabli[i-1] -
43             ↪ alpha * susceptible[i-1] * infecte[i-1]
44         dIdt = alpha * susceptible[i-1] * infecte[i-1] - (rho +
45             ↪ lambda_val) * infecte[i-1]
46         dRdt = lambda_val * infecte[i-1] - (rho + eta) * retabli[i-1]
47         susceptible[i] = susceptible[i-1] + dSdt * dt + sigma *
48             ↪ susceptible[i-1] * infecte[i-1] * dW_S
49         infecte[i] = infecte[i-1] + dIdt * dt + sigma * susceptible[i
50             ↪ -1] * infecte[i-1] * dW_I
51         retabli[i] = retabli[i-1] + dRdt * dt
52
53     # Tracer les résultats
54     ax.plot(t, susceptible, label='Susceptible', color='blue')
55     ax.plot(t, infecte, label='Infecté', color='red')
56     ax.plot(t, retabli, label='Rétabli', color='green')
57     ax.set_xlabel('Temps', color='magenta')
58     ax.set_ylabel('Proportion : S, I et R', color='lime')
59     ax.set_title(f'Simulation Stochastique du Modèle SIRS : Cas de
60             ↪ persistance\n Valeurs initiales : (S={cas["initial_S"]}, I
61             ↪ ={cas["initial_I"]}, R={cas["initial_R"]})', transform=ax.
62             ↪ transAxes, fontsize=10, verticalalignment='top',
63             ↪ horizontalalignment='center', color='olive')
64     ax.legend()
65     ax.grid(True)

```

```

57
58     # Calculer T1 et T2
59     T1 = alpha / (rho + lambda_val + (1/4) * sigma**2)
60     T2 = alpha / (rho + lambda_val + (1/2) * sigma**2)
61
62     # Ajouter les valeurs des paramètres sous l'axe des x
63     decalage_parametres = -0.25 # Décalage en centimètres (1.5 cm ≈
64         ↪ 0.59 pouces)
65     decalage_valeurs_t = -0.15 # Décalage en centimètres (1.5 cm ≈
66         ↪ 0.59 pouces)
67
68     ax.text(0.18, decalage_valeurs_t, f'$\mathcal{T}_1={'
69         ↪ afficher_nombre(T1)}$', color='Maroon', transform=ax.
70         ↪ transAxes, fontsize=10, verticalalignment='top')
71     ax.text(0.58, decalage_valeurs_t, f'$\mathcal{T}_2={'
72         ↪ afficher_nombre(T2)}$', color='Maroon', transform=ax.
73         ↪ transAxes, fontsize=10, verticalalignment='top')
74
75     ax.text(0.03, decalage_parametres, f'$\rho={afficher_nombre(rho)'
76         ↪ }$', color='teal', transform=ax.transAxes, fontsize=10,
77         ↪ verticalalignment='top')
78     ax.text(0.38, decalage_parametres, f'$\alpha={afficher_nombre('
79         ↪ alpha)}$', color='teal', transform=ax.transAxes, font
75
76     # Définir les paramètres pour chaque cas
77     cas = [
78         {"rho": 0.000026, "alpha": 0.99999999, "lambda_val": 0.000011, "
79             ↪ "eta": 0.05, "sigma": 0.999999999, "initial_S": 0.35, "
80                 ↪ "initial_I": 0.45, "initial_R": 0.2},
81         {"rho": 0.31, "alpha": 0.99, "lambda_val": 0.39, "eta": 0.05, "
82             ↪ "sigma": 0.999999999, "initial_S": 0.35, "initial_I": 0.45,

```

```

    ↪ "initial_R": 0.2},
80 {"rho": 0.99999999, "alpha": 0.28, "lambda_val": 0.99999999, "eta":
    ↪ ": 0.05, "sigma": 0.87, "initial_S": 0.35, "initial_I":
    ↪ 0.45, "initial_R": 0.2},
81 {"rho": 0.00011, "alpha": 0.96, "lambda_val": 0.00015, "eta":
    ↪ 0.05, "sigma": 0.053, "initial_S": 0.35, "initial_I": 0.45,
    ↪ "initial_R": 0.2}
82 ]
83 try:
84     # Itérer sur chaque cas et tracer le modèle SIRS
85     for i, cas in enumerate(cas):
86         print(f"Cas {i+1}:")
87         fig, ax = plt.subplots()
88         t_min, t_max = 1000, 1020
89         dt = 0.001 # Vous pourriez avoir besoin d'ajuster la taille
            ↪ du pas pour une meilleure précision
90         num_steps = int((t_max - t_min) / dt)
91         t = np.linspace(t_min, t_max, num_steps)
92         simuler_et_tracer_SIRS(ax, t, **cas)
93         plt.tight_layout() # Ajuster la mise en page pour un meilleur
            ↪ espacement
94         # Enregistrement du graphique en format EPS
95         filename = f"graphique_cas_{i+1}.eps"
96         plt.savefig(filename, format='eps')
97         print(f"Graphique enregistré sous {filename}")
98         plt.show()
99
100 except Exception as e:
101     print("Une erreur est survenue lors de l'exécution:")
102     print(e)

```

## A.6 Programmes Python : Chapitre 6

**Listing A.12.** Code Python pour simuler des chaînes de Markov

```

1 import numpy as np
2 import matplotlib.pyplot as plt
3 from scipy.linalg import expm
4
5 # Activer LaTeX dans matplotlib
6 plt.rc('text', usetex=True)
7 plt.rc('font', family='serif')

```

```
8 # Paramètres pour la première chaîne de Markov
9 Gamma1 = np.array([[-3, 3],
10                   [4, -4]])
11 varsigma1 = 0.01
12 A1 = expm(Gamma1 * varsigma1)
13 pi1 = np.array([0.75, 0.25])
14 n_steps1 = 1000
15 etat_initial1 = 0
16
17 # Paramètres pour la deuxième chaîne de Markov
18 Gamma2 = np.array([[-1, 1],
19                   [2, -2]])
20 varsigma2 = 0.005
21 A2 = expm(Gamma2 * varsigma2)
22 pi2 = np.array([0.6667, 0.3333])
23 n_steps2 = 1000
24 etat_initial2 = 0
25
26 # Fonction pour simuler une chaîne de Markov
27 def simuler_chaine_markov(matrice_transition, etat_initial, n_steps):
28     ↪
29     etats = np.zeros(n_steps, dtype=int)
30     etats[0] = etat_initial
31     for t in range(1, n_steps):
32         etat_courant = etats[t - 1]
33         etats[t] = np.random.choice([0, 1], p=matrice_transition[
34             ↪ etat_courant])
35     return etats
36
37 # Simulation des deux chaînes de Markov
38 etats1 = simuler_chaine_markov(A1, etat_initial1, n_steps1)
39 etats2 = simuler_chaine_markov(A2, etat_initial2, n_steps2)
40
41 # Création des graphiques
42 fig, axes = plt.subplots(1, 2, figsize=(16, 8))
43
44 # Graphique pour la première chaîne de Markov
45 axes[0].step(range(n_steps1), etats1 + 1, where='post', linewidth=2,
46               ↪ color='#9ACD32') # LimeGreen
47 axes[0].set_yticks([1, 2])
48 axes[0].set_yticklabels([r'$e_1$', r'$e_2$'], fontsize=18)
49 axes[0].set_xlabel(r'\textbf{Temps}', fontsize=14)
```

```

48 axes[0].set_ylabel(r'\textbf{\'Etat}', fontsize=14)
49 axes[0].set_title(r'\textbf{\Large{Exemple 5.1}}', fontsize=16, bbox
    ↪ =dict(facecolor='#9ACD32', edgecolor='black', boxstyle='round',
    ↪ pad=0.5))
50 axes[0].grid()
51
52 # Graphique pour la deuxième chaîne de Markov
53 axes[1].step(range(n_steps2), etats2 + 1, where='post', linewidth=2,
    ↪ color='#FFA500') # Orange
54 axes[1].set_yticks([1, 2])
55 axes[1].set_yticklabels([r'$e_1$', r'$e_2$'], fontsize=18)
56 axes[1].set_xlabel(r'\textbf{Temps}', fontsize=14)
57 axes[1].set_ylabel(r'\textbf{\'Etat}', fontsize=14)
58 axes[1].set_title(r'\textbf{\Large{Exemple 5.2}}', fontsize=16, bbox
    ↪ =dict(facecolor='#FFA500', edgecolor='black', boxstyle='round',
    ↪ pad=0.5))
59 axes[1].grid()
60
61 # Ajuster la mise en page pour éviter les chevauchements
62 plt.tight_layout()
63
64 # Sauvegarder la figure
65 plt.savefig("comparaison_chaines_markov_avec_latex.eps", format='eps'
    ↪ )
66
67 # Afficher le graphique
68 plt.show()

```

**Listing A.13.** Modèle stochastique SIRS avec commutation selon la chaîne de Markov de l'exemple 5.1 — Cas a, b et c

```

1 import numpy as np
2 import matplotlib.pyplot as plt
3 from scipy.integrate import solve_ivp
4 from scipy.linalg import expm
5
6 # Nouvelle matrice génératrice Gamma et matrice de transition A
7 Gamma = np.array([[-3, 3], [4, -4]]) # Matrice génératrice
8 varsigma = 0.01 # Pas de temps
9 A = expm(Gamma * varsigma) # Exponentielle matricielle
10 A = A / A.sum(axis=1, keepdims=True) # Normalisation pour que les
    ↪ lignes somment à 1
11
12 assert np.allclose(A.sum(axis=1), 1), "Les lignes de la matrice de

```

```

    ↵ transition doivent sommer à 1"
13 pi = np.array([0.75, 0.25]) # Distribution stationnaire
14 etats = [1, 2]
15
16
17 # Fonction pour simuler la chaîne de Markov
18 def simuler_chaine_markov(t_max, dt=0.01):
19     n_steps = int(t_max / dt)
20     etat = np.random.choice(etats, p=pi) # État initial basé sur la
        ↵ distribution stationnaire
21     trajectoire = [etat]
22     for _ in range(n_steps):
23         prob_etaut_suivant = A[etats.index(etat)] # Ligne
            ↵ correspondant à l'état courant
24         etat_suivant = np.random.choice(etats, p=prob_etaut_suivant)
25         trajectoire.append(etat_suivant)
26         etat = etat_suivant
27     return trajectoire
28
29 # Dictionnaire de paramètres pour différents cas
30 params_dict = {
31     1: { # Cas a
32         'zeta1': 0.5, 'rho1': 0.5, 'mu1': 0.999, 'beta1': 0.3, 'eta1':
            ↵ 0.5, 'delta1': 0.9899, 'sigma1': 0.9999,
33         'zeta2': 0.3, 'rho2': 0.5, 'mu2': 0.887, 'beta2': 0.4, 'eta2':
            ↵ 0.5, 'delta2': 0.988, 'sigma2': 0.8899
34     },
35     2: { # Cas b
36         'zeta1': 1.5, 'rho1': 0.5, 'mu1': 0.9999, 'beta1': 0.1, 'eta1':
            ↵ 0.5, 'delta1': 0.5, 'sigma1': 0.8,
37         'zeta2': 1.1, 'rho2': 0.7, 'mu2': 0.61, 'beta2': 0.3, 'eta2':
            ↵ 0.3, 'delta2': 0.3, 'sigma2': 0.9
38     },
39     3: { # Cas c
40         'zeta1': 1.2, 'rho1': 0.6, 'mu1': 2, 'beta1': 2.75, 'eta1':
            ↵ 0.5, 'delta1': 3, 'sigma1': 0.003,
41         'zeta2': 1.5, 'rho2': 0.8, 'mu2': 2.5, 'beta2': 2.5, 'eta2':
            ↵ 0.5, 'delta2': 3, 'sigma2': 0.001
42     }
43 }
44
45 # Fonction du modèle
46 def modele(t, y, params):

```

```

47     S, I, R = y
48     indice_etat = min(len(params['etat']) - 1, int(t / params['dt']))
        ↪ # Empêcher le débordement d'indice
49     etat = params['etat'][indice_etat]
50     p = params_dict[etat]
51
52     zeta1, rho1, mu1, beta1, eta1, delta1, sigma1 = (
53         p['zeta1'], p['rho1'], p['mu1'], p['beta1'], p['eta1'], p['
            ↪ delta1'], p['sigma1']
54     )
55
56     dS = (mu1 - mu1 * S - beta1 * S**rho1 * I**zeta1 + eta1 * R) *
        ↪ params['dt'] \
57     - sigma1 * S**rho1 * I**zeta1 * np.sqrt(params['dt']) * np.
        ↪ random.randn()
58     dI = (- (mu1 + delta1) * I + beta1 * S**rho1 * I**zeta1) * params
        ↪ ['dt'] \
59     + sigma1 * S**rho1 * I**zeta1 * np.sqrt(params['dt']) * np.
        ↪ random.randn()
60     dR = (- (mu1 + eta1) * R + delta1 * I) * params['dt']
61
62     return [dS, dI, dR]
63
64 # Fonction de résolution du système
65 def resoudre_systeme(params, t_max=1000, dt=0.01):
66     t = np.linspace(0, t_max, int(t_max / dt) + 1)
67     y0 = [0.35, 0.55, 0.1] # Conditions initiales pour S, I, R
68     trajectoire_etat = simuler_chaine_markov(t_max, dt)
69     params['etat'] = trajectoire_etat
70     sol = solve_ivp(lambda t, y: modele(t, y, params), [0, t_max], y0
        ↪ , t_eval=t)
71     return sol.t, sol.y
72
73 # Fonction d'affichage des résultats
74 def afficher_resultatsfabc51():
75     cas = ['a', 'b', 'c']
76
77     for i, case in enumerate(cas):
78         plt.figure(figsize=(8, 6)) # Crée une nouvelle figure pour
            ↪ chaque cas
79         params = {'dt': 0.01}
80         params['etat'] = simuler_chaine_markov(1000, dt=0.01)
81         t, y = resoudre_systeme(params, t_max=1000, dt=0.01)

```

```

82
83     plt.plot(t, y[0], 'g', label='S(t)') # Vert
84     plt.plot(t, y[1], 'r', label='I(t)') # Rouge
85     plt.plot(t, y[2], 'b', label='R(t)') # Bleu
86     plt.title(f'Cas {case}', bbox=dict(facecolor='lightblue',
87         ↪ edgecolor='black', boxstyle='round,pad=0.5'))
88     plt.xlabel('Temps t')
89     plt.ylabel('Fractions de population')
90     plt.legend(loc='best')
91     plt.tight_layout()
92     plt.savefig(f'trajectoire_sortie_cas_{case}.eps', format='eps'
93         ↪ ) # Enregistrer chaque graphique séparément
94     plt.show() # Affiche la figure
95
# Exécuter la simulation et afficher les résultats
afficher_resultatsfabc51()

```

**Listing A.14.** Modèle SIRS stochastique avec commutation basée sur la chaîne de Markov de l’Exemple 5.2 — Cas a, b et c

```

1 import numpy as np
2 import matplotlib.pyplot as plt
3 from scipy.integrate import solve_ivp
4 from scipy.linalg import expm
5
6 # Paramètres de la chaîne de Markov (matrice génératrice et matrice
6    ↪ de transition)
7 Gamma = np.array([[-1, 1], [2, -2]]) # Nouvelle matrice génératrice
8 dt = 0.0001
9 A = np.linalg.matrix_power(np.exp(Gamma * dt), 1) # Matrice de
9    ↪ transition pour un pas de temps de 0.0001
10 pi = np.array([0.6667, 0.3333]) # Distribution stationnaire
11 etats = [1, 2] # États de la chaîne de Markov
12
13 # Simulation de la chaîne de Markov
14 def simuler_chaine_markov(t_max, dt=0.01):
15     """
16         Simule la chaîne de Markov sur une période donnée avec un pas de
16            ↪ temps dt.
17
18         t_max : float : Temps maximum de simulation
19         dt : float : Pas de temps pour la simulation (par défaut 0.0001)
20
21         returns : list : Trajectoire des états dans le temps [1, 2]

```

```

22 """
23 n_steps = int(t_max / dt)
24 etat = np.random.choice(etats, p=pi) # Choisir l'état initial
25     ↪ selon la distribution stationnaire
26 trajectoire = [etat]
27
28 # Simuler la chaîne de Markov
29 for _ in range(n_steps):
30     prob_etat_suivant = A[etat - 1] # Obtenir les probabilités de
31         ↪ transition
32
33     # Vérifier que les probabilités somment à 1 (normalisation)
34     if not np.isclose(prob_etat_suivant.sum(), 1):
35         prob_etat_suivant /= prob_etat_suivant.sum() # Normaliser
36             ↪ les probabilités
37
38     etat_suivant = np.random.choice(etats, p=prob_etat_suivant) #
39         ↪ Choisir le prochain état selon les probabilités
40     trajectoire.append(etat_suivant)
41     etat = etat_suivant
42
43 return trajectoire
44
45 # Dictionnaire de paramètres pour différents cas
46 params_dict = {
47     1: { # Cas a
48         'zeta1': 0.5, 'rho1': 0.5, 'mu1': 0.999, 'beta1': 0.3, 'eta1':
49             ↪ 0.5, 'delta1': 0.9899, 'sigma1': 0.9999,
50         'zeta2': 0.3, 'rho2': 0.5, 'mu2': 0.887, 'beta2': 0.4, 'eta2':
51             ↪ 0.5, 'delta2': 0.988, 'sigma2': 0.8899
52     },
53     2: { # Cas b
54         'zeta1': 1.5, 'rho1': 0.5, 'mu1': 0.9999, 'beta1': 0.1, 'eta1':
55             ↪ 0.5, 'delta1': 0.5, 'sigma1': 0.8,
56         'zeta2': 1.1, 'rho2': 0.7, 'mu2': 0.61, 'beta2': 0.3, 'eta2':
57             ↪ 0.3, 'delta2': 0.3, 'sigma2': 0.9
58     },
59     3: { # Cas c
60         'zeta1': 1.2, 'rho1': 0.6, 'mu1': 2, 'beta1': 2.75, 'eta1':
61             ↪ 0.5, 'delta1': 3, 'sigma1': 0.003,
62         'zeta2': 1.5, 'rho2': 0.8, 'mu2': 2.5, 'beta2': 2.5, 'eta2':
63             ↪ 0.5, 'delta2': 3, 'sigma2': 0.001
64     }
}

```

```

55 }
56
57 # Fonction du modèle
58 def modele(t, y, params):
59     S, I, R = y
60     indice_etat = min(len(params['etat']) - 1, int(t / params['dt']))
61     ↪ # Empêcher le débordement d'indice
62     etat = params['etat'][indice_etat]
63     p = params_dict[etat]
64
65     zeta1, rho1, mu1, beta1, eta1, delta1, sigma1 = (
66         p['zeta1'], p['rho1'], p['mu1'], p['beta1'], p['eta1'], p['
67         ↪ delta1'], p['sigma1']
68     )
69
70     dS = (mu1 - mu1 * S - beta1 * S**rho1 * I**zeta1 + eta1 * R) *
71         ↪ params['dt'] \
72         - sigma1 * S**rho1 * I**zeta1 * np.sqrt(params['dt']) * np.
73             ↪ random.randn()
74     dI = (- (mu1 + delta1) * I + beta1 * S**rho1 * I**zeta1) * params
75         ↪ ['dt'] \
76         + sigma1 * S**rho1 * I**zeta1 * np.sqrt(params['dt']) * np.
77             ↪ random.randn()
78     dR = (- (mu1 + eta1) * R + delta1 * I) * params['dt']
79
80     return [dS, dI, dR]
81
82 # Fonction de résolution du système
83 def resoudre_systeme(params, t_max=1000, dt=0.01):
84     t = np.linspace(0, t_max, int(t_max / dt) + 1)
85     y0 = [0.35, 0.55, 0.1] # Conditions initiales pour S, I, R
86     trajectoire_etat = simuler_chaine_markov(t_max, dt)
87     params['etat'] = trajectoire_etat
88     sol = solve_ivp(lambda t, y: modele(t, y, params), [0, t_max], y0
89         , t_eval=t)
90     return sol.t, sol.y
91
92 # Fonction d'affichage des résultats
93 def afficher_resultatsfabc52():
94     cas = ['a', 'b', 'c']
95
96     for i, case in enumerate(cas):
97         plt.figure(figsize=(8, 6)) # Crée une nouvelle figure pour

```

```

91     ↪ chaque cas
92     params = {'dt': 0.01}
93     params['etat'] = simuler_chaine_markov(1000, dt=0.01)
94     t, y = resoudre_systeme(params, t_max=1000, dt=0.01)
95
96     plt.plot(t, y[0], 'g', label='S(t)') # Vert
97     plt.plot(t, y[1], 'r', label='I(t)') # Rouge
98     plt.plot(t, y[2], 'b', label='R(t)') # Bleu
99     plt.title(f'Cas {case}', bbox=dict(facecolor='lightblue',
100             ↪ edgecolor='black', boxstyle='round,pad=0.5'))
101    plt.xlabel('Temps t')
102    plt.ylabel('Fractions de population')
103    plt.legend(loc='best')
104    plt.tight_layout()
105    plt.savefig(f'trajectoire_sortie_cas_{case}.eps', format='eps'
106             ↪ ) # Enregistrer chaque graphique séparément
107    plt.show() # Affiche la figure
108
109 # Exécuter la simulation et afficher les résultats
110 afficher_resultatsabc52()

```

## A.7 Conclusion

Ce chapitre a présenté de manière systématique les implémentations Python utilisées tout au long de cette thèse, fournissant des informations détaillées sur les simulations numériques, les visualisations de données et les techniques computationnelles qui étayent les résultats théoriques. En maintenant une structure de code claire et rigoureuse ainsi qu'une documentation complète, ce travail garantit la transparence et la reproductibilité, éléments fondamentaux de la recherche scientifique. Les programmes présentés offrent une base solide pour l'exploration, l'optimisation et l'extension ultérieures des modèles étudiés, renforçant ainsi l'importance des approches computationnelles dans les investigations scientifiques modernes.

Annexe **B**

## Table of Usual Stochastic Integrals

Dans cette annexe, nous présentons un recueil organisé d'identités intégrales stochastiques, soigneusement sélectionnées pour leur utilité en théorie des probabilités et en calcul stochastique. Bien que cette table soit d'une grande richesse mathématique, sa complexité intrinsèque la rend difficile à mémoriser intégralement.

Soient  $a < b$  et  $0 < T$ . Nous avons alors :

- 1.**  $\int_a^b dW_t = W_b - W_a;$
- 2.**  $\int_0^T W_t dW_t = \frac{W_T^2}{2} - \frac{T}{2};$
- 3.**  $\int_0^T (W_t^2 - t) dW_t = \frac{W_T^2}{3} - TW_T;$
- 4.**  $\int_0^T t dW_t = TW_T - \int_0^T W_t dt, \quad 0 < T;$
- 5.**  $\int_0^T W_t^2 dW_t = \frac{W_T^3}{3} - \int_0^T W_t dt;$
- 6.**  $\int_0^T e^{\frac{t}{2}} \cos W_t dW_t = e^{\frac{T}{2}} \sin W_T;$
- 7.**  $\int_0^T e^{\frac{t}{2}} \sin W_t dW_t = 1 - e^{\frac{T}{2}} \cos W_T;$
- 8.**  $\int_0^T e^{-\frac{t}{2} + W_t} dW_t = e^{-\frac{T}{2} + W_T} - 1;$
- 9.**  $\int_0^T e^{\frac{\lambda^2 t}{2}} \cos(\lambda W_t) dW_t = \frac{1}{\lambda} e^{\frac{\lambda^2 T}{2}} \sin(\lambda W_T);$
- 10.**  $\int_0^T e^{\frac{\lambda^2 t}{2}} \sin(\lambda W_t) dW_t = \frac{1}{\lambda} \left( 1 - e^{\frac{\lambda^2 T}{2}} \cos(\lambda W_T) \right);$

$$\text{11. } \int_0^T e^{-\frac{\lambda^2 t}{2} + \lambda W_t} dW_t = \frac{1}{\pm \lambda} \left( e^{-\frac{\lambda^2 T}{2} + \lambda W_T} - 1 \right);$$

$$\text{12. } \int_a^b t^{-\frac{3}{2}} W_t e^{-\frac{W_t^2}{2t}} dW_t = a^{-\frac{1}{2}} e^{-\frac{W_a^2}{2a}} - b^{-\frac{1}{2}} e^{-\frac{W_b^2}{2b}};$$

$$\text{13. } \int_0^T \cos W_t dW_t = \sin W_T + \frac{1}{2} \int_0^T \sin W_t dt;$$

$$\text{14. } \int_0^T \sin W_t dW_t = 1 - \cos W_T - \frac{1}{2} \int_0^T \cos W_t dt;$$

$$\text{15. } d \left( \int_a^t f(s, W_s) dW_s \right) = f(t, W_t) dW_t;$$

$$\text{16. } \int_a^b Y_t dW_t = F_b - F_a, \text{ si } Y_t dW_t = dF_t;$$

$$\text{17. } \int_a^b f(t) dW_t = f(t) W_t \Big|_a^b - \int_a^b f'(t) W_t dt;$$

$$\text{18. } \int_a^b g'(W_t) dW_t = g(W_t) \Big|_a^b - \frac{1}{2} \int_a^b g''(W_t) dt.$$

# Chronologie & Lexique

## C.1 Introduction historique à la terminologie du calcul stochastique

La terminologie du calcul stochastique reflète ses origines multidisciplinaires, où la physique, les mathématiques et la finance se sont croisées pour modéliser l’aléatoire en temps continu. Ce chapitre présente une double perspective : l’évolution conceptuelle à travers les termes clés (Sous-section C.1.1) et la lignée humaine des découvertes (Sous-section C.1.2).

### C.1.1 Fondations lexicales

Le glossaire bilingue révèle plusieurs couches historiques.

- **Origines botaniques** : Le terme *mouvement brownien* (1827) précède sa formulation mathématique rigoureuse (Wiener, 1923) d’un siècle, honorant les observations de Robert Brown sur les particules de pollen.
- **Sémantique des martingales** : Le terme de jeu *martingale*, d’origine française du XVIII<sup>e</sup> siècle, fut formalisé mathématiquement par Doob dans les années 1940, tandis que le concept de *martingale locale* émergea de l’école d’Itô dans les années 1950.
- **Variantes notationnelles** : L’intégrale de Stratonovich (années 1960) conserve son orthographe d’origine cyclique, contrastant avec l’anglicisation *Itô* et la romanisation Hepburn du *lemme d’Itô*.

### C.1.2 Paradigmes chronologiques

La chronologie met en lumière trois époques distinctes.

- [1900–1940 :] Les contributions fondatrices d’Einstein, Wiener et Kolmogorov établissent les bases physiques et measure-théoriques.
- [1940–1980 :] Itô, Doob et Meyer développent le cadre moderne du calcul stochastique, parallèlement aux contributions des écoles française (Lévy, Malliavin) et soviétique (Stratonovich, Skorokhod).
- [1980–présent :] Les expansions motivées par les applications en finance (modèle de Heston) et la théorie des chemins rugueux (Lyons), ainsi que les structures de régularité de Hairer, caractérisent cette période.

Ce lexique et cette chronologie fournissent à la fois des références linguistiques et une orientation historique pour le vocabulaire technique développé dans cet ouvrage. Une attention particulière a été portée aux éléments suivants.

- Préserver les conventions de dénomination originales (par exemple, *Doléans-Dade* au lieu de *Dade-Doléans*).
- Standardiser les abréviations (TCL/CLT) selon les traditions linguistiques.
- Reconnaître l’étymologie hybride de termes comme *Ornstein-Uhlenbeck* (héritage physique néerlando-allemand).

## C.2 Lexique bilingue anglais/français

Anglais	Français
<b>Law of Large Numbers (LLN)</b>	Loi des grands nombres (LGN)
<b>Central Limit Theorem (CLT)</b>	Théorème central limite (TCL)
<b>Brownian motion</b>	Mouvement brownien
<b>Itô integral</b>	Intégrale d’Itô
<b>Stratonovich integral</b>	Intégrale de Stratonovich
<b>Quadratic variation</b>	Variation quadratique
<b>Martingale</b>	Martingale
<b>Local martingale</b>	Martingale locale
<b>Semimartingale</b>	Semi-martingale
<b>Itô’s lemma</b>	Lemme d’Itô
<b>Doléans-Dade exponential</b>	Exponentielle de Doléans-Dade
<b>Predictable process</b>	Processus prévisible
<b>Adapted process</b>	Processus adapté
<b>Stochastic differential equation (SDE)</b>	Équation différentielle stochastique (EDS)
<b>Drift coefficient</b>	Coefficient de dérive
<b>Diffusion coefficient</b>	Coefficient de diffusion
<b>Strong solution</b>	Solution forte

<b>Weak solution</b>	Solution faible
<b>Existence and uniqueness</b>	Existence et unicité
<b>Fokker-Planck equation</b>	Équation de Fokker-Planck
<b>Kolmogorov equations</b>	Équations de Kolmogorov
<b>Geometric Brownian motion</b>	Mouvement brownien géométrique
<b>Ornstein-Uhlenbeck process</b>	Processus d'Ornstein-Uhlenbeck
<b>SIR model</b>	Modèle SIR
<b>Heston model</b>	Modèle de Heston
<b>Dynamical system</b>	Système dynamique
<b>Ergodic theory</b>	Théorie ergodique
<b>Invariant measure</b>	Mesure invariante
<b>Lyapunov exponent</b>	Exposant de Lyapunov
<b>Stochastic flow</b>	Flot stochastique
<b>Random dynamical system</b>	Système dynamique aléatoire
<b>Stochastic stability</b>	Stabilité stochastique
<b>Bifurcation theory</b>	Théorie des bifurcations
<b>Attractor</b>	Attracteur
<b>Strange attractor</b>	Attracteur étrange

**Note :** Les traductions suivent les conventions standards en probabilités. Les acronymes entre parenthèses sont des abréviations reconnues internationalement.

### C.3 Figures historiques du mouvement brownien et du calcul stochastique

Dates	Scientifique
1975 –	Martin Hairer
1968 –	Wendelin Werner
1959 –	Jean-François Le Gall
1955 –	Alain-Sol Sznitman
1954 –	Dominique Bakry
1953 –	Terry Lyons
1951 –	David Nualart
1949 –2014	Marc Yor
1947 –	Shige Peng
1947 –	Étienne Pardoux
1944 –	Nicole El Karoui
1944 –	Jean Jacod

1942–2004	Catherine Doléans-Dade
1940 –	S. R. Srinivasa Varadhan
1940 –	Daniel W. Stroock
1938 –	Mark Iosifovich Freidlin
1938–1995	Fischer Black
1935 –	Shin'ichi Watanabe
1934 –	Albert Shiryaev
1934–2003	Paul-André Meyer
1930 –	Henry McKean
1930–2011	Anatoliy Skorokhod
1930–1997	Ruslan Stratonovich
1927–2013	Donald Burkholder
1925–2010	Paul Malliavin
1924–2014	Eugene Dynkin
1923–2020	Freeman Dyson
1916–2008	Gilbert Hunt
1915–2008	Kiyosi Itô (Itō)
1915–1940	Wolfgang Doeblin
1914–1984	Mark Kac
1911–2004	Shizuo Kakutani
1910–2004	Joseph Leo Doob
1908–1989	Robert Horton Cameron
1906–1970	William Feller
1903–1987	Andrey Kolmogorov
1900–1988	George Uhlenbeck
1896–1971	Paul Lévy
1894–1964	Norbert Wiener
1879–1955	Albert Einstein
1875–1941	Henri Lebesgue
1872–1946	Paul Langevin
1872–1917	Marian Smoluchowski
1871–1956	Émile Borel
1870–1942	Jean Perrin
1870–1946	Louis Bachelier
1856–1922	Andrey Markov
1856–1894	Thomas Stieltjes
1773–1858	Robert Brown

**Note historique :** Cette liste inclut les contributeurs clés au développement théorique du mouvement brownien et du calcul stochastique, classés par ordre chronologique inverse. Les noms sont présentés selon leurs conventions linguistiques (par exemple, Itô/Itō respectant la transcription japonaise).

# Bibliographie

- [1] Jeffrey SHAMAN et Melvin KOHN. « Absolute humidity modulates influenza survival, transmission, and seasonality ». In : *Proceedings of the National Academy of Sciences* 106.9 (2009), p. 3243-3248 (cf. p. 1, 4).
- [2] Theresa STOCKS. « Iterated filtering methods for Markov process epidemic models ». In : *Handbook of Infectious Disease Data Analysis*. Chapman et Hall/CRC, 2019, p. 199-219 (cf. p. 1).
- [3] Theresa STOCKS, Tom BRITTON et Michael HÖHLE. « Model selection and parameter estimation for dynamic epidemic models via iterated filtering : application to rotavirus in Germany ». In : *Biostatistics* 21.3 (2020), p. 400-416 (cf. p. 1).
- [4] Greg C. G. WEI et Martin A. TANNER. « A Monte Carlo implementation of the EM algorithm and the poor man's data augmentation algorithms ». In : *Journal of the American Statistical Association* 85.411 (1990), p. 699-704 (cf. p. 1).
- [5] Imperial College COVID-19 Response TEAM. « Impact of non-pharmaceutical interventions (NPIs) to reduce COVID-19 mortality and healthcare demand ». In : *MRC Centre for Global Infectious Disease Analysis-COVID-19 reports [Internet]* (2020) (cf. p. 1, 4).
- [6] Bernard CAZELLES et al. « A mechanistic and data-driven reconstruction of the time-varying reproduction number : Application to the COVID-19 epidemic ». In : *PLoS Computational Biology* 17.7 (2021), e1009211 (cf. p. 1, 4).
- [7] Saira BALOCH et al. « The coronavirus disease 2019 (COVID-19) pandemic ». In : *The Tohoku Journal of Experimental Medicine* 250.4 (2020), p. 271-278 (cf. p. 1, 4).
- [8] William Ogilvy KERMACK et Anderson G. McKENDRICK. « A contribution to the mathematical theory of epidemics ». In : *Proceedings of the Royal Society of London. Series A, Containing Papers of a Mathematical and Physical Character* 115.772 (1927), p. 700-721 (cf. p. 2, 4, 35, 36).
- [9] Daihai HE, Edward L. IONIDES et Aaron A. KING. « Plug-and-play inference for disease dynamics : measles in large and small populations as a case study ». In : *Journal of the Royal Society Interface* 7.43 (2010), p. 271-283 (cf. p. 2, 4).

- [10] Matt J. KEELING et Pejman ROHANI. *Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals*. Princeton University Press, 2008 (cf. p. 2-5).
- [11] Christiane FUCHS. *Inference for Diffusion Processes : With Applications in Life Sciences*. Springer Science & Business Media, 2013 (cf. p. 2).
- [12] Carles BRETO et al. « Time series analysis via mechanistic models ». In : *The Annals of Applied Statistics* (2009), p. 319-348 (cf. p. 3).
- [13] Aaron A. KING et al. « Inapparent infections and cholera dynamics ». In : *Nature* 454.7206 (2008), p. 877-880 (cf. p. 3).
- [14] Cheng HSIAO. *Analysis of Panel Data*. Cambridge University Press, 2022 (cf. p. 3).
- [15] Tom BRITTON. « Stochastic epidemic models : a survey ». In : *Mathematical Biosciences* 225.1 (2010), p. 24-35 (cf. p. 3, 4).
- [16] Roy M. ANDERSON et al. « Age-dependent choice of sexual partners and the transmission dynamics of HIV in Sub-Saharan Africa ». In : *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B : Biological Sciences* 336.1277 (1992), p. 135-155 (cf. p. 3-5, 7, 8).
- [17] Neil M. FERGUSON et al. « Strategies for mitigating an influenza pandemic ». In : *Nature* 442.7101 (2006), p. 448-452 (cf. p. 3-5).
- [18] Fred BRAUER et al. *Mathematical Epidemiology*. T. 1945. Springer, 2008 (cf. p. 3-5).
- [19] Evangelos MOURKAS et al. « Agricultural intensification and the evolution of host specialism in the enteric pathogen *Campylobacter jejuni* ». In : *Proceedings of the National Academy of Sciences* 117.20 (2020), p. 11018-11028 (cf. p. 3, 4).
- [20] Marc BAGUELIN et al. « Vaccination against pandemic influenza A/H1N1v in England : a real-time economic evaluation ». In : *Vaccine* 28.12 (2010), p. 2370-2384 (cf. p. 4).
- [21] Rosemary GARTNER. « Sex, gender, and crime ». In : *The Oxford Handbook of Crime and Criminal Justice* (2011), p. 348-384 (cf. p. 4).
- [22] Marc BAGUELIN et al. « Assessing optimal target populations for influenza vaccination programmes : an evidence synthesis and modelling study ». In : *PLoS Medicine* 10.10 (2013), e1001527 (cf. p. 4).
- [23] Neil M. FERGUSON et al. « Strategies for containing an emerging influenza pandemic in Southeast Asia ». In : *Nature* 437.7056 (2005), p. 209-214 (cf. p. 4).
- [24] Linda J. S. ALLEN. *An Introduction to Stochastic Processes with Applications to Biology*. CRC Press, 2010 (cf. p. 4).
- [25] F. DENIS et C. LETELLIER. « Théorie du chaos en radiothérapie : la mésange et le papillon... ». In : *Cancer/Radiothérapie* 16.5-6 (2012), p. 404-409 (cf. p. 5).

- [26] Anthony DESCLAUX. « Étude expérimentale du comportement linéaire et non linéaire d'une flamme diphasique soumise à une excitation acoustique. Mise en œuvre d'une méthode de contrôle adaptative ». Thèse de doct. Université de Toulouse, 2020 (cf. p. 5).
- [27] B. S. WHITE. « The Stochastic Caustic ». In : *SIAM Journal on Applied Mathematics* 44.1 (1984), p. 127-149 (cf. p. 5).
- [28] Bärbel F. FINKENSTÄDT et Bryan T. GRENfell. « Time series modelling of childhood diseases : a dynamical systems approach ». In : *Journal of the Royal Statistical Society Series C : Applied Statistics* 49.2 (2000), p. 187-205 (cf. p. 5).
- [29] David E. STOUT. « Things I have learned (thus far)... reflections of an accounting academic ». In : *Journal of Accounting Education* 35 (2016), p. 1-19 (cf. p. 5).
- [30] Johan Andre Peter HEESTERBEEK. « A brief history of R 0 and a recipe for its calculation ». In : *Acta Biotheoretica* 50.3 (2002), p. 189-204 (cf. p. 5).
- [31] John R. ANDERSON. « Is human cognition adaptive ? » In : *Behavioral and Brain Sciences* 14.3 (1991), p. 471-485 (cf. p. 5, 6).
- [32] Odo DIEKMANN et al. « A beginner's guide to adaptive dynamics ». In : *Banach Center Publications* 63 (2004), p. 47-86 (cf. p. 5, 6).
- [33] Sebastian FUNK et al. « The spread of awareness and its impact on epidemic outbreaks ». In : *Proceedings of the National Academy of Sciences* 106.16 (2009), p. 6872-6877 (cf. p. 6).
- [34] Marcel SALATHÉ et James H. JONES. « Dynamics and control of diseases in networks with community structure ». In : *PLoS Computational Biology* 6.4 (2010), e1000736 (cf. p. 6).
- [35] Duncan J. WATTS et Steven H. STROGATZ. « Collective dynamics of 'small-world' networks ». In : *Nature* 393.6684 (1998), p. 440-442 (cf. p. 8).
- [36] Hans HEESTERBEEK et al. « Modeling infectious disease dynamics in the complex landscape of global health ». In : *Science* 347.6227 (2015), aaa4339 (cf. p. 8).
- [37] Herbert W. HETHCOTE et Pauline van den DRIESSCHE. « An SIS epidemic model with variable population size and a delay ». In : *Journal of Mathematical Biology* 34 (1995), p. 177-194 (cf. p. 9).
- [38] John CRANK et Phyllis NICOLSON. « A practical method for numerical evaluation of solutions of partial differential equations of the heat-conduction type ». In : *Mathematical Proceedings of the Cambridge Philosophical Society* 43.1 (1947), p. 50-67 (cf. p. 9).
- [39] Fred BRAUER, Carlos CASTILLO-CHAVEZ, Zhilan FENG et al. *Mathematical Models in Epidemiology*. T. 32. Springer, 2019 (cf. p. 9).

- [40] James D. MURRAY. *Mathematical Biology : I. An Introduction*. T. 17. Springer Science & Business Media, 2007 (cf. p. 9).
- [41] Arun J. PERUMPANANI et H. H. HUANG. « A modified equivalent volume formulation for acoustic propagation in lined ducts with mean flow ». In : *Journal of Sound and Vibration* 231.2 (2000), p. 247-265 (cf. p. 9).
- [42] Linda J. S. ALLEN et al. *Mathematical epidemiology*. T. 1945. Springer, 2008 (cf. p. 13, 17, 27, 28, 30, 35).
- [43] O. DIEKMANN, H. HEESTERBEEK et T. BRITTON. *Mathematical tools for understanding infectious disease dynamics*. Princeton University Press, 2012 (cf. p. 13, 17, 18, 21, 22, 35).
- [44] H. R. THIEME. *Mathematics in Population Biology*. Princeton : Princeton University Press, 2003 (cf. p. 13, 17, 18, 27, 28, 30, 35).
- [45] Yves CHEVALLARD. « La place des mathématiques vivantes dans l'éducation secondaire : transposition didactique des mathématiques et nouvelle épistémologie scolaire ». In : *3e Université d'été Animath 2227* (2004) (cf. p. 13, 17).
- [46] H. W. HETHCOTE. « Qualitative analyses of communicable disease models ». In : *Math. Biosci* 28 (1976), p. 335-356 (cf. p. 13, 20, 21, 35-37).
- [47] Mark EJ NEWMAN. « Spread of epidemic disease on networks ». In : *Physical review E* 66.1 (2002), p. 016128 (cf. p. 13, 20).
- [48] R. LIPSTER. « A strong law of large numbers for local martingales ». In : *Stochastics* 3 (1980), p. 217-228 (cf. p. 15, 19).
- [49] P. E. KLOEDEN et E. PLATEN. *Stochastic Differential Equations*. Springer Berlin Heidelberg, 1992, p. 103-160 (cf. p. 15, 17, 21, 24).
- [50] T. CARABALLO, A. SETTATI, M. E. FATINI et al. « Global stability and positive recurrence of a stochastic SIS model with Lévy noise perturbation ». In : *Physica A* 523 (2019), p. 677-690 (cf. p. 15, 19, 30).
- [51] T. CARABALLO et al. « On the stochastic threshold of the COVID-19 epidemic model incorporating jump perturbations ». In : *Chaos, Solitons & Fractals* 180 (2024), p. 114521 (cf. p. 19, 30).
- [52] Vincenzo CAPASSO. *Mathematical Structures of Epidemic Systems*. 2nd. Heidelberg : Spri- nger, 2008. ISBN : 978-3-540-56526-0 (cf. p. 20-22, 35-37).
- [53] W. H. HAMER. « The Milroy Lectures on Epidemic Disease in England—The Evidence of Variability and Persistence of Type ». In : *The Lancet* 1 (1906), p. 733-739 (cf. p. 21, 22).
- [54] John DOE et Jane SMITH. « Evidence of Something ». In : *Journal of Science* 10.4 (2023), p. 100-110 (cf. p. 22).

- [55] Alfred J. LOTKA. « Contribution to the Theory of Periodic Reaction ». In : *Journal of Physical Chemistry* 21 (1917), p. 341-341 (cf. p. 24).
- [56] Daniel BERNOULLI. « Exposition of a New Theory on the Measurement of Risk ». In : *Econometrica* 22.1 (1954), p. 23-36 (cf. p. 24).
- [57] Alfred James LOTKA. *Elements of Physical Biology*. Williams & Wilkins, 1925 (cf. p. 24).
- [58] Vito VOLTERRA. « Fluctuations in the abundance of a species considered mathematically ». In : *Nature* 118.2972 (1926), p. 558-560 (cf. p. 24).
- [59] M. NISS, W. BLUM et P. GALBRAITH. « Introduction ». In : *Modeling and Applications in Mathematics Education*. Sous la dir. d'et al. BLUM. Springer, 2007, p. 3-32 (cf. p. 24).
- [60] A. LAHROUZ, D. KIOUACH et L. OMARI. « Global analysis of a deterministic and stochastic nonlinear SIRS epidemic model ». In : *Nonlinear Analysis : Modelling and Control* 16.2 (2011), p. 123-145 (cf. p. 35).
- [61] Ramsès DJIDJOU-DEMASSE, Christian SELINGER et Mircea T SOFONEA. « Épidémiologie mathématique et modélisation de la pandémie de Covid-19 : enjeux et diversité ». In : *Revue francophone des laboratoires* 2020.526 (2020), p. 63-69 (cf. p. 35).
- [62] A. SETTATI et al. « Dynamics of hybrid switching diffusions SIRS model ». In : *Journal of Applied Mathematics and Computing* 52 (2016), p. 101-123 (cf. p. 35).
- [63] D. LI et S. LIU. « Threshold dynamics and ergodicity of an SIRS epidemic model with Markovian switching ». In : *J. Differ. Equ.* 263.12 (2017), p. 8873-8915 (cf. p. 51).
- [64] C. JI et D. JIANG. « Threshold behaviour of a stochastic SIR model ». In : *Appl. Math. Model.* 38.3 (2014), p. 5067-5079 (cf. p. 51).
- [65] W. O. KERMACK et A. G. McKENDRICK. « Contributions to the mathematical theory of epidemics—I ». In : *Bull. Math. Biol.* 53 (1991), p. 33-55 (cf. p. 51, 56).
- [66] F. BRAUER. « Mathematical epidemiology : past, present, and future ». In : *Infect. Dis. Model.* 2 (2017), p. 113-127 (cf. p. 51, 56).
- [67] R. SCHLICKEISER et M. KRÖGER. « Analytical modeling of the temporal evolution of epidemic outbreaks accounting for vaccinations ». In : *Physics* 3.2 (2021), p. 386-426 (cf. p. 51, 56).
- [68] C. RACKAUCKAS et Q. NIE. « DifferentialEquations.jl – A performant and feature-rich ecosystem for solving differential equations in Julia ». In : *J. Open Res. Softw.* 5.1 (2017), p. 15 (cf. p. 51).

- [69] D. GREENHALGH, Y. LIANG et X. MAO. « Modelling the effect of telegraph noise in the SIRS epidemic model using Markovian switching ». In : *Physica A* 462 (2016), p. 684-704 (cf. p. 52, 57).
- [70] C. SERRA et al. « European dry spell length distributions, years 1951–2000 ». In : *Theor. Appl. Climatol.* 114.3–4 (2013), p. 531-551 (cf. p. 52).
- [71] E. J. NELSON et al. « Cholera transmission : The host, pathogen and bacteriophage dynamic ». In : *Nat. Rev. Microbiol.* 7.10 (2009), p. 693-702 (cf. p. 52).
- [72] Y. ZHOU et W. ZHANG. « Threshold of a stochastic SIR epidemic model with Lévy jumps ». In : *Phys. A Stat. Mech. Appl.* 446 (2016), p. 204-216 (cf. p. 52).
- [73] A. GRAY et al. « A stochastic differential equation SIS epidemic model ». In : *SIAM J. Appl. Math.* 71.3 (2011), p. 876-902 (cf. p. 52, 56).
- [74] A. J. KUCHARSKI et al. « Early dynamics of transmission and control of COVID-19 : A mathematical modelling study ». In : *Lancet Infect. Dis.* 20.5 (2020), p. 553-558 (cf. p. 52).
- [75] J. BEZANSON et al. « Julia : a fresh approach to numerical computing ». In : *SIAM Review* 59 (2017), p. 65-98 (cf. p. 52).
- [76] Z. HAN et J. ZHAO. « Stochastic SIRS model under regime switching ». In : *Nonlinear Anal. Real World Appl.* 14.1 (2013), p. 352-364 (cf. p. 57).
- [77] L. C. EVANS. *An Introduction to Stochastic Differential Equations*. iii. Providence, RI : American Mathematical Society, 2013 (cf. p. 62).
- [78] B. ØKSENDAL. *Stochastic Differential Equations*. sixth. Universitext. An introduction with applications. iii. Springer, 2003 (cf. p. 62).
- [79] R. DURRETT. *Probability : Theory and Examples - Second Edition*. Duxbury Press, 1996 (cf. p. 62).
- [80] Philip E. PROTTER. *Stochastic Integration and Differential Equations, Seconde Édition*. Berlin Heidelberg New York : Springer-Verlag, 2005. ISBN : 3-540-00313-4 (cf. p. 62).
- [81] H.-H. KUO. *Introduction to Stochastic Integration*. Universitext. iii, 34. New York : Springer, 2006 (cf. p. 62).
- [82] M. MÉTIVIER. *Semimartingales*. T. 2. de Gruyter Studies in Mathematics. A course on stochastic processes. iii. Berlin-New York : Walter de Gruyter & Co., 1982 (cf. p. 62).
- [83] L. C. G. ROGERS et D. WILLIAMS. *Diffusions, Markov Processes, and Martingales. Vol. 1*. Cambridge Mathematical Library. Foundations, Reprint of the second (1994) edition. iii. Cambridge University Press, 2000 (cf. p. 62).

- [84] L. C. G. ROGERS et D. WILLIAMS. *Diffusions, Markov Processes, and Martingales*. Vol. 2. Cambridge Mathematical Library. Itô calculus, Reprint of the second (1994) edition. iii. Cambridge University Press, 2000 (cf. p. 62).
- [85] D. W. STROOCK et S. R. S. VARADHAN. *Multidimensional Diffusion Processes*. Classics in Mathematics. Reprint of the 1997 edition. iii, 124. Springer, 2006 (cf. p. 62).
- [86] I. KARATZAS et S. E. SHREVE. *Brownian Motion and Stochastic Calculus*. T. 113. Graduate Texts in Mathematics. iii, 124. Springer, 1991 (cf. p. 62).
- [87] D. REVUZ et M. YOR. *Continuous Martingales and Brownian Motion*. third. T. 293. Grundlehren der Mathematischen Wissenschaften. iii, 117. Springer, 1999 (cf. p. 62).
- [88] J. JACOD. *Calcul Stochastique et Problèmes de Martingales*. T. 714. Lecture Notes in Mathematics. iii, 124. Berlin : Springer, 1979 (cf. p. 62).
- [89] I. I. GIKHMAN et A. V. SKOROKHOD. *The Theory of Stochastic Processes. III*. T. 232. Grundlehren der Mathematischen Wissenschaften. Translated from Russian by Samuel Kotz, With corrections to Volumes I and II. iii, 129. Springer, 1979 (cf. p. 62).
- [90] A. V. SKOROKHOD. *Asymptotic Methods in the Theory of Stochastic Differential Equations*. T. 78. Translations of Mathematical Monographs. Providence, Rhode Island : American Mathematical Society, 1989 (cf. p. 62).
- [91] Rafail KHASMINSKII. *Stochastic Stability of Differential Equations*. 2nd, completely revised and enlarged. Stochastic Modelling and Applied Probability. Heidelberg, Dordrecht, London, New York : Springer, 2012 (cf. p. 62).
- [92] G. George YIN et Chao ZHU. *Hybrid Switching Diffusions : Properties and Applications*. T. 63. Stochastic Modelling and Applied Probability. New York, Dordrecht, Heidelberg, London : Springer, 2010 (cf. p. 62).
- [93] C. DELLACHERIE et P.-A. MEYER. *Probabilities and Potential*. T. 29. North-Holland Mathematics Studies. North-Holland, 1978, p. iii, 18, 20 (cf. p. 62).
- [94] C. DELLACHERIE et P.-A. MEYER. *Probabilities and Potential. B*. T. 72. North-Holland Mathematics Studies. Theory of martingales, Translated from the French by J. P. Wilson. iii. North-Holland : North-Holland Publishing, 1982 (cf. p. 62).
- [95] F. COMETS et T. MEYRE. *Calcul Stochastique et Modèles de Diffusions : Cours et Exercices Corrigés*. Coll. Sciences sup. iii. Dunod, 2006 (cf. p. 62).
- [96] P. BALDI. *Stochastic Calculus*. Universitext. An introduction through theory and exercises. Cham : Springer, 2017 (cf. p. 62).

- [97] Iosif I. GIKHMAN et Anatolij V. SKOROKHOD. *Stochastic Differential Equations*. 1st. Traduction anglaise de la version originale russe. Berlin, Heidelberg : Springer-Verlag, 1972 (cf. p. 97).
- [98] Hiroshi KANEKO et Shintaro NAKAO. « A note on approximation for stochastic differential equations ». In : *Séminaire de probabilités de Strasbourg* 22 (1988), p. 155-163. (Visité le 15/08/2023) (cf. p. 104).
- [99] L. C. G. ROGERS et David WILLIAMS. *Diffusions, Markov Processes and Martingales : Volume 2, Itô Calculus*. 2nd. Wiley, 1987 (cf. p. 104).
- [100] Wolfgang HAHN. *Stability of Motion*. Berlin, Heidelberg : Springer-Verlag, 1967 (cf. p. 105).
- [101] V. LAKSHMIKANTHAM, D. D. BAINOV et P. S. SIMEONOV. *Theory of Impulsive Differential Equations*. T. 6. Series in Modern Applied Mathematics. Singapore : World Scientific, 1989 (cf. p. 105).
- [102] Eugene B. DYNKIN. *Markov Processes*. T. I and II. 2 t. Berlin : Springer-Verlag, 1965 (cf. p. 121).
- [103] Mrinal K. GHOSH, Ari ARAPOSTATHIS et Steven I. MARCUS. « Ergodic Control of Switching Diffusions ». In : *SIAM Journal on Control and Optimization* 35.6 (1997), p. 1952-1988 (cf. p. 121).
- [104] Zhen-Qing CHEN et Zhi-Ming ZHAO. « Potential theory for elliptic systems ». In : *The Annals of Probability* 24.1 (1996), p. 293-319 (cf. p. 121).
- [105] Jia-Jie LIOU. « Recurrence and transience of Gaussian diffusion processes ». In : *Kodai Mathematical Journal* 13.2 (1990), p. 210-230 (cf. p. 125).
- [106] Rabindra N. BHATTACHARYA. « Criteria for recurrence and existence of invariant measures for multidimensional diffusions ». In : *The Annals of Probability* 6.4 (1978), p. 541-553 (cf. p. 126).
- [107] Alain BENOUSSAN. *Perturbation Methods in Optimal Control*. Chichester : John Wiley & Sons, 1988 (cf. p. 130).
- [108] Harold J. KUSHNER. *Weak Convergence Methods and Singularly Perturbed Stochastic Control and Filtering Problems*. Boston, MA : Birkhäuser, 1990 (cf. p. 130).
- [109] X. ZHANG et K. WANG. « Stochastic SIR model with jumps ». In : *Applied Mathematics Letters* 26.8 (2013), p. 867-874 (cf. p. 134).
- [110] D. APPLEBAUM et M. SIAKALLI. « Asymptotic stability of stochastic differential equations driven by Lévy noise ». In : *Journal of Applied Probability* 46 (2009) (cf. p. 134).

- [111] J. BAO et C. YUAN. « Stochastic population dynamics driven by Lévy noise ». In : *Journal of Mathematical Analysis and Applications* 391 (2012), p. 363-375 (cf. p. 134).
- [112] A. SETTATI et al. « The impact of nonlinear relapse and reinfection to derive a stochastic threshold for SIRI epidemic model ». In : *Chaos, Solitons & Fractals* 137 (2020), p. 109897 (cf. p. 134).
- [113] A. LAHROUZ et al. « The effect of a generalized nonlinear incidence rate on the stochastic SIS epidemic model ». In : *Mathematical Methods in the Applied Sciences* 44.1 (2021), p. 1137-1146 (cf. p. 134).
- [114] W. O. KERMACK et A. G. MCKENDRICK. « Contribution to Mathematical Theory of Epidemics ». In : *Proceedings of the Royal Society of London. Series A, Mathematical and Physical Sciences* 115 (1927), p. 700-721 (cf. p. 135).
- [115] H. W. HETHCOTE. « Qualitative analyses of communicable disease models ». In : *Mathematical Biosciences* 28 (1976), p. 335-356 (cf. p. 135).
- [116] A. SETTATI et al. « A Markovian switching diffusion for an SIS model incorporating Lévy processes ». In : *Discrete and Continuous Dynamical Systems - B* 28.1 (2023), p. 209-229 (cf. p. 135).
- [117] S. BOUTOUIL et al. « Analyzing Stochastic SIRS Dynamics Under Jump Perturbation ». In : *International Journal of Applied and Computational Mathematics* 10.1 (2024), p. 3 (cf. p. 135, 137).
- [118] Q. LU. « Stability of SIRS system with random perturbations ». In : *Physica A* 388 (2009), p. 3677-3686 (cf. p. 135, 156).
- [119] A. SETTATI et al. « A stochastic threshold to predict extinction and persistence of an epidemic SIRS system with a general incidence rate ». In : *Chaos, Solitons & Fractals* 144 (2021), p. 110690 (cf. p. 135).
- [120] T. CARABALLO et al. « On the stochastic threshold of the COVID-19 epidemic model incorporating jump perturbations ». In : *Chaos, Solitons & Fractals* 180 (2024), p. 114521 (cf. p. 135).
- [121] R. LIPSTER. « A strong law of large numbers for local martingales ». In : *Stochastics* 3 (1980), p. 217-228 (cf. p. 137).
- [122] D. ZHOU, X. SHI et X. ZHOU. « Dynamic Analysis of a Stochastic Delayed SEIRS Epidemic Model with Lévy Jumps and the Impact of Public Health Education ». In : *Axioms* 12.6 (2023), p. 560 (cf. p. 137).
- [123] I. ALI et S. U. KHAN. « Analysis of stochastic delayed SIRS model with exponential birth and saturated incidence rate ». In : *Chaos, Solitons & Fractals* 138 (2020), p. 110008 (cf. p. 137).

- [124] Adel SETTATI, Aadil LAHROUZ et Mourad el IDRISI. *An Introduction to Stochastic Integration and Itô Calculus*. Czialor : LAP LAMBERT Academic Publishing, 2024, p. 88. ISBN : 978-620-7-65302-7 (cf. p. 137).
- [125] A. SETTATI et A. LAHROUZ. « Stability and ergodicity of a stochastic Gilpin–Ayala model under regime switching on patches ». In : *International Journal of Biomathematics* 10.06 (2017), p. 1750090 (cf. p. 139).
- [126] A. ASSADOUQ, A. SETTATI et A. EL MYR. « Qualitative Analysis of a SIR Epidemic Model with a Nonlinear Relapse and Incidence Rate Stochastically Perturbed ». In : *Applied Mathematics* 13.6 (2019), p. 999-1007 (cf. p. 139).
- [127] T. CARABALLO et al. « Stochastic COVID-19 epidemic model incorporating asymptomatic and isolated compartments ». In : *Mathematical Methods in the Applied Sciences* (2024) (cf. p. 139).
- [128] P. E. KLOEDEN et E. PLATEN. *Stochastic Differential Equations*. Springer Berlin Heidelberg, 1992, p. 103-160 (cf. p. 145).
- [129] A. SETTATI et al. « Extinction and persistence of a stochastic Gilpin–Ayala model under regime switching on patches ». In : *Applied Mathematics Letters* 90 (2019), p. 110-117 (cf. p. 151).
- [130] Adel SETTATI, Mohamed BOUJOUNDAR et Mourad el IDRISI. *Fundamentals and Principles of Differential Calculus*. Czialor : LAP LAMBERT Academic Publishing, 2024, p. 81. ISBN : 978-620-7-65412-3 (cf. p. 151).
- [131] A. LAHROUZ et al. « Global dynamics of an epidemic model with incomplete recovery in a complex network ». In : *Journal of the Franklin Institute* 357.7 (2020), p. 4414-4436 (cf. p. 151).
- [132] A. SETTATI, A. LAHROUZ et M. EL JARROUDI. « Dynamics of hybrid switching diffusions SIRS model ». In : *Journal of Applied Mathematics and Computing* 52 (2016), p. 101-123 (cf. p. 151).
- [133] A. ASSADOUQ, H. EL MAHJOUR et A. SETTATI. « Qualitative behavior of a SIRS epidemic model with vaccination on heterogeneous networks ». In : *Italian Journal of Pure and Applied Mathematics* 43 (2020), p. 958-974 (cf. p. 151).
- [134] A. ASSADOUQ, A. SETTATI et A. EL MYR. « Qualitative Analysis of a SIR Epidemic Model with a Nonlinear Relapse and Incidence Rate Stochastically Perturbed ». In : *Applied Mathematics* 13.6 (2019), p. 999-1007 (cf. p. 151).
- [135] A. SETTATI. « Gaussian approximation of the empirical process under random entropy conditions ». In : *Stochastic Processes and their Applications* 119.5 (2009), p. 1541-1560 (cf. p. 151).

- [136] X. ZHUO. « Global attractability and permanence for a new stage-structured delay impulsive ecosystem ». In : *J. Appl. Anal. Comput.* 8 (2018), p. 457-470 (cf. p. 154).
- [137] Y. LIU, H. DONG et Y. ZHANG. « Solutions of a discrete integrable hierarchy by straightening out of its continuous and discrete constrained flows ». In : *Anal. Math. Phys.* 9 (2019), p. 465-481 (cf. p. 154).
- [138] W. O. KERMACK et A. G. MCKENDRICK. « A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics ». In : *Proc. Roy. Soc. A* 115.772 (1927), p. 700-721 (cf. p. 154).
- [139] X. MENG, L. CHEN et B. WU. « A delay SI epidemic model with pulse vaccination and incubation times ». In : *Nonlinear Anal, Real World Appl.* 11.1 (2010), p. 88-98 (cf. p. 154).
- [140] R. G. WEBSTER et al. « Evolution and ecology of influenza A viruses ». In : *Microbiol. Rev.* 56.1 (1992), p. 152-179 (cf. p. 154).
- [141] S. R. FINKBEINER et al. « Metagenomic analysis of human diarrhea : viral detection and discovery ». In : *PLOS Pathog.* 4.2 (2008), p. 1-9 (cf. p. 154).
- [142] L. G. CHAN. « Deaths of children during an outbreak of hand, foot, and mouth disease in Sarawak, Malaysia : clinical and pathological characteristics of the disease ». In : *Clin. Infect. Dis.* 31.3 (2000), p. 678-683 (cf. p. 154).
- [143] W. O. KERMACK et A. G. MCKENDRICK. « A contribution to the mathematical theory of epidemics. II. The problem of endemicity ». In : *Proc. Roy. Soc. A* 138.834 (1932), p. 55-83 (cf. p. 154).
- [144] J. LI, Z. MA et Y. ZHOU. « Global analysis of an SIS epidemic model with a simple vaccination and multiple endemic equilibria ». In : *Acta Math. Sci.* 26.1 (2006), p. 83-93 (cf. p. 155).
- [145] A. MIAO et al. « Dynamics of a stochastic SIR model with both horizontal and vertical transmission ». In : *J. Appl. Anal. Comput.* 4 (2018), p. 1108-1121 (cf. p. 155).
- [146] Y. SONG et al. « Extinction and persistence of a stochastic SIRS epidemic model with saturated incidence rate and transfer from infectious to susceptible ». In : *Adv. Differ. Equ.* 2018.1 (2018), p. 1-11 (cf. p. 155).
- [147] T. ZHANG et al. « A stage-structured predator-prey model with disease in the prey and impulsive effects ». In : *Math. Model. Anal.* 18.4 (2013), p. 505-528 (cf. p. 155).
- [148] N. C. SEVERO. « Generalizations of some stochastic epidemic models ». In : *Math. Biosci.* 4 (1969), p. 395-402 (cf. p. 155).

- [149] H. W. HETHCOTE, M. A. LEWIS et P. vanden DRIESSCHE. « An epidemiological model with a delay and a nonlinear incidence rate ». In : *J. Math. Biol.* 27.1 (1989), p. 49-64 (cf. p. 155).
- [150] M. Y. LI et J. S. MULDOWNEY. « Global stability for the SEIR model in epidemiology ». In : *Math. Biosci.* 125.2 (1995), p. 155-164 (cf. p. 155).
- [151] A. KOROBEINIKOV. « Global properties of infectious disease models with nonlinear incidence ». In : *Bull. Math. Biol.* 69.6 (2007), p. 1871-1886 (cf. p. 155).
- [152] S. RUAN et W. WANG. « Dynamical behavior of an epidemic model with a nonlinear incidence rate ». In : *J. Diff. Equ.* 188.1 (2003), p. 135-163 (cf. p. 155).
- [153] G. HUANG et al. « Global stability for delay SIR and SEIR epidemic models with nonlinear incidence rate ». In : *Bull. Math. Biol.* 72.5 (2010), p. 1192-1207 (cf. p. 155).
- [154] H. W. HETHCOTE, M. A. LEWIS et P. vanden DRIESSCHE. « An epidemiological model with a delay and a nonlinear incidence rate ». In : *J. Math. Biol.* 27.1 (1989), p. 49-64 (cf. p. 155).
- [155] M. LIZANA et J. RIVERO. « Multiparametric bifurcations in an epidemiological model ». In : *J. Math. Biol.* 35 (1996), p. 21-36 (cf. p. 155).
- [156] W. LIU, S. A. LEVIN et Y. IWASA. « Influence of nonlinear incidence rates on the dynamics of SIRS epidemiological models ». In : *Math. Biosci.* 67.3 (1986), p. 865-872 (cf. p. 155).
- [157] W. LIU, H. W. HETHCOTE et S. A. LEVIN. « Dynamical behavior of epidemiological models with nonlinear incidence rates ». In : *J. Math. Biol.* 25.4 (1987), p. 359-380 (cf. p. 155).
- [158] A. LAHROUZ et L. OMARI. « Extinction and stationary distribution of a stochastic SIR epidemic model with nonlinear incidence ». In : *Stat. Probab. Lett.* 83.4 (2013), p. 960-968 (cf. p. 156).
- [159] Q. LIU et al. « Stationary distribution and extinction of a stochastic SIR epidemic model with standard incidence ». In : *Physica A* 469 (2017), p. 510-517 (cf. p. 156).
- [160] X. LENG, T. FENG et X. MENG. « Stochastic inequalities and applications to dynamics analysis of a novel SIVS epidemic model with jumps ». In : *J. Inequal. Appl.* (2017), p. 1-25 (cf. p. 156).
- [161] E. BERETTA, V. KOLMANOVSKII et L. SHAIKHET. « Stability of epidemic models with time delays influenced by stochastic perturbations ». In : *Math. Comput. Simul.* 45.3 (1998), p. 269-277 (cf. p. 156).

- [162] Z. CHANG, X. MENG et T. ZHANG. « A new way of investigating the asymptotic behavior of a stochastic SIS system with multiplicative noise ». In : *Appl. Math. Lett.* 87 (2019), p. 80-86 (cf. p. 156).
- [163] A. LAHROUZ, L. OMARI et D. KIOUACH. « Global analysis of deterministic and stochastic nonlinear SIRS epidemic models ». In : *Nonlinear Anal. Model Control* 16 (2011), p. 59-76 (cf. p. 156, 160).
- [164] A. LAHROUZ et A. SETTATI. « Necessary and sufficient conditions for extinction and persistence in an SIRS system with random perturbation ». In : *Appl. Math. Comput.* 233 (2014), p. 10-19 (cf. p. 156).
- [165] N. H. DU et al. « Dynamical behavior of Lotka-Volterra competition systems : Non autonomous bistable case and the effect of telegraph noise ». In : *J. Comput. Appl. Math.* 170 (2004), p. 399-422 (cf. p. 157).
- [166] A. LAHROUZ et A. SETTATI. « Asymptotic properties of switching diffusion epidemic models with varying population size ». In : *Appl. Math. Comput.* 219 (2013), p. 11134-11148 (cf. p. 157).
- [167] A. SETTATI et al. « Dynamics of hybrid switching diffusions SIRS model ». In : *J. Appl. Math. Comput.* 52 (2016), p. 101-123 (cf. p. 157).
- [168] A. GRAY et al. « The SIS epidemic model with Markovian switching ». In : *J. Math. Anal. Appl.* 394.2 (2012), p. 496-516 (cf. p. 157).
- [169] X. YU, S. YUAN et T. ZHANG. « Persistence and ergodicity of a stochastic single species model with Allee effect under regime switching ». In : *Commun. Nonlinear Sci. Numer. Simul.* 59 (2018), p. 359-374 (cf. p. 157).
- [170] W. CUI et Y. ZHAO. « Saddle-node bifurcation and Bogdanov-Takens bifurcation of a SIRS epidemic model with nonlinear incidence rate ». In : *J. Differ. Equ.* 384 (2024), p. 252-278 (cf. p. 157).
- [171] J. WANG, Z. TENG et B. DAI. « Qualitative analysis of a reaction-diffusion SIRS epidemic model with nonlinear incidence rate and partial immunity ». In : *Infect. Dis. Model.* 8.3 (2023), p. 881-911 (cf. p. 157).
- [172] Q. LIU et al. « A stochastic SIRS epidemic model with logistic growth and general nonlinear incidence rate ». In : *Physica A : Stat. Mech. Appl.* 551 (2020), p. 124152 (cf. p. 157).
- [173] Q. PAN, J. HUANG et Q. HUANG. « Global dynamics and bifurcations in a SIRS epidemic model with a nonmonotone incidence rate and a piecewise-smooth treatment rate ». In : *Discrete Contin. Dyn. Syst. B* 27.7 (2022), p. 3533-3561 (cf. p. 157).
- [174] D. WANG et al. « Simplicial SIRS epidemic models with nonlinear incidence rates ». In : *Chaos : Interdiscip. J. Nonlinear Sci.* 31.5 (2021) (cf. p. 157).

- [175] C. ZHU et G. YIN. « Asymptotic properties of hybrid diffusion systems ». In : *SIAM J. Control Optim.* 46 (2007), p. 1155-1179 (cf. p. 159).
- [176] R. Z. KHASMINSKII, C. ZHU et G. YIN. « Stability of regime-switching diffusions ». In : *Stochastic Processes Appl.* 117 (2007), p. 1037-1051 (cf. p. 160, 162, 164).
- [177] C. YUAN et X. MAO. « Robust stability and controllability of stochastic differential delay equations with Markovian switching ». In : *Automatica* 40 (2004), p. 343-354 (cf. p. 160).
- [178] Z. HAN et J. ZHAO. « Stochastic SIRS model under regime switching ». In : *Nonlinear Anal. Real World Appl.* 14 (2013), p. 352-364 (cf. p. 160).
- [179] X. MAO. *Stochastic Differential Equations and Applications*. Chichester : Horwood Publishing Limited, 1997 (cf. p. 169).
- [180] D. H. NGUYEN et G. YIN. « Stability of regime-switching diffusion systems with discrete state spaces ». In : *SIAM J. Control Optim.* 56.5 (2018), p. 3893-3917 (cf. p. 174).
- [181] M. BENAÏM et C. LOBRY. « Lotka–Volterra models with randomly fluctuating environments : How switching between beneficial environments can make survival harder ». In : *Ann. Appl. Probab.* 26.6 (2016), p. 3754-3785 (cf. p. 174).
- [182] E. KLOEDEN et E. PLATEN. *Numerical Solution of Stochastic Differential Equations*. Springer, 1992 (cf. p. 177).

# Index des notations et abréviations

## A

- $A(x, j)$  matrice de diffusion, 158  
 $\alpha$  coefficient d'infection, 135  
 $\alpha_t$  chaîne de Markov, 109  
 $\alpha_t$  taux d'infection, 33  
 $a$  taux de guérison, 37, 40, 48  
 p.s. convergence presque sûre, 65

## C

- $C_b$  fonctions continues bornées, 131  
 $\text{Cov}(X, Y)$  covariance, 64  
 condition de seuil  $\Lambda$ , 161  
 COVID-19, 28  
 càdlàg continus à droite avec limites  
     à gauche presque sûrement, 76

## B

- $(b, \sigma^2, \nu)$  triplet de Lévy, 78  
 $B(t)$  mouvement brownien, 92  
 $B_t$  Mouvement brownien, 79, 83, 109  
 $B_t$  Mouvement brownien multidimensionnel, 87  
 $B_t$  mouvement Brownien, 78  
 $B_t$  mouvement brownien multidimensionnel, 81  
 $\beta$  taux de transmission, 50, 52, 53, 55, 56  
 $\beta$  taux de transmission de la maladie, 30  
 $\mathcal{B}$   $\sigma$ -algèbre de Borel, 131  
 $\mathcal{B}^d$  Borel sigma-algèbre sur  $\mathbb{R}^d$ , 62  
 $b$  coefficient de dérive, 77  
 $b$  taux d'infection, 37, 40, 42, 46, 48

## D

- $\Delta t$  incrément de temps, 37  
 $\Delta$  simplexe de probabilité, 158  
 $\delta$  taux de perte d'immunité, 56  
 $\delta_{ij}$  delta de Kronecker, 82  
 $\xrightarrow{d}$  convergence en distribution, 65  
 $d$  taux de mortalité, 42

## E

- $\mathcal{E}$  espace des états, 158  
 $\eta$  taux de perte d'immunité, 135  
 $\eta(u)$  exposant de Lévy, 76  
 $\mathbb{E}$  espérance, 92  
 $\mathbb{E}(X)$  espérance, 64  
 $\mathbb{E}(XY)$  espérance du produit, 67

$\mathbb{E}(X | \mathcal{G})$  espérance conditionnelle,  
68

$\mathbb{E}(\mathbf{X} | \mathcal{G})$  espérance conditionnelle  
vectorielle, 69

$e$  taux d'entrée, 42

EDO équation différentielle  
ordinaire, 23, 24

espace  $C_b(D)$  des fonctions  
continues bornées sur  $D$ , 122

## F

### F

$\mathcal{F}$  sigma-algèbre, 62

$\mathcal{F}_t^B$  filtration naturelle du  
mouvement brownien, 80

$\mathcal{F}_\tau$  algèbre  $\sigma$  arrêtée, 71

$\bar{\mathcal{F}}_t$  filtration complétée, 80

$\tilde{\mathcal{F}}$  complétion de  $\sigma$ -algèbre, 64

$f(S, I)$  fonction d'incidence de  
masse, 46

$f(x, t)$  coefficient de dérive, 89

fonction  $f_{(a,b)}$ , 159

fonction de Lyapunov  $V(S, I, R, j)$ ,  
162

fonction quadratique  $\Theta_j(x)$ , 161

## G

### G

$\Gamma$  matrice génératrice, 158

$G, G^{-1}$  fonction de Bihari, 95

$G_i$ , 116

$\gamma$  paramètre de dérive, 109

$\gamma$  taux de guérison, 50, 53

$\gamma$  taux de mortalité, 30

$\gamma$  taux de rétablissement, 55, 56

$g(t)$  Processus simple, 83

$g(x, t)$  coefficient de diffusion, 89

générateur  $\mathcal{L}$ , 124, 127

générateur  $\mathcal{L}$  du processus, 122

## H

### H

$H(S)$ , 139

## I

### I

$I$  individus infectieux, 53, 55

$I$  infectieux, 150

$I(t)$  Intégrale d'Itô locale, 88

$I(t)$  individus infectés, 50

$I(t)$  individus infectés au temps  $t$ ,  
37, 40, 48

$I(t)$  intégrale d'Itô indéfinie, 85

$I(t)$  nombre d'individus infectés au  
temps  $t$ , 46

$I(t)$  population infectée, 145

$I^{\zeta_{\xi(t)}}$ , 152

$\int g(t) dB_t$  Intégrale d'Itô, 83

$\langle I \rangle_t$  variation quadratique, 86

$I(\mathbf{t})$  individus infectés au temps  $t$ , 2

## J

### J

$J$  matrice jacobienne, 43

## K

### K

$\mathcal{K}$  classe des fonctions de  
comparaison, 105

$k = \frac{1}{N - \frac{a}{b}}$  capacité limite, 49

## L

### L

$L_t$  Processus de Lévy, 109  
 $\Lambda$  Lambda, 183  
 $\Lambda$  paramètre seuil, 152, 189  
 $\lambda$  intensité de Poisson, 77  
 $\lambda$  taux de Poisson, 109  
 $\lambda$  taux de guérison, 135  
 $\lambda_t$  intensité dépendante du temps, 77  
 $\lambda_{\max}$  plus grande valeur propre, 129  
 $\lambda_{\min}$  plus petite valeur propre, 127  
 $\limsup A_k$  limite supérieure des ensembles, 67  
 $L^2$  Espace des variables aléatoires à intégrale quadratique, 84  
 $L^p$  espace  $L^p$ , 65  
 $L^p$  espace  $L^p$ , 64  
 $\mathcal{L}$  générateur, 128, 159  
 $\mathcal{L}V(x, t)$ , 110  
 $\overline{\Lambda}_1, \overline{\Lambda}_2$  Lambda-bar, 178  
 $\widetilde{\Lambda}_1, \widetilde{\Lambda}_2$  Lambda-tilde, 178  
 $\xrightarrow{L^p}$  convergence en  $L^p$ , 65  
fonction  $\mathcal{L}$ -harmonique, 121

## M

M martingale, 144  
 $\langle M \rangle_t$  crochet de Meyer, 136  
 $\langle M \rangle_t$  variation quadratique, 73  
 $\langle M, N \rangle_t$  variation quadratique conjointe, 74  
 $M^2$  Espace des processus à intégrale quadratique, 83, 85  
 $M^2$  Processus intégrables à valeurs matricielles, 87  
 $M_{loc}^2$  espace des processus localement à intégrale quadratique, 88  
 $M_0$  Espace des processus simples, 83

$\mu$  coefficient de dérive, 109  
 $\mu$  taux de mortalité, 50  
 $\mu$  taux de natalité, 47  
 $\mu_1$  taux de mortalité des susceptibles, 44  
 $\mu_2$  taux de mortalité des infectés, 44  
 $\mu_3$  taux de mortalité des rétablis, 44  
 $\mu_X$  mesure de distribution, 64  
Modèle SEIR, 50  
modèle SI, 46  
Modèle SIR, 50  
modèle SIR, 36, 38–40, 45, 46, 135, 153  
modèle SIRS, 45, 153  
Modèle SIS, 48

## N

N mesure de comptage de Poisson, 136  
N population totale, 49, 50  
N taille totale de population, 38, 39  
 $N(dt, dx)$  mesure aléatoire de Poisson, 77  
 $N_t$  processus de Poisson, 77, 93, 109  
 $N_t$  processus de comptage, 77  
 $\mathcal{N}(\mu, \sigma^2)$  distribution normale, 79  
 $\nu$  mesure de Lévy, 109  
 $\nu$  taux de natalité, 50  
 $\nu(dx)$  mesure de Lévy, 77  
 $\nu(dz, dt)$  mesure compensée des sauts, 93  
 $\tilde{N}(dt, dz)$  mesure compensée de Poisson, 93  
 $\tilde{N}$  mesure de Poisson compensée, 135

**O****O**

- $(\Omega, \mathcal{F}, \mathbf{P})$  espace de probabilité, 63  
 $\Omega$  espace des échantillons, 62

**P****P**

- $\Pi(S)$ , 139  
 $\mathbf{P}$  mesure de probabilité, 63  
 $\mathbf{P}(A | B)$  probabilité conditionnelle, 68  
 $\mathbf{P}_{x,\alpha}$  mesure de probabilité, 126  
 $\mathbf{P}_{x,i}$  mesure de probabilité pour le processus partant de  $(x, i)$ , 123  
 $\pi$  mesure de Lévy, 136  
 $\xrightarrow{\mathbf{P}}$  convergence en probabilité, 65  
 $p$  taux de vaccination, 42, 56  
 $p_A$  probabilité d'asymptomatique, 33  
 $p_H$  probabilité d'hospitalisation, 33  
 $p_c$  seuil de percolation, 7  
paramètre de seuil  $\Lambda$ , 162  
paramètre exposant  $\zeta_j$ , 162

**Q****Q**

- $q$  fraction vaccinée, 56  
 $q_{ij}$  Taux de transition, 109

**R****R**

- $R$  individus rétablis, 53, 55  
 $R$  rétabli, 150  
 $R(t)$  individus rétablis, 50

$R(t)$  individus rétablis au temps  $t$ , 2, 37

$R(t)$  population rétablie, 145

$R_0$  nombre de reproduction de base, 42, 44

$R_{\text{eff}}$  nombre de reproduction effectif, 5

$\mathbb{R}^d$  produit cartésien de  $d$  copies des réels, 70

$\mathbb{R}_+^3$  espace des réels positifs, 158

$\rho$  taux de natalité/mortalité, 135

$\rho(\cdot)$  rayon spectral, 127

$\rho_{\xi(t)}$  exposant commuté, 189

$r = bN - a$  taux de croissance, 49

$r$  taux de perte d'immunité, 45, 46

**S****S**

$S$  individus susceptibles, 53, 55

$S$  susceptibles, 150

$S(t)$  individus susceptibles, 50

$S(t)$  individus susceptibles au temps  $t$ , 2, 37, 40, 48

$S(t)$  nombre d'individus susceptibles au temps  $t$ , 46

$S(t)$  population susceptible, 145

$SIR$  modèle susceptible-infecté-rétabli, 56

$SIR/SIS/SIRS/SEIR/SVIS$  modèles épidémiologiques, 56

$S^{\rho_{\xi(t)}} I^{\zeta_{\xi(t)}}$  terme bilinéaire commuté, 189

$S^{\rho_{\xi(t)}}$ , 152

$S_h$  sphère de rayon  $h$ , 105

$\sigma$  coefficient de diffusion, 77, 109

$\sigma$  intensité du bruit, 57

$\sigma$  taux d'incubation, 30, 50

$\sigma$  taux de natalité ou d'immigration, 44

$\sigma(X)$ $\sigma$ -algèbre générée par $X$ , 63	$V(X)$ variance, 64
$\sigma(X_i : i \in I)$ $\sigma$ -algèbre générée par une famille, 63	$V_x$ dérivées partielles, 90
$\sigma_D$ premier temps de passage dans le domaine $D$ , 122	$V_{xx}$ dérivées partielles, 90
$\sigma_U$ premier temps de passage, 125	$\rho, \rho'$ , 139
$\zeta_v$ fonction d'impact des sauts, 136	$\zeta_v$ , 139
scipy, 23	$\vartheta$ taux de natalité/mortalité, 56
solve_ivp, 23	
modèle SIRS, 150	
SIRS épidémique, 152	
<b>T</b>	
T	
$\mathcal{T}^1$ seuil, 145	
$\mathcal{T}^1, \mathcal{T}^2$ , 139	
$\mathcal{T}^2$ seuil, 145	
$\mathcal{T}^3$ seuil, 143, 148	
$\mathcal{T}^4$ seuil, 143, 148	
$\tau_D$ temps de sortie du domaine $D$ , 120	
$\tau_k$ temps des sauts, 77	
$\tau_t$ temps d'arrêt, 82	
$t_h$ temps d'hospitalisation, 33	
$t_i$ temps d'incubation, 33	
$t_p$ période infectieuse	
pré-symptomatique, 34	
$t_s$ période infectieuse, 33	
$t_{bh}$ temps avant l'hospitalisation, 33	
<b>V</b>	
V	
$\mathbf{V}$	
<b>W</b>	
W	
$W(t)$ mouvement brownien, 158	
<b>X</b>	
X	
$X(t)$ processus de Markov, 158	
$X_t$ processus de Lévy, 76	
$X_t$ processus de marche aléatoire, 58	
$\xi_k$ tailles des sauts, 77	
$x(t)$ processus d'Itô, 89	
<b>Y</b>	
Y	
$Y_t$ processus de Poisson composé, 77	
<b>Z</b>	
Z	
$\zeta_{\xi(t)}$ exposant commuté, 189	

# Index des Termes

## A

### A

- additivité dénombrable, 63
- algèbre sigma arrêtée, 71
- algèbres  $\sigma$ -indépendantes, 66
- analyse d'extinction, 148
- analyse de persistance, 145
- analyse de stabilité, 43, 161
- analyses de sensibilité, 51
- approximation d'Euler-Maruyama, 103
- asymptomatique, 30
- attracteur de Lorenz, 15
- autres formes de modélisation, 18

## B

### B

- Bernoulli, Daniel, 153
- biologie, 58
- Borel  $\sigma$ -algèbre, 62
- bruit blanc, 52, 56
- bruit télégraphique, 54, 56

## C

### C

- calcul différentiel, 24

- capacité de charge, 24
- caractérisations de la convergence, 66
- caractéristiques de la diffusion, 58
- changement de temps pour les martingales, 82
- chaîne de Markov, 54, 57, 131
- chaînes de Markov, 130
- chemins échantillons, 111
- chimie, 58
- classes de processus spéciaux, 70
- coefficient de proportionnalité, 21
- comparaison des moments, 65
- Compartiment des exposés, 50
- compartiment des rétablis, 45
- compartiment des susceptibles, 44
- compartiment exposé, 3
- compartiment hospitalisé, 3
- complétion d'une  $\sigma$ -algèbre, 63
- complétion de l'espace de probabilité, 80
- comportement endémique, 145
- comportement limite des processus stochastiques, 102
- comportement épidémique, 145
- composante d'alimentation, 42
- composante de décès, 42
- condition aux limites, 122
- condition d'ellipticité, 119
- condition d'extinction, 161

condition de Lipschitz locale, 99  
 condition de Lipschitz locale dépendante du temps, 100  
 condition monotone, 99  
 conditions initiales, 22  
 conditions usuelles (filtration), 70  
 confinement, 29  
 contamination, 28  
 continuité de Hölder, 126  
 Continuité de Hölder, 81  
 contrôle des maladies, 151  
 convergence en  $L^p$ , 65  
 convergence en distribution, 65  
 convergence en probabilité, 65  
 convergence générale (Euler-Maruyama), 103  
 convergence presque sûre, 65, 123  
 courbe d'infection, 7  
 courbe épidémique, 28  
 covariance, 64  
 intégrales d'Itô, 87

## D

D  
 densité stationnaire, 131  
 diffusion, 58  
 diffusion d'Itô, 93  
 diffusion moléculaire, 59  
 diffusion à changement de régime de Markov, 109  
 diffusions à changement de régime, 129  
 distribution d'une variable aléatoire, 64  
 distribution des espèces, 51  
 distribution stationnaire, 127, 131  
 distributions de probabilité, 18  
 droite-continue, 62  
 dynamique, 29

dynamique des populations, 23, 51  
 dynamique stochastique, 58  
 dynamique stochastique de population infectée, 100  
 dynamiques stochastiques, 150  
 décomposition de Lévy-Itô, 78  
 décomposition en cycles, 130  
 décédé, 30  
 dérivée, 27  
 déstabilisation par le bruit, 117  
 déstabilisation stochastique, 116  
 développement de modèles, 18

## E

E  
 effets stochastiques, 52  
 ellipticité uniforme, 121  
 entrée, 42  
 ergodicité, 130  
 espace d'état, 13  
 espace de fonctions, 89  
 espace de probabilité, 63  
 espace de probabilité complet, 64  
 espace de probabilité filtré, 62  
 espace des phases, 13  
 espace des processus intégrables, 83  
 espace des échantillons, 62  
 espace mesurable, 62  
 espérance, 64  
 espérance conditionnelle, 68  
 espérance conditionnelle discrète, 68  
 espérance conditionnelle vectorielle, 69  
 estimation des paramètres, 51  
 excursions de trajectoires, 128  
 exigences pour les modèles épidémiologiques, 18  
 exposant de infectiosité, 154

exposant de Lyapunov, 113  
 exposant de Lyapunov de l'échantillon, 111  
 exposant de susceptibilité, 154  
 exposé, 30, 33  
 extinction, 143, 178  
 extinction de l'espèce, 24  
 épicourbe, 28  
 épidémie, 27, 36, 134  
 épidémiologie, 24, 27, 58, 134, 150  
 équation différentielle, 24, 40  
 équation différentielle stochastique linéaire, 114  
 équations aux différences, 18  
 équations d'état, 18  
 équations différentielles, 18, 22  
 équilibre sans maladie, 161, 189  
 études de simulation, 51  
 évolution, 27  
 événements observables, 62

## F

F

famille indépendante de variables aléatoires, 67  
 filtration, 70  
   filtration augmentée, 81  
   filtration naturelle, 80  
 filtration complète, 70  
 filtration continue à droite, 70  
 filtration extension, 80  
 flux de travail en modélisation, 20  
 Fonction de Lyapunov, 106  
 fonction de Lyapunov, 110, 114, 124, 126, 127, 161  
 fonction de Lyapunov pour la stabilité générale, 117  
 fonction de Lyapunov quadratique, 115

fonction de Lyapunov stochastique, 110  
 fonction harmonique, 121  
 fonction indicatrice, 63  
 Fonction logistique, 49  
 fonction logistique, 24  
 fonction mesurable, 62, 63  
 fonction mesurable de Borel, 63, 121  
 force de l'infection, 30  
 Formule d'Itô, 89  
   multidimensionnelle, 91  
   unidimensionnelle, 90  
 formule d'Itô, 162  
 formule de Dynkin, 100  
 formule de Lévy-Khintchine, 76  
 formule de transformation, 64  
 frontière, 128  
 méthode des différences finies, 23

## G

G

générateur infinitésimal, 109

## H

H

hiérarchie des convergences, 66  
 hospitalisé, 30

## I

I

Immunité, 48  
 immunité, 39  
 immunité collective, 56  
 immunité décroissante, 154

- Incréments du mouvement brownien, 79  
incréments indépendants, 79  
incréments stationnaires, 80  
individus infectés, 28, 35, 37, 56  
individus susceptibles, 56  
individus vaccinés, 56  
indépendance, 66  
infection, 37  
infection primaire, 28  
infectious, 33  
infectious non-hospitalized, 34  
infecté avec symptômes bénins, 30  
infecté avec symptômes graves, 30  
infecté présymptomatique, 30  
infecté, infectieux, 33  
infecté, non infectieux, 33  
infecté, supposé non infectieux, 33  
instabilité exponentielle du moment, 114, 115  
instabilité exponentielle presque sûre, 112  
interprétation de modèles, 18  
intervalles stochastiques, 71  
intégrale arrêtée  
    propriétés, 86  
    propriétés conditionnelles, 86  
    représentation, 87  
Intégrale d'Itô, 83  
intégrale d'Itô  
    continuité, 86  
    définition générale, 84  
    définition multidimensionnelle, 87  
    indéfinie, 85  
    linéarité, 84  
    multidimensionnelle, 87  
    multiplication par une variable aléatoire mesurable, 85  
processus simples, 83  
propriété additive, 85  
propriétés, 84  
propriétés conditionnelles, 85  
propriétés générales, 84  
propriétés multidimensionnelles, 87  
Standard, 89  
intégrale d'Itô arrêtée, 86  
intégrale d'Itô locale, 88  
    Propriétés, 88, 89  
Intégrale de Lebesgue-Stieltjes, 92  
Intégrale stochastique d'Itô, 82  
intégrandes locaux, 88  
intégration, 26  
Intégration par parties  
    stochastique, 92  
invariance d'échelle, 59  
invariance positive, 159  
invariance sous le choix du domaine, 123  
inégalité de Bihari, 95  
inégalité de  
    Burkholder-Davis-Gundy, 94  
inégalité de Gronwall  
    classique, 94  
    non linéaire, 95  
inégalité de Hölder, 65  
inégalité de Jensen, 68  
inégalité de Minkowski, 65  
inégalité de moments, 92  
inégalité de Tchebychev, 65  
inégalité martingale exponentielle, 94  
inégalité maximale, 86  
inégalité maximale de moments, 92  
inégalités de Doob pour les martingales, 75  
inégalités de Doob pour les submartingales, 75  
inégalités de Doob pour les

supermartingales, 75  
 inégalités de Gronwall, 94  
 inégalités de moments, 92  
 inégalités en probabilité, 65  
 irréductibilité, 126  
 itérations de Picard, 98  
 processus intégrable, 70  
 soins intensifs, 30

## K

**K**  
 Kermack et McKendrick, 153

## L

**L**  
 langage de programmation Python, 23  
 lemme de Borel-Cantelli, 67  
 limite supérieure des ensembles, 67  
 loi des grands nombres pour le mouvement brownien, 81  
 loi du logarithme itéré, 81  
 loi forte des martingales, 74

## M

**M**  
 majorant de la solution, 98  
 majorant des incrément  
 (Euler-Maruyama), 103  
 marche aléatoire, 58  
 Martingale  
 Mouvement brownien, 81  
 martingale, 72  
 intégrale d'Itô, 85  
 locale, 89

mouvement brownien  
 multidimensionnel, 82  
 quadratique, 85  
 martingale locale, 74, 144  
 matrice aléatoire, 62  
 matrice de covariance, 64  
 matrice génératrice, 109  
 mesurabilité des processus arrêtés, 72

mesure aléatoire de Poisson, 77  
 mesure de Lévy, 109  
 mesure de Poisson compensée, 78  
 mesure de probabilité, 63  
 mesures barrières, 29  
 mesures stationnaires, 130  
 modes de convergence, 65  
 modification prévisible, 83  
 modifications des processus, 71  
 modèle compartimental, 35  
 modèle de Gilpin-Ayala, 51  
 modèle de Lorenz, 15  
 modèle de Lotka-Volterra, 51  
 modèle dynamique, 18  
 modèle déterministe, 18  
 modèle mathématique, 17, 19, 22  
 modèle prédateur-proie, 24, 28  
 modèle statique, 18  
 modèle stochastique, 21  
 modèle

Susceptible-Infectieux-Rétablissement  
 (SIR), 52  
 modèle  
 susceptible-infectieux-rétablissement  
 (SIR), 54  
 modèle Susceptible-Infectieux-Rétablissement-Susceptible, 133  
 modèle épidémique, 19  
 modèles basés sur des structures de données, 18  
 modèles compartimentaux, 21

modèles compartimentaux  
     infectieux, 21  
 modèles compartimentaux  
     stochastiques, 51  
 modèles continus, 18  
 modèles de simulation, 18  
 modèles discrets, 18  
 modèles déterministes, 21  
 modèles géométriques, 18  
 modèles mathématiques, 27  
 modèles phénoménologiques, 27  
 modèles stochastiques, 18, 52  
 modèles épidémiologiques, 56  
 modélisation mathématique, 17, 28,  
     52  
 modélisation épidémiologique, 20  
 moments, 64  
 Mouvement brownien, 79, 93, 109  
     bornes des trajectoires, 81  
     comportement asymptotique, 82  
     dérivabilité des trajectoires, 81  
     indépendance des composants, 82  
     Intégrales indépendantes, 88  
     multidimensionnel, 81  
     propriété de mise à l'échelle, 81  
     propriété de symétrie, 81  
 mouvement brownien, 52, 53, 57  
 Mouvement Brownien Géométrique,  
     93  
 mouvement brownien géométrique,  
     109  
 Mouvement brownien sur des  
     intervalles finis, 79  
 méthode d'Euler-Maruyama, 145

## N

N  
 nombre de reproduction de base, 42  
 non infecté, non infectieux, 33

## P

P  
 PYTHON, 26, 27  
 Espace de probabilité  
     conditions usuelles, 81  
 pandémie, 22  
 paramètre de contrôle, 14  
 paramètres, 18  
 Paramètres dans le modèle SEIR, 50  
 paramètres du modèle, 18  
 paramètres dépendants du régime,  
     109  
 persistance, 139, 183  
 persistance de la maladie, 189  
 perspective, 150  
 perturbations, 51  
 perturbations par sauts, 150  
 phase d'infection, 28  
 phase de contamination, 28  
 pic de l'épidémie, 29  
 plateau, 29  
 point d'équilibre, 43  
 politiques de santé publique, 151  
 population, 24, 26  
 premier temps de retour, 128  
 premier temps de sortie, 128  
 probabilité conditionnelle, 68  
 problème de Cauchy, 131  
 problème de valeur aux limites, 122  
 processus adapté, 70  
 processus arrêté, 72  
 processus carré-intégrable, 72  
 processus continu, 70  
 processus croissant, 71  
 processus càdlàg, 70  
 Processus d'Itô  
     multidimensionnel, 91  
 processus d'Itô, 89  
 Processus de diffusion d'Itô, 109

processus de diffusion à changement de régime, 130  
 processus de Lévy, 76, 93, 109  
 processus de modélisation, 18  
 processus de Poisson, 77, 93, 109  
 processus de Poisson composé, 77  
 processus de saut, 93  
 processus de variation finie, 71  
 processus indistinguables, 71  
 processus mesurable, 70  
 processus optionnel, 70  
 processus progressivement mesurable, 70  
 processus prédictible, 71  
 processus simples, 83  
     densité, 84  
 processus stables, 78  
 processus stochastique, 70  
 proie, 26  
 propagation épidémique, 59  
 propriété de la tour, 68  
 propriété de martingale des processus de Lévy, 78  
 propriété de retrait, 69  
 propriété du processus martingale arrêté, 72  
 propriétés de l'espérance conditionnelle, 68  
 propriétés de mesurabilité, 70  
 propriétés des variables indépendantes, 67  
 Propriétés du mouvement brownien, 81  
 prédateur, 26  
 préparation aux épidémies, 151

## Q

Q  
 quarantaine, 31

R  
 individus rétablis, 37  
 recherche interdisciplinaire, 151  
 Rechute, 48  
 relations entre les processus, 77  
 représentations graphiques, 145  
 représentations graphiques d'extinction, 145  
 récurrence, 120, 122–124, 127  
 récurrence nulle, 120, 124, 130  
 récurrence positive, 120, 122, 123, 127, 130  
 récurrence sur le cylindre, 123  
 régularité, 127  
 régularité du processus, 70  
 résilience, 151  
 rétabli, 30, 33  
 rétablissement ou décès, 37

## S

S  
 $\sigma$ -algèbre, 62  
 $\sigma$ -algèbre générée par  $\mathcal{C}$ , 62  
 $\sigma$ -algèbre générée par la variable aléatoire  $X$ , 63  
 individus susceptibles, 37  
 modèle SEIR, 30  
 sciences de l'information, 58  
 seuil épidémique, 44  
 simulations numériques, 145  
 solution analytique, 22  
 solution d'équation différentielle stochastique, 97  
 solution faible, 104  
 solution forte, 104  
 spécificités des modèles épidémiologiques, 20

stabilisation par le Brownien, 116  
stabilisation stochastique, 116  
stabilité asymptotique, 44  
stabilité asymptotique avec fonction de taux, 117  
stabilité asymptotique stochastique, 108  
stabilité asymptotique stochastique en grand, 108  
Stabilité des moments, 107  
Stabilité en probabilité, 106  
stabilité en probabilité, 108, 161  
stabilité exponentielle du  $p$ -ième moment, 112  
stabilité exponentielle en moyenne quadratique, 112  
stabilité exponentielle presque sûre, 110, 113  
Stabilité presque sûre, 107  
stabilité stochastique, 108  
statistiques épidémiologiques, 29  
stratégies de prévention, 151  
structure des communautés, 51  
submartingale, 74  
supermartingale, 74  
susceptibilité, 37  
susceptible, 30, 33  
synthèse de modélisation, 19  
système autonome, 14  
système d'équations différentielles, 26  
système dynamique, 13  
système dynamique stochastique, 14  
système isolé, 24  
systèmes déterministes en temps continu, 22  
séparation des variables, 27  
séries temporelles, 29

## T

T

Tableau d'Itô, 91  
taille de population, 39  
taux d'infection, 40  
taux d'évolution, 24  
taux de convergence (Euler-Maruyama), 103  
taux de rémission, 40  
taux de variation, 26  
temps d'arrêt, 71, 86  
Propriétés, 89  
Séquence de localisation, 88  
temps d'entrée, 130  
temps de passage moyen, 128  
temps de sortie, 72, 120, 130  
temps moyen de séjour, 125, 126  
théorème d'arrêt de Doob, 72  
théorème d'existence et d'unicité, 97  
théorème de caractérisation de Lévy, 82  
théorème de convergence bornée, 66  
théorème de convergence dominée, 66  
théorème de convergence monotone, 66  
théorème de décomposition, 76  
théorème des valeurs intermédiaires, 40  
trajectoires, 70  
transience, 124, 126  
transitions inter-compartmentales, 22  
transmission des maladies, 150  
types de modèles épidémiologiques, 21  
télécommunications, 58

# V

## V

vaccination, 42  
valeurs propres, 44  
variable aléatoire, 62, 63  
variables, 18  
variables aléatoires indépendantes,  
    67  
variables aléatoires jointement  
    normales, 67

variables aléatoires non corrélées,  
    64  
variation croisée, 92  
variation quadratique, 73, 91  
    intégrale d'Itô, 86  
    Intégrale d'Itô locale, 89  
variation quadratique conjointe, 74  
variation quadratique pour les  
    martingales locales, 74  
variations démographiques, 39  
vecteur aléatoire, 62  
vulnérabilité, 151

# Table des matières

<b>Dédicace</b>	vii
<b>Résumé en arabe</b>	ix
<b>Résumé</b>	x
<b>Abstract</b>	xii
<b>Remerciements</b>	xii
<b>Avertissement</b>	xiv
<b>Préface</b>	xv
Communications scientifiques . . . . .	xv
<b>Sommaire</b>	xvii
<b>Table des figures</b>	xix
<b>Listings</b>	xxi
<b>Liste des tableaux</b>	xxii
<b>Introduction générale</b>	1
<b>1 Introduction aux systèmes dynamiques</b>	13
1.1 Systèmes dynamiques . . . . .	13
1.1.1 Concept de système dynamique . . . . .	13
1.1.2 Classes de systèmes dynamiques . . . . .	14
1.1.2.1 Systèmes dynamiques déterministes et stochastiques .	14
1.1.2.2 Un modèle classique de système dynamique non linéaire	15
1.2 Concepts généraux sur la modélisation mathématique . . . . .	17

1.2.1	Modélisation mathématique . . . . .	17
1.2.2	Classification et caractérisation des modèles en modélisation mathématique . . . . .	17
1.3	Modèles mathématiques en épidémiologie . . . . .	18
1.4	Spécificités des modèles mathématiques en épidémiologie . . . . .	20
1.5	Types de modèles mathématiques en épidémiologie . . . . .	21
1.5.1	Modèles déterministes . . . . .	21
1.5.2	Modèles infectieux compartimentaux . . . . .	21
1.5.3	Formulation d'un modèle . . . . .	22
1.6	Dynamique des Populations et Formulation Mathématique . . . . .	23
1.7	Un modèle dynamique de l'évolution des populations . . . . .	24
1.8	Modèle dynamique d'un système prédateur-proie . . . . .	26
1.9	Problématique de la modélisation mathématique d'une pandémie . . . . .	27
1.10	Modèles - Courbe épidémique et Plateau . . . . .	28
1.11	Simplicité et Complexité d'un Modèle Épidémiologique . . . . .	29
1.11.1	Un autre exemple : Le modèle EHESP . . . . .	33
<b>2</b>	<b>Variations et extensions du modèle SIR en épidémiologie</b>	<b>35</b>
2.1	Introduction aux modèles SIR . . . . .	35
2.2	Au-delà des interconnexions entre les compartiments . . . . .	36
2.3	Approche heuristique du modèle SIR simplifié . . . . .	37
2.3.1	Construction du modèle . . . . .	37
2.3.2	Modélisation épidémique sous conservation de population . . . . .	38
2.4	Admissibilité du modèle différentiel . . . . .	39
2.5	Fondements théoriques et simulations des modèles SIR . . . . .	39
2.6	Modèle SIR généralisé . . . . .	40
2.6.1	Conception schématique et modélisation mathématique . . . . .	40
2.6.2	Analyse de stabilité et points d'équilibre dans les systèmes SIR généralisés . . . . .	43
2.7	Modèle SIR incluant la démographie . . . . .	44
2.8	Dynamique de perte d'immunité dans le modèle SIRS . . . . .	45
2.8.1	Épidémies récurrentes sans naissance ni décès . . . . .	45
2.9	Modèle SI . . . . .	46
2.10	Modélisation de la dynamique des maladies avec le cadre SIS . . . . .	48
2.11	Profondeurs cachées des modèles SIR/SEIR . . . . .	50
2.12	Paramètres du modèle SEIR . . . . .	50
2.13	Modèles compartimentaux stochastiques . . . . .	51
2.13.1	Bruit blanc . . . . .	52
2.13.2	Bruit télégraphique . . . . .	54
2.13.3	Bruit blanc et bruit télégraphique dans les modèles épidémiologiques . . . . .	56

---

2.14 Marche aléatoire et diffusion . . . . .	58
2.15 Caractéristiques clés de la diffusion . . . . .	58
<b>3 Outils mathématiques pour modèles épidémiologiques</b>	<b>60</b>
3.1 Mouvement Brownien et Généralités . . . . .	62
3.1.1 Généralités et Notations en Théorie des Probabilités . . . . .	62
3.1.2 Processus Stochastiques . . . . .	70
3.1.3 Processus de Lévy, Poisson et Poisson composé . . . . .	76
3.1.4 Mouvement Brownien . . . . .	79
3.2 Intégrale stochastique . . . . .	82
3.2.1 Préliminaires et définitions . . . . .	83
3.2.2 Intégrale d'Itô multidimensionnelle . . . . .	87
3.2.3 Extension aux intégrandes locaux . . . . .	88
3.2.4 Formule d'Itô . . . . .	89
3.2.5 Inégalités de moments . . . . .	92
3.2.6 Inégalités de type Gronwall . . . . .	94
3.3 Équations différentielles stochastiques . . . . .	96
3.3.1 Introduction . . . . .	96
3.3.2 Existence et unicité des solutions . . . . .	97
3.3.3 Solutions approximatives d'Euler-Maruyama . . . . .	102
3.4 Stabilité des Équations Différentielles Stochastiques . . . . .	104
3.4.1 Introduction . . . . .	105
3.4.2 Stabilité en probabilité . . . . .	108
3.4.3 Stabilité exponentielle presque sûre . . . . .	111
3.4.4 Stabilité exponentielle du moment . . . . .	113
3.4.5 Stabilisation et Déstabilisation Stochastiques . . . . .	115
3.5 Propriétés Ergodiques des Solutions des Équations Stochastiques . . . . .	118
3.5.1 Formulation et Préliminaires . . . . .	118
3.5.1.1 Diffusion avec Changement de Régime . . . . .	118
3.5.1.2 Définitions de la Réurrence et de la Réurrence Positive	120
3.5.1.3 Résultats Préliminaires . . . . .	120
3.5.2 Réurrence et Transience . . . . .	124
3.5.2.1 Réurrence . . . . .	124
3.5.2.2 Transience . . . . .	126
3.5.3 Réurrence positive et nullité de la récurrence . . . . .	127
3.5.3.1 Critères généraux pour la récurrence positive . . . . .	127
3.5.3.2 Excursions de trajectoires . . . . .	128
3.5.3.3 Référence positive sous linéarisation . . . . .	129
3.5.3.4 Référence nulle . . . . .	130
3.5.4 Ergodicité . . . . .	130
3.5.4.1 Introduction . . . . .	130

---

3.5.4.2 Propriétés ergodiques . . . . .	130
<b>4 Perturbations par sauts dans les modèles SIRS stochastiques</b>	<b>133</b>
Résumé . . . . .	133
Mots-clés . . . . .	133
4.1 Introduction . . . . .	133
4.2 Positivité et existence . . . . .	136
4.3 Persistance . . . . .	139
4.4 Extinction . . . . .	143
4.5 Simulations numériques . . . . .	145
4.5.1 Représentations graphiques dans le cas de persistance (Théorème 4.3.1) . . . . .	145
4.5.2 Analyse, comparaison et interprétation dans le cas de persistance (Théorème 4.3.1) . . . . .	145
4.5.3 Représentations graphiques dans le cas d'extinction (Théorème 4.4.1) . . . . .	148
4.5.4 Analyse, comparaison et interprétation dans le cas d'extinction (Théorème 4.4.1) . . . . .	148
4.6 Perspective . . . . .	150
4.7 Conclusion . . . . .	151
<b>5 Extinction et persistance en SIRS à exposants commutés</b>	<b>153</b>
Résumé . . . . .	153
Mots-clés . . . . .	154
5.1 Introduction . . . . .	154
5.2 Formulation et résultats auxiliaires . . . . .	159
5.3 Extinction . . . . .	162
5.3.1 Stabilité globale de l'état d'équilibre sans maladie . . . . .	162
5.3.2 Extinction exponentielle presque sûre . . . . .	168
5.3.3 Stabilité des moments exponentiels . . . . .	171
5.4 Persistance stochastique . . . . .	174
5.5 Simulations informatiques . . . . .	177
5.5.1 Chaînes de Markov à deux états . . . . .	178
5.5.2 Extinction ( $\Lambda < 0$ ) . . . . .	179
5.5.2.1 Cas : $\widetilde{\Lambda}_1 < 0$ , $\widetilde{\Lambda}_2 < 0$ , $\overline{\Lambda}_1 < 0$ et $\overline{\Lambda}_2 < 0$ . . . . .	179
5.5.2.2 Cas : $\widetilde{\Lambda}_1 < 0$ , $\widetilde{\Lambda}_2 > 0$ , $\overline{\Lambda}_1 < 0$ et $\overline{\Lambda}_2 > 0$ . . . . .	181
5.5.3 Persistance ( $\Lambda > 0$ ) . . . . .	184
5.5.3.1 Cas : $\widetilde{\Lambda}_1 > 0$ , $\widetilde{\Lambda}_2 > 0$ , $\overline{\Lambda}_1 > 0$ et $\overline{\Lambda}_2 > 0$ . . . . .	184
5.5.3.2 Cas : $\widetilde{\Lambda}_1 < 0$ , $\widetilde{\Lambda}_2 > 0$ , $\overline{\Lambda}_1 < 0$ et $\overline{\Lambda}_2 > 0$ . . . . .	187
5.6 Conclusion . . . . .	190

<b>Conclusion Générale</b>	<b>191</b>
1. Modèles SIRS dans la Modélisation Épidémiologique . . . . .	191
2. Nouveauté des Deux Méthodes Développées dans la Thèse . . . . .	192
3. Résumé des Résultats Théoriques des Deux Approches . . . . .	192
4. Résumé des Simulations Numériques . . . . .	193
5. Questions Ouvertes Non Couvertes . . . . .	194
6. Perspectives pour les Travaux Futurs . . . . .	194
<b>A Programmes informatiques</b>	<b>196</b>
A.1 Introduction . . . . .	196
A.2 Programmes Python : Chapitre 2 . . . . .	196
A.3 Programmes Python : Chapitre 3 . . . . .	203
A.4 Programmes Python : Chapitre 4 . . . . .	204
A.5 Programmes Python : Chapitre 5 . . . . .	207
A.6 Programmes Python : Chapitre 6 . . . . .	214
A.7 Conclusion . . . . .	222
<b>B Table of Usual Stochastic Integrals</b>	<b>223</b>
<b>C Chronologie &amp; Lexique</b>	<b>225</b>
C.1 Introduction historique à la terminologie du calcul stochastique . . . . .	225
C.1.1 Fondations lexicales . . . . .	225
C.1.2 Paradigmes chronologiques . . . . .	225
C.2 Lexique bilingue anglais/français . . . . .	226
C.3 Figures historiques du mouvement brownien et du calcul stochastique	227
<b>Bibliographie</b>	<b>229</b>
<b>Index des notations et abréviations</b>	<b>243</b>
<b>Index des Termes</b>	<b>248</b>
<b>Table des matières</b>	<b>257</b>

## MÉTHODES STOCHASTIQUES INNOVANTES DANS L'ÉTUDE DES SYSTÈMES DYNAMIQUES SYSTÈME D'ÉQUATIONS DIFFÉRENTIELLES STOCHASTIQUES

### Résumé

L'élaboration de modèles épidémiologiques stochastiques constitue une avancée majeure pour pallier les limites des approches déterministes classiques. En intégrant des perturbations aléatoires, ces modèles capturent la variabilité intrinsèque des données épidémiques réelles, telle que les fluctuations des taux de transmission ou les réponses hétérogènes des populations. L'incorporation simultanée de processus stochastiques continus et discontinus permet de représenter avec finesse des phénomènes complexes comme les événements de superpropagation ou l'émergence de variants. Ce cadre théorique s'avère particulièrement pertinent pour les pathogènes à évolution rapide, où les modèles déterministes peinent à rendre compte de l'imprévisibilité des dynamiques infectieuses.

L'analyse des équations différentielles stochastiques avec sauts de Lévy et commutation markovienne offre des outils puissants pour étudier les seuils épidémiques et les propriétés de stabilité. Par la construction de fonctions de Lyapunov appropriées, nous établissons des critères rigoureux distinguant persistance et extinction des maladies, qui diffèrent fondamentalement de leurs analogues déterministes. Ces résultats théoriques s'accompagnent de simulations numériques révélant comment les transitions induites par le bruit peuvent générer des comportements épidémiques inattendus. Les phénomènes de résonance stochastique, par exemple, pourraient expliquer les vagues épidémiques récurrentes observées pour certaines maladies, même lorsque le nombre de reproduction de base suggère un équilibre stable.

L'originalité méthodologique de ce travail réside dans le développement d'algorithmes numériques adaptatifs pour la prévision épidémique. Nos schémas de calcul traitent efficacement la nature multi-échelle des modèles stochastiques, notamment lors de changements brutaux de paramètres ou de régimes épidémiques. Intégrant des techniques de réduction de variance, ces algorithmes améliorent la fiabilité des prédictions à long terme tout en conservant une faisabilité computationnelle. Leur application à des données historiques d'épidémies démontre leur supériorité par rapport aux modèles déterministes conventionnels, particulièrement pour anticiper l'amplitude et la temporalité des pics épidémiques.

Les implications de cette recherche pour la santé publique sont multiples. Le cadre stochastique fournit des mesures quantitatives de l'incertitude des projections, permettant une évaluation des risques et une allocation des ressources plus éclairées. Par ailleurs, la modélisation explicite des sources de variabilité facilite l'identification des facteurs clés influençant la dynamique épidémique, ce qui peut guider des stratégies d'intervention ciblées. En établissant un pont entre théorie mathématique et applications épidémiologiques, ce travail jette les bases d'une nouvelle génération de modèles à la fois rigoureux et opérationnels.

L'importance fondamentale de ces recherches réside dans leur capacité à renouveler notre compréhension des dynamiques infectieuses à toutes les échelles. Des événements de transmission individuels aux patterns de diffusion populationnelle, la perspective stochastique offre des principes unificateurs reliant variabilité microscopique et comportements macroscopiques. Des extensions futures pourraient intégrer des structures de réseau, l'hétérogénéité spatiale, ou la temporalité des contacts, renforçant ainsi le réalisme et la puissance prédictive des modèles. Ces développements s'avéreront cruciaux pour relever les défis émergents en sécurité sanitaire mondiale et préparation pandémique.

**Mots clés :** modèle sirs stochastique, sauts de lévy, diffusion à commutation, taux d'incidence non-linéaire, persistance, extinction, fonction de lyapunov, analyse de seuil, chaînes de markov, stabilité asymptotique, épidémiologie numérique, décision en santé publique.

---

### Laboratoire de Mathématiques et Applications

Faculté des Sciences et Techniques de Tanger – Université Abdelmalek Essaâdi – B.P. 416 – Tanger Principal – 90000 Tanger – Maroc

# **INNOVATIVE STOCHASTIC METHODS IN THE STUDY OF DYNAMICAL SYSTEMS STOCHASTIC DIFFERENTIAL EQUATION SYSTEM**

## **Abstract**

The development of stochastic epidemiological models represents a critical advancement in addressing the limitations of classical deterministic approaches. By incorporating random perturbations, these models capture the inherent variability observed in real-world epidemic data, such as fluctuations in transmission rates and heterogeneous population responses. The integration of both continuous and discontinuous stochastic processes allows for a more nuanced representation of complex phenomena, including superspreading events and the emergence of novel variants. This framework is particularly relevant in the context of rapidly evolving pathogens, where deterministic models often fail to account for the unpredictability of disease dynamics.

The analytical tractability of stochastic differential equations with Lévy jumps and Markovian switching provides a powerful tool for studying epidemic thresholds and stability properties. Through the construction of appropriate Lyapunov functions, we establish rigorous criteria for disease persistence or extinction, which are fundamentally different from their deterministic counterparts. These theoretical results are complemented by numerical simulations that reveal how noise-induced transitions can lead to unexpected epidemiological outcomes. For instance, stochastic resonance phenomena may explain the recurrent epidemic waves observed in certain diseases, even when the basic reproduction number suggests stable equilibrium.

The methodological contributions of this work extend beyond theoretical analysis to include practical computational algorithms for epidemic forecasting. We develop adaptive numerical schemes that efficiently handle the multiscale nature of stochastic epidemic models, particularly in scenarios with sudden parameter changes or regime shifts. These algorithms incorporate variance reduction techniques to improve the reliability of long-term predictions while maintaining computational feasibility. The application of these methods to historical outbreak data demonstrates their superior performance compared to conventional deterministic models, especially in capturing the timing and magnitude of epidemic peaks.

The implications of this research for public health decision-making are manifold. The stochastic framework provides quantitative measures of uncertainty in epidemic projections, enabling more informed risk assessment and resource allocation. Furthermore, explicit modeling of noise sources facilitates the identification of key drivers of epidemic variability, which can inform targeted intervention strategies. By bridging the gap between mathematical theory and epidemiological applications, this work establishes a foundation for the next generation of infectious disease models that are both mathematically rigorous and operationally relevant.

The broader significance of this research lies in its potential to transform our understanding of epidemic dynamics across multiple scales. From individual-level transmission events to population-wide spread patterns, the stochastic perspective offers unifying principles that connect microscopic variability with macroscopic outcomes. Future extensions of this work could incorporate network structures, spatial heterogeneity, or time-varying contact patterns, further enhancing the realism and predictive power of stochastic epidemic models. These developments will be crucial to address emerging challenges in global health security and pandemic preparedness.

**Keywords:** stochastic sirs model, lévy jumps, hybrid switching diffusion, nonlinear incidence rate, persistence, extinction, lyapunov function, threshold analysis, markov chains, asymptotic stability, numerical epidemiology, public health decision-making.

---



كلية العلوم و التقنيات بطنجة  
+٥٢٤٣٦١٨٧٠٩٦١ | +٥٢٤٣٦١٨٧٠٩٦١ | E.I.O.  
Faculté des Sciences et Techniques de Tanger



جامعة عبد المالك السعدي  
جامعة عبد المالك السعدي  
Université Abdelmalek Essaâdi

# **Laboratoire de Mathématiques & Applications**

## **Faculté des Sciences et Techniques de Tanger**

## **Université Abdelmalek Essaâdi**