



Modèle SIS avec Mutation

Mémoire présenté par
DEBRABANT Enriqué

Encadré par
GABRIEL Pierre

Université des Sciences et techniques, Tours
Année universitaire 2024-2025

Remerciements

Si vous retrouvez dans ces remerciements des informations tout juste diffusées hier soir aux actualités, ne vous étonnez pas : une fois n'est pas coutume, cette partie aura été rédigée dans l'urgence, à la limite du délai de rendu. Heureusement, la liste des personnes à remercier est plutôt courte, ce qui me permet de faire vite tout en espérant retenir l'attention de mes précieux lecteurs.

Je tiens d'abord à exprimer ma profonde gratitude à Pierre Gabriel, sans qui ce travail n'aurait jamais vu le jour. Votre pédagogie et votre maîtrise du sujet ont été une source d'inspiration constante, que j'ai tenté – tant bien que mal – d'imiter tout au long de cette aventure. Un immense merci également à ma mère, dont la relecture attentive a grandement contribué à la clarté et à la qualité de ce document : si ces pages sont aussi soignées, c'est en large partie grâce à elle.

Merci aussi à Laure, qui supporte avec patience mes silences distraits. Effectivement pendant qu'elle me parlait, j'ai à plusieurs reprises feint de l'écouter, alors qu'en réalité, mon esprit était entièrement occupé à démêler les mathématiques de M. Gabriel. Elle mérite une médaille pour tolérer ces moments où les équations prenaient le pas sur notre conversation !

À toute ma famille, un grand merci : votre simple présence est un réconfort inestimable.

À Ornella, ma grande sœur, merci pour ce neveu attendu début juin – le plus beau cadeau que tu pouvais m'offrir.

À Lou, ma petite sœur, merci de ne pas attendre d'enfant pour le moment. Reste comme tu es, c'est parfait ainsi.

Un merci sincère et inattendu à celles et ceux qui n'ont pas cru en moi. Votre scepticisme, finalement justifié, m'a poussé à me ressaisir et à aller de l'avant.

Enfin, je conclus en adressant une nouvelle fois mes plus vifs remerciements à Pierre Gabriel. La confiance que vous m'avez témoignée en me permettant de poursuivre ce travail dans le cadre d'un doctorat, sous votre direction et celle de Sten Madec, est un honneur que je n'oublierai pas.

Ces remerciements achevés, place aux mathématiques !

Introduction

La modélisation des maladies infectieuses constitue un domaine fondamental en épidémiologie mathématique, offrant des outils puissants pour analyser la propagation des infections et évaluer l'impact de divers paramètres sur leur dynamique. Parmi les modèles classiques, le modèle SIS (Susceptible-Infected-Susceptible) est largement utilisé pour décrire des maladies ne conférant pas d'immunité durable après infection, comme certaines infections bactériennes (par exemple, les infections à *Staphylococcus aureus*) ou virales (comme certaines souches de rhinovirus). Cependant, dans des contextes réels, la diversité des agents pathogènes, exacerbée par les mutations, joue un rôle crucial. L'émergence de variants, comme observé avec le SARS-CoV-2, ou le développement de résistances bactériennes aux antibiotiques, illustre la nécessité de prendre en compte l'évolution des souches dans ces modèles.

Dans ce travail, nous proposons une extension du modèle SIS intégrant la diversité phénotypique des agents pathogènes à travers une variable continue représentant leur phénotype, ainsi que la possibilité de mutations au sein de la population infectieuse. Cette approche permet d'étudier l'évolution temporelle de la distribution des infections et d'analyser la compétition entre différentes souches, un phénomène clé dans la compréhension des dynamiques épidémiques complexes.

L'objectif de cette étude est double : d'une part, nous cherchons à établir une analyse théorique rigoureuse du modèle, en démontrant l'existence et l'unicité des solutions du système d'équations différentielles qui le régit ; d'autre part, nous développons une approche numérique pour simuler la dynamique des infections et explorer l'influence des paramètres du modèle. Ces résultats pourraient, à terme, contribuer à prédire l'émergence de souches dominantes ou à optimiser les stratégies de contrôle des épidémies face à l'évolution des pathogènes.

Le mémoire est structuré comme suit : après un rappel des résultats préliminaires, nous présentons la formulation mathématique du modèle et son analyse théorique. Nous étudions ensuite certaines propriétés spectrales des opérateurs associés au système, avant d'explorer des méthodes numériques adaptées à sa résolution. Enfin, nous concluons par une discussion sur les perspectives offertes par ce travail et les prolongements possibles.

TABLE 1 – Tableau des notations principales utilisées dans le mémoire

Symbol	Description
Ω	Compact de \mathbb{R}^d , univers des traits possibles (ex. : $[0, 1]$ ou $[0, 1]^2$)
$S(t)$	Proportion de la population susceptible au temps t
$I(t, x)$	Densité des individus infectés au temps t avec phénotype $x \in \Omega$
$N(t)$	Population totale, $N(t) = S(t) + \int_{\Omega} I(t, x) dx$, supposée constante
$\gamma(x)$	Taux de guérison dépendant du phénotype x
$k(x, y)$	Noyau de transmission, modélisant l'interaction entre phénotypes x et y
S^*	Proportion de susceptibles à l'état d'équilibre endémique
$I^*(x)$	Densité des infectés à l'état d'équilibre endémique
$J^*(x)$	Fonction auxiliaire définie par $J^*(x) = \gamma(x)I^*(x)$
L	Opérateur intégral, $LJ(x) = \int_{\Omega} \frac{K(x,y)}{\gamma(y)} J(y) dy$
L^*	Opérateur adjoint de L , $(L^*\Phi)(y) = \frac{1}{\gamma(y)} \int_{\Omega} K(x, y)\Phi(x) dx$
$r(L)$	Rayon spectral de L , plus grande valeur propre en module
$\sigma(T)$	Spectre d'un opérateur T
$\rho(T)$	Ensemble résolvant d'un opérateur T
$R(\lambda, T)$	Résolvante d'un opérateur T , $R(\lambda, T) = (\lambda I - T)^{-1}$
$\mu(\Omega)$	Mesure de l'ensemble Ω (ex. : longueur ou aire)
\underline{k}, \bar{k}	Bornes inférieure et supérieure de $K(x, y)$
$\underline{\gamma}, \bar{\gamma}$	Bornes inférieure et supérieure de $\gamma(x)$

Table des matières

1 Résultats sur les opérateurs positifs	7
2 Modèle SIS avec mutation	13
2.1 Présentation du modèle	13
2.2 Analyse mathématique	14
2.2.1 Hypothèses du modèle	14
2.2.2 États d'équilibre : état sain et état endémique	14
2.2.3 Propriétés de l'opérateur L	15
2.2.4 Existence d'une solution	17
2.3 Étude de l'opérateur adjoint	18
2.3.1 Définition et propriétés	18
2.3.2 Implications pour l'analyse spectrale	20
2.4 Relation entre $r(L)$ et S^* et retour au problème initial	22
3 Approche numérique	23
3.1 Cas $\dim(\Omega) = 1$	23
3.1.1 Mise en place de la simulation	23
3.1.2 Test numérique de la stabilité des solutions	28
3.1.3 Extension des hypothèses sur k et γ	30
3.2 Cas $\dim(\Omega) = 2$	32

Chapitre 1

Résultats sur les opérateurs positifs

L'analyse mathématique des modèles épidémiologiques repose sur des outils d'analyse fonctionnelle, notamment les propriétés des opérateurs linéaires dans les espaces de Banach. Ce premier chapitre vise à établir un socle théorique essentiel pour l'étude des dynamiques infectieuses que nous explorerons par la suite. Nous y présentons un ensemble de résultats classiques sur les opérateurs positifs et compacts, issus de la théorie des espaces normés et des semi-groupes, tels que les théorèmes de Krein-Rutman et de Fredholm. Ces résultats, bien établis dans la littérature, permettent d'analyser les valeurs propres et les fonctions propres d'opérateurs associés à des systèmes évolutifs.

Ce chapitre s'articule autour de propositions et démonstrations clés, préparant ainsi le terrain pour l'application de ces concepts à un modèle épidémiologique spécifique dans les chapitres suivants.

Définition : Soit T un opérateur borné. On définit alors les deux ensembles suivants :

- $\rho(T) = \{\lambda \in \mathbb{C}, T - \lambda Id \text{ est inversible}\}$, appelé la résolvante de T ,
- $\sigma(T) = \mathbb{C} \setminus \rho(T)$, appelé le spectre de T .

Proposition 1.0.1. Soit X un espace de Banach et soit T un opérateur linéaire borné. Alors les assertions suivantes sont vérifiées :

1. L'ensemble résolvant $\rho(T)$ est ouvert dans \mathbb{C} , son complémentaire, $\sigma(T)$ est donc fermé, et pour $\mu \in \rho(T)$ on a :

$$\forall \lambda \in \mathbb{C}, |\mu - \lambda| < \frac{1}{\|R(\mu, T)\|} \Rightarrow \lambda \in \rho(T) \text{ et } R(\lambda, T) = \sum_{n=0}^{+\infty} (\mu - \lambda)^n R(\mu, T)^{n+1}$$

2. Pour tout $\lambda \in \mathbb{C}$ avec $|\lambda| > r(T)$ nous avons $\lambda \in \rho(T)$ et la représentation en série de Neumann du résolvant :

$$R(\lambda, T) = \sum_{k=0}^{\infty} \frac{T^k}{\lambda^{k+1}}$$

3. Soit $(\lambda_k)_k \in \rho(T)$ avec $\lambda_k \xrightarrow{k \rightarrow +\infty} \lambda$. Alors, $\lambda \in \sigma(T)$ ssi

$$\lim_{k \rightarrow \infty} \|R(\lambda_k, T)\| = \infty$$

Démonstration. 1. Pour $\lambda \in \mathbb{C}$ et $\mu \in \rho(T)$, on écrit :

$$\lambda - T = \mu - T + \lambda - \mu = [I - (\mu - \lambda)R(\mu, T)](\mu - T)$$

Cet opérateur est inversible si $I - (\mu - \lambda)R(\mu, T)$ l'est, ce qui est le cas si :

$$|\mu - \lambda| < \frac{1}{\|R(\mu, T)\|}.$$

L'inverse est alors obtenu par :

$$R(\lambda, T) = R(\mu, T)[I - (\mu - \lambda)R(\mu, T)]^{-1} = \sum_{n=0}^{\infty} (\mu - \lambda)^n R(\mu, T)^{n+1}$$

2. Pour $\lambda \in \mathbb{C}$, on écrit :

$$(\lambda - T) = \lambda(I - \frac{T}{\lambda})$$

Alors, pour $|\lambda| > r(T)$ on a :

$$R(\lambda, T) = \frac{1}{\lambda}(I - \frac{T}{\lambda})^{-1} = \frac{1}{\lambda} \sum_{k=0}^{\infty} \frac{T^k}{\lambda^k} = \sum_{k=0}^{\infty} \frac{T^k}{\lambda^{k+1}}$$

3. Supposons $\lambda \in \rho(T)$. On a alors $R(\lambda, T)$ qui est continue et reste donc bornée sur l'ensemble compact $\{\lambda_k \mid k \geq 0\}$, ce qui contredit notre hypothèse sur la limite de $\|R(\lambda_k, T)\|$, ainsi $\lambda \in \sigma(T)$. Pour la réciproque, remarquons que nos hypothèses entraînent par la démonstration de 1 que

$$\|R(\mu, T)\| \geq \frac{1}{\text{dist}(\mu, \sigma(T))}$$

pour tout $\mu \in \rho(T)$.

□

Proposition 1.0.2. Soient E un treillis de Banach, $T \in \mathcal{L}(E)$ un opérateur positif avec un rayon spectral $r(T)$.

1. $R(\mu, T)$ est positive dès lors que $\mu > r(T)$.

2. Si $|\mu| > r(T)$, alors :

$$|R(\mu, T)f| \leq R(|\mu|, T)|f|, \quad f \in E$$

Démonstration. Nous nous servirons de la représentation en série de Neumann :

$$R(\mu, T) = \sum_{k=0}^{+\infty} \frac{T^k}{\mu^{k+1}}$$

pour la résolvante, laquelle est valide dès lors que $|\mu| > r(T)$.

1. Si $T \geq 0$, alors pour tout k , $T^k \geq 0$, ainsi pour $\mu > r(T)$, nous avons pour tout $f \in E_+$:

$$R(\mu, T)f = \lim_{N \rightarrow +\infty} \sum_{k=1}^N \frac{T^k f}{\mu^{k+1}} \geq 0,$$

puisque les sommes finies sont positives.

2. Supposons que nous ayons $|\mu| > r(T)$ et $f \in E$, on a alors en décomposant $f = f^+ - f^-$ où f^+ et f^- sont respectivement les parties positives et négatives de f :

$$\begin{aligned} |R(\mu, T)f| &= \left| \lim_{N \rightarrow +\infty} \sum_{k=1}^N \frac{T^k f}{\mu^{k+1}} \right| \leq \lim_{N \rightarrow +\infty} \sum_{k=1}^N \left| \frac{T^k f}{\mu^{k+1}} \right| \\ &= \lim_{N \rightarrow +\infty} \sum_{k=1}^N \left| \frac{T^k f^+}{\mu^{k+1}} - \frac{T^k f^-}{\mu^{k+1}} \right| \leq \lim_{N \rightarrow +\infty} \sum_{k=1}^N \left| \frac{T^k f^+}{\mu^{k+1}} \right| + \left| \frac{T^k f^-}{\mu^{k+1}} \right| \\ &= \lim_{N \rightarrow +\infty} \sum_{k=1}^N \left| \frac{T^k f^+}{\mu^{k+1}} \right| + \left| \frac{T^k f^-}{\mu^{k+1}} \right| = \lim_{N \rightarrow +\infty} \sum_{k=1}^N \left| \frac{T^k (f^+ + f^-)}{\mu^{k+1}} \right| \\ &= \lim_{N \rightarrow +\infty} \sum_{k=1}^N \left| \frac{T^k (|f|)}{\mu^{k+1}} \right| = R(|\mu|, T) |f| \end{aligned}$$

□

Théorème 1.0.1. *Si $T \in \mathcal{L}(E)$ est positif, alors $r(T) \in \sigma(T)$.*

Démonstration. La seconde assertion de la proposition précédente implique :

$$\|R(\mu, T)\| \leq \|R(|\mu|, T)\| \text{ pour } |\mu| > r(T)$$

Soit maintenant $\lambda \in \sigma(T)$ vérifiant $|\lambda| = r(T)$. On a alors $\|R(\mu, T)\| \rightarrow +\infty$ dès lors que μ se rapproche de λ . Prenons $\mu = s\lambda$ avec $s > 1$, il vient alors :

$$\|R(sr(T), T)\| \geq \|R(s\lambda, T)\| \xrightarrow{s \rightarrow 1^+} +\infty$$

Ainsi, $r(T)$ est dans le spectre de T . □

Théorème 1.0.2 (Alternative de Fredholm). *Soient un espace vectoriel normé réel ou complexe, T un opérateur compact de E dans E , et λ un scalaire non nul. Alors :*

$$T - \lambda I_E \text{ est injectif} \Leftrightarrow T - \lambda I_E \text{ est surjectif.}$$

Démonstration. Puisque $\frac{T}{\lambda}$ est toujours un opérateur compact, on peut supposer sans perte de généralité que $\lambda = 1$. La démonstration se décompose en plusieurs étapes :

1. **ker($T - I_E$) est de dimension finie**

Soit $E_1 = \ker(T - I_E)$. Puisque T est compact, $T(B_E)$ est relativement compact, et $B_{E_1} \subset T(B_E)$ (car si $x \in E_1$, $T(x) = x$). Ainsi, B_{E_1} est compact. D'après le théorème de Riesz, E_1 est de dimension finie.

2. $\text{Im}(T - I_E)$ est fermé et plus précisément $\text{Im}(T - I_E) = \ker(T^* - I_{E'})^\perp$

Soit $f_n = u_n - T(u_n) \rightarrow f$. On veut montrer que $f \in \text{Im}(T - I_E)$.

Posons $d_n = \text{dist}(u_n, \ker(T - I_E))$. Comme $\ker(T - I_E)$ est de dimension finie (par l'étape 1), il existe $v_n \in \ker(T - I_E)$ tel que $d_n = \|u_n - v_n\|$. On a :

$$f_n = (u_n - v_n) - T(u_n - v_n).$$

Montrons que $\|u_n - v_n\|$ reste borné. Par l'absurde, supposons qu'il existe une sous-suite, toujours notée $u_n - v_n$, telle que $\|u_n - v_n\| \rightarrow +\infty$.

Posons $w_n = \frac{u_n - v_n}{\|u_n - v_n\|}$. Alors :

$$w_n - T(w_n) = \frac{f_n}{\|u_n - v_n\|} \xrightarrow[n \rightarrow +\infty]{} 0.$$

Puisque T est compact, on peut extraire une sous-suite, toujours notée w_n , telle que $T(w_n) \rightarrow z$. Ainsi, $w_n \rightarrow z$, et $z \in \ker(T - I_E)$ car $T(z) = z$. Mais :

$$\text{dist}(w_n, \ker(T - I_E)) = \frac{\text{dist}(u_n, \ker(T - I_E))}{\|u_n - v_n\|} = 1,$$

et à la limite, $\text{dist}(z, \ker(T - I_E)) = 1$, ce qui contredit $z \in \ker(T - I_E)$. Donc, $\|u_n - v_n\|$ est borné. Par compacité de T , on extrait une sous-suite telle que $T(u_n - v_n) \rightarrow l$. Alors, $u_n - v_n \rightarrow f + l$, et posant $g = f + l$, on a $g - T(g) = f$, donc $f \in \text{Im}(T - I_E)$. Cela montre que $T - I_E$ a une image fermée, et par dualité :

$$\text{Im}(T - I_E) = \ker(T^* - I_{E'})^\perp \quad \text{et} \quad \text{Im}(T^* - I_{E'}) = \ker(T - I_E)^\perp.$$

3. $T - I_E$ injectif $\Rightarrow T - I_E$ surjectif

Supposons par l'absurde que $E_1 = \text{Im}(T - I_E) \neq E$. Puisque E_1 est fermé (par l'étape 2) et E est un Banach, E_1 est un Banach. De plus, $T(E_1) \subset E_1$, donc $T|_{E_1}$ est compact de E_1 dans E_1 . Soit $E_2 = (T - I_E)(E_1)$, un sous-espace fermé de E_1 . Comme $T - I_E$ est injectif, $E_2 \neq E_1$. En posant $E_n = (T - I_E)^n(E)$, on obtient une suite strictement décroissante de sous-espaces fermés. Par le lemme de Riesz, il existe $u_n \in E_n$ tel que $\|u_n\| = 1$ et $\text{dist}(u_n, E_{n+1}) \geq \frac{1}{2}$. Alors :

$$T(u_n) - T(u_m) = (u_m - T(u_m)) - (u_n - T(u_n)) + (u_n - u_m).$$

Si $n > m$, $E_{n+1} \subset E_m$, donc $-(u_n - T(u_n)) + (u_m - T(u_m)) + u_n \in E_{m+1}$, et $\|T(u_n) - T(u_m)\| \geq \frac{1}{2}$, ce qui contredit la compacité de T . Ainsi, $\text{Im}(T - I_E) = E$.

4. $T - I_E$ surjectif $\Rightarrow T - I_E$ injectif

Si $\text{Im}(T - I_E) = E$, alors $\ker(T^* - I_{E'}) = \text{Im}(T - I_E)^\perp = \{0\}$. Comme T^* est compact dans E' , on applique le résultat précédent à T^* : $\text{Im}(T^* - I_{E'}) = E'$. Ainsi, $\ker(T - I_E) = \text{Im}(T^* - I_{E'})^\perp = \{0\}$.

□

L'alternative de Fredholm garantit que, pour un opérateur positif T qui est également compact et possède un rayon spectral strictement positif, ce rayon spectral est nécessairement une valeur propre. Le théorème de Krein-Rutman, que nous allons maintenant présenter, va plus loin en affirmant que cette valeur propre est associée à un vecteur propre positif, offrant ainsi une caractérisation plus forte des propriétés spectrales de tels opérateurs.

Théorème 1.0.3 (Théorème de Krein-Rutman). *Soit E un treillis de Banach réel et soit $T : E \rightarrow E$ un opérateur linéaire compact et positif qui vérifie $r(T) > 0$. Alors il existe $u \in E$ avec $u \geq 0$ non identiquement nul, tel que $Tu = r(T)u$.*

Démonstration. Par le théorème 1.0.1, nous avons $r(T) \in \sigma(T)$. Soient $(\lambda_n)_n$, une suite de réels qui converge vers $r(T)$ en décroissant et $(g_n)_n$ une suite dans E de norme $\|g_n\| = 1$. Définissons :

$$f_n = (\lambda_n I - T)^{-1} g_n.$$

Puisque $(\lambda_n I - T)^{-1}$ est positif pour $\lambda_n > r(T)$ (voir Proposition 1.0.2) et $\|(\lambda_n I - T)^{-1}\| \rightarrow +\infty$, on a :

$$\|f_n\| \xrightarrow{n \rightarrow +\infty} +\infty.$$

Décomposons $g_n = g_n^+ - g_n^-$, où g_n^+ et g_n^- sont les parties positive et négative de g_n , avec $g_n^+, g_n^- \in E$ et $\|g_n^+\| + \|g_n^-\| = 1$. Alors :

$$f_n = (\lambda_n I - T)^{-1} g_n = (\lambda_n I - T)^{-1} g_n^+ - (\lambda_n I - T)^{-1} g_n^-.$$

Comme $\|f_n\| \rightarrow +\infty$, il existe une sous-suite (toujours notée g_n) telle que :

$$\|(\lambda_n I - T)^{-1} g_n^+\| \rightarrow +\infty \quad \text{ou} \quad \|(\lambda_n I - T)^{-1} g_n^-\| \rightarrow +\infty.$$

Sans perte de généralité, supposons que $\|(\lambda_n I - T)^{-1} g_n^+\| \rightarrow +\infty$. Posons alors :

$$f_n = (\lambda_n I - T)^{-1} g_n^+.$$

Puisque $g_n^+ \geq 0$ et $(\lambda_n I - T)^{-1}$ est positif, $f_n \geq 0$. De plus :

$$g_n^+ = (\lambda_n I - T)f_n = \lambda_n f_n - Tf_n,$$

donc :

$$0 \leq g_n^+ = \lambda_n f_n - Tf_n \quad \Rightarrow \quad f_n \geq \frac{Tf_n}{\lambda_n}.$$

Normalisons maintenant :

$$\hat{f}_n = \frac{f_n}{\|f_n\|}, \quad \text{avec} \quad \|\hat{f}_n\| = 1.$$

Puisque $f_n \geq 0$, $\hat{f}_n \geq 0$. Réécrivons l'équation pour \hat{f}_n :

$$\hat{f}_n = \frac{(\lambda_n I - T)^{-1} g_n^+}{\|f_n\|} \quad \Rightarrow \quad (\lambda_n I - T)\hat{f}_n = \frac{g_n^+}{\|f_n\|},$$

ou encore :

$$\hat{f}_n = \frac{1}{\lambda_n} \left(Tf_n + \frac{g_n^+}{\|f_n\|} \right).$$

Comme $\|f_n\| \rightarrow +\infty$ et $\|g_n^+\| \leq 1$, on a $\frac{g_n^+}{\|f_n\|} \rightarrow 0$ dans E . De plus, $(\hat{f}_n)_n$ est bornée dans E (car $\|\hat{f}_n\| = 1$), et T est compact. Ainsi, $(T\hat{f}_n)_n$ est contenue dans un ensemble relativement compact de E . On peut donc extraire une sous-suite (toujours notée \hat{f}_n) telle que :

$$T\hat{f}_n \rightarrow z \quad \text{dans} \quad E,$$

où $z \in E$ et $z \geq 0$ (car $T\hat{f}_n \geq 0$ et le cône positif est fermé dans E).

Prenons la limite dans l'équation :

$$\hat{f}_n = \frac{1}{\lambda_n} \left(T\hat{f}_n + \frac{g_n^+}{\|f_n\|} \right).$$

Puisque $\frac{g_n^+}{\|f_n\|} \rightarrow 0$ et $\lambda_n \rightarrow r(T)$, on a :

$$\hat{f}_n \rightarrow \frac{1}{r(T)} z \quad \text{dans } E,$$

car $T\hat{f}_n \rightarrow z$. De plus, $z \neq 0$ car $\|\hat{f}_n\| = 1$ implique $\|\frac{z}{r(T)}\| = 1$, donc $\|z\| = r(T) > 0$ (voir section 2.2.3.2 pour $r(T) > 0$). Vérifions que z est un vecteur propre :

$$T\hat{f}_n \rightarrow z \quad \text{et} \quad \hat{f}_n \rightarrow \frac{z}{r(T)},$$

donc, par continuité de T (car borné) :

$$T\left(\frac{z}{r(T)}\right) = \lim_{n \rightarrow \infty} T\hat{f}_n = z,$$

i.e., $Tz = r(T)z$. Ainsi, $z \in E$, $z \geq 0$, $z \neq 0$, est un vecteur propre positif associé à $r(T)$.

□

Chapitre 2

Modèle SIS avec mutation

La modélisation des maladies infectieuses intégrant la diversité des agents pathogènes constitue un enjeu majeur en épidémiologie mathématique, notamment pour comprendre l'émergence de variants ou de résistances. Ce chapitre introduit une extension du modèle SIS classique, dans laquelle la population infectée est décrite par une densité $I(t, x)$ dépendant d'une variable continue x , représentant le phénotype des souches. Notre objectif est d'étudier théoriquement cette dynamique, en modélisant les processus de transmission et de guérison à travers des fonctions spécifiques.

Après une présentation des équations du système et des hypothèses sous-jacentes, nous analysons l'existence et l'unicité des états d'équilibre – sain et endémique – en exploitant les propriétés spectrales d'un opérateur intégral défini dans ce contexte. Ce chapitre combine une analyse rigoureuse avec des interprétations biologiques, posant les bases pour les investigations numériques du chapitre suivant.

2.1 Présentation du modèle

Notations

- Ω : compact de \mathbb{R}^d représentant l'univers des traits possibles
- $S(t)$: proportion de la population susceptible au temps t .
- $I(t, x)$: densité des individus infectés au temps t avec une caractéristique x .
- $N(t) = S(t) + \int I(t, x)dx$: population totale (supposée constante).
- $\gamma(x)$: taux de guérison dépendant de la caractéristique x
- $k(x, y)$: noyau de transmission, représentant l'interaction entre les individus infectés et susceptibles.

Équations du système

Le système est donné par :

$$\frac{\partial}{\partial t} I(t, x) = S(t) \int k(x, y)I(t, y)dy - \gamma(x)I(t, x).$$

avec pour conditions initiales :

$$S(0) = S_0, \quad I(0, x) = I_0(x).$$

Termes du modèle

- **Transmission** : Le terme $S(t) \int k(x, y)I(t, y)dy$ représente l'infection des susceptibles S par des infectés I , modulée par le noyau de transmission $k(x, y)$.
- **Guérison** : Le terme $-\gamma(x)I(t, x)$ modélise la disparition des infectés qui retournent dans la catégorie des susceptibles.

2.2 Analyse mathématique

2.2.1 Hypothèses du modèle

On fait les hypothèses suivantes :

1. $k \in \mathcal{C}(\Omega \times \Omega, \mathbb{R}) \subset L^1(\Omega \times \Omega)$,
2. $\exists (\underline{k}, \bar{k}) \in \mathbb{R}^2$ vérifiant :

$$\forall x, y \in \Omega, \quad 0 < \underline{k} \leq k(x, y) \leq \bar{k}$$

3. $\exists (\underline{\gamma}, \bar{\gamma}) \in \mathbb{R}^2$ vérifiant :

$$\forall x \in \Omega, \quad 0 < \underline{\gamma} \leq \gamma(x) \leq \bar{\gamma}$$

Notons que les hypothèses posées ci-dessus sur $k(x, y)$ et $\gamma(x)$ — à savoir leur continuité, leur positivité stricte et leurs bornes uniformes — sont relativement fortes. Elles impliquent biologiquement une homogénéité dans les interactions entre souches et une absence de discontinuités dans les processus de transmission ou de guérison, ce qui peut ne pas refléter pleinement la réalité de certaines épidémies. Par exemple, l'absence de variations brutales dans $\gamma(x)$ (comme une résistance soudaine à un traitement) limite la capacité du modèle à capturer des phénomènes évolutifs complexes. Ces choix simplificateurs, bien que nécessaires pour garantir la tractabilité mathématique, devront être réévalués dans des travaux futurs pour une modélisation plus réaliste.

2.2.2 États d'équilibre : état sain et état endémique

Si $I(t, x) = 0$, alors nous sommes dans un état d'équilibre dit "sain". Il n'y a aucun infecté dans notre configuration initiale et donc aucune transmission de virus, ainsi la population reste saine à chaque instant.

Nous nous intéressons dorénavant à l'existence ou non d'un état d'équilibre endémique $I(t, x) = I^*(x)$ non identiquement nul sur Ω . Cet état d'équilibre se traduit par :

$$S^* = 1 - \int_{\Omega} I^*(x)dx \in]0, 1[$$

Qui vérifie l'équation :

$$S^* \int_{\Omega} k(x, y) I^*(y) dy = \gamma(x) I^*(x)$$

Ainsi, en posant :

$$J^*(x) = \gamma(x) I^*(x)$$

On obtient :

$$S^* \times L J^*(x) = S^* \int_{\Omega} \frac{k(x, y)}{\gamma(y)} J^*(y) dy = J^*(x)$$

Nous nous intéresserons dans la suite de cette partie à l'étude de l'opérateur L en fonction des caractéristiques de la fonction k .

2.2.3 Propriétés de l'opérateur L

2.2.3.1 Bornitude, compacité et positivité

L est un opérateur borné

Soit $J \in L^1(\Omega)$;

$$\begin{aligned} \|LJ\|_{L^1(\Omega)} &= \left\| \int_{\Omega} \frac{k(x, y)}{\gamma(y)} J(y) dy \right\|_{L^1(\Omega)} \\ &= \int_{\Omega} \left| \int_{\Omega} \frac{k(x, y)}{\gamma(y)} J(y) dy \right| dx \\ &\leq \int_{\Omega} \int_{\Omega} \left| \frac{k(x, y)}{\gamma(y)} J(y) \right| dy dx \\ &\leq \int_{\Omega} \int_{\Omega} \frac{\bar{k}}{\underline{\gamma}} |J(y)| dy \\ &= \frac{\bar{k} \times \|J\|_{L^1(\Omega)} \times \mu(\Omega)}{\underline{\gamma}} \end{aligned}$$

Ainsi, nous avons obtenu :

$$\|L\| \leq \frac{\bar{k} \times \mu(\Omega)}{\underline{\gamma}} < +\infty$$

Ceci traduit que L est un opérateur borné.

L est un opérateur compact

On commence par remarquer que les fonctions solutions de notre problème sont continues sur Ω , un compact de \mathbb{R}^d (voir section 2.2.1 pour les hypothèses sur K et γ). En effet, l'équation d'équilibre $S^* \int_{\Omega} K(x, y) I^*(y) dy = \gamma(x) I^*(x)$ implique, par la continuité de $K(x, y)$ et $\gamma(x)$, que $I^*(x)$ est continue. Ainsi, les solutions appartiennent à $L^\infty(\Omega)$, espace des fonctions essentiellement bornées sur Ω . Bien que $L^1(\Omega)$ soit le

cadre naturel pour notre modèle (car $I(t, x)$ représente une densité intégrable), nous pouvons nous rabattre sur $L^\infty(\Omega)$ pour étudier la compacité de l'opérateur L , ce qui offre des outils analytiques adaptés, comme le théorème d'Arzelà-Ascoli.

Soit $B = B_{L^\infty(\Omega)}(0, 1) = \{g \in L^\infty(\Omega) \mid \|g\|_{L^1(\Omega)} < 1\}$. Notons : $\mathcal{F} = L(B) = \{g \in L^\infty(\Omega) \mid \exists f \in L^\infty(\Omega) : g = Lf\}$ et pour $x \in \Omega$: $\mathcal{F}(x) = \{g(x) \mid g \in \mathcal{F}\}$.

Soient x, x' dans Ω , $g \in \mathcal{F}$ et $\varepsilon > 0$, on a alors :

$$\begin{aligned} |g(x) - g(x')| &= \left| \int_\Omega \left(\frac{k(x, y)}{\gamma(y)} - \frac{k(x', y)}{\gamma(y)} \right) f(y) dy \right| \\ &\leq \int_\Omega \left| \left(\frac{k(x, y)}{\gamma(y)} - \frac{k(x', y)}{\gamma(y)} \right) f(y) \right| dy \end{aligned}$$

Par uniforme continuité de k sur $\Omega \times \Omega$ (par le théorème de Heine car continue sur un compact) on obtient l'existence d'un $\eta > 0$ vérifiant :

$$\forall (x, z), (x', h) \in L^\infty(\Omega) \times L^\infty(\Omega), \quad \|(x, z) - (x', h)\| < \eta \Rightarrow k(x, z) - k(x', h) < \varepsilon$$

De plus, pour $\|x - x'\| < \eta$, alors $\|(x, z) - (x', z)\| < \eta$ et donc :

$$\|x - x'\| < \eta \Rightarrow |k(x, y) - k(x', y)| < \varepsilon$$

Ainsi on obtient pour de tels x et x' :

$$\begin{aligned} |g(x) - g(x')| &\leq \int_\Omega \left| \left(\frac{k(x, y)}{\gamma(y)} - \frac{k(x', y)}{\gamma(y)} \right) f(y) \right| dy \\ &\leq \int_\Omega \varepsilon \frac{f(y)}{\gamma(y)} dy \\ &\leq \frac{\varepsilon}{\underline{\gamma}} \end{aligned}$$

Nous obtenons finalement que la famille \mathcal{F} est équicontinue. Les hypothèses du théorème d'Arzélà-Ascoli étant vérifiées, la famille \mathcal{F} est alors relativement compacte. Nous pouvons donc conclure en affirmant que L est un opérateur compact.

L est un opérateur positif

Soit J une fonction positive sur Ω , montrons que LJ est également positive.

En appliquant l'opérateur L à J , on obtient :

$$(LJ)(x) = \int_\Omega \frac{k(x, y)}{\gamma(y)} J(y) dy.$$

Puisque $J(y) \geq 0$ par hypothèse et que les fonctions $k(x, y)$ et $\gamma(y)$ vérifient

$$k(x, y) \geq 0, \quad \gamma(y) > 0, \quad \forall x, y \in \Omega,$$

il en résulte que chaque terme de l'intégrale est positif, ce qui implique :

$$(LJ)(x) \geq 0, \quad \forall x \in \Omega.$$

Ainsi, l'opérateur L est positif.

2.2.3.2 Minoration du rayon spectral

Soit C la fonction constante sur Ω définie par

$$C(x) = \frac{1}{\mu(\Omega)}.$$

Elle vérifie immédiatement

$$\|C\|_{L^1(\Omega)} = \int_{\Omega} C(x) dx = 1.$$

De plus, en appliquant l'opérateur L à C , on obtient :

$$(LC)(x) = \int_{\Omega} \frac{k(x,y)}{\gamma(y)} C(y) dy.$$

Par définition de C , cela donne :

$$(LC)(x) = \frac{1}{\mu(\Omega)} \int_{\Omega} \frac{k(x,y)}{\gamma(y)} dy.$$

Grâce aux bornes sur $k(x,y)$ et $\gamma(y)$, on peut minorer cette intégrale de la manière suivante :

$$(LC)(x) \geq \frac{k\mu(\Omega)}{\bar{\gamma}\mu(\Omega)} = \varepsilon C(x),$$

où l'on pose

$$\varepsilon = \frac{k\mu(\Omega)}{\bar{\gamma}} > 0.$$

Puisque $L^1(\Omega)$ est un treillis de Banach et que L est un opérateur positif, il conserve l'ordre, ce qui permet d'obtenir par récurrence immédiate :

$$\forall n \in \mathbb{N}^*, \quad L^n C \geq \varepsilon^n C.$$

Enfin, en utilisant la définition du rayon spectral, on en déduit :

$$r(L) = \lim_{n \rightarrow +\infty} \|L^n\|^{\frac{1}{n}} \geq \lim_{n \rightarrow +\infty} (\varepsilon^n)^{\frac{1}{n}} = \varepsilon > 0.$$

D'un point de vue biologique, le rayon spectral $r(L)$ agit comme une généralisation du nombre de reproduction de base (R_0) pour un système avec une diversité continue de souches. La minoration $r(L) \geq \varepsilon = \frac{k\mu(\Omega)}{\bar{\gamma}}$ indique que la persistance de l'infection dépend de l'intensité minimale de la transmission (k) et de la durée maximale de l'infection ($\frac{1}{\bar{\gamma}}$). Si $r(L) > 1$, l'état endémique est atteint, ce qui pourrait refléter une épidémie incontrôlée dans une population hétérogène, comme observé avec l'émergence de variants du SARS-CoV-2.

2.2.4 Existence d'une solution

D'après le théorème de Krein-Rutman, puisque L est un opérateur compact et est positif, son rayon spectral $r(L)$ appartient à son spectre :

$$r(L) \in \sigma(L).$$

De plus, il existe une fonction positive non nulle $J \in L^1(\Omega)$ telle que :

$$L(J) = r(L)J.$$

2.3 Étude de l'opérateur adjoint

2.3.1 Définition et propriétés

2.3.1.1 Définition de l'opérateur adjoint

Soit L^* l'opérateur adjoint de L défini de la sorte :

$$\forall \Phi \in L^\infty(\Omega), \forall J \in L^1(\Omega), \langle LJ, \Phi \rangle = \langle J, L^*\Phi \rangle$$

Passons au calcul explicite de L^* , on a par le théorème de Fubini :

$$\begin{aligned} \langle LJ, \Phi \rangle &= \int_{\Omega} LJ(x)\Phi(x)dx = \int_{\Omega} \int_{\Omega} \frac{k(x,y)}{\gamma(y)} J(y)\Phi(x)dydx \\ &= \int_{\Omega} \int_{\Omega} \frac{k(x,y)}{\gamma(y)} J(y)\Phi(x)dxdy \\ &= \int_{\Omega} J(y) \int_{\Omega} \frac{k(x,y)}{\gamma(y)} \Phi(x)dxdy \\ &= \langle J, L^*\Phi \rangle \end{aligned}$$

Avec L^* défini par :

$$\begin{aligned} L^* : L^\infty &\rightarrow L^\infty \\ \Phi &\mapsto \begin{cases} \Omega \rightarrow \mathbb{R} \\ y \mapsto \frac{1}{\gamma(y)} \int_{\Omega} k(x,y)\Phi(x)dx \end{cases} \end{aligned}$$

2.3.1.2 Bornitude, compacité et positivité

L^* est un opérateur borné

Soit $\Phi \in L^\infty(\Omega)$, on a :

$$\|L^*\Phi\|_{L^\infty(\Omega)} = \sup_{y \in \Omega} \left| \frac{1}{\gamma(y)} \int_{\Omega} k(x,y)\Phi(x)dx \right|.$$

En utilisant les bornes sur $k(x,y)$ et $\gamma(y)$:

$$\|L^*\Phi\|_{L^\infty(\Omega)} \leq \frac{\bar{k}}{\underline{\gamma}} \mu(\Omega) \cdot \|\Phi\|_{L^\infty(\Omega)}.$$

Donc L^* est un opérateur borné.

L^* est un opérateur compact

Soit $B = B_{L^\infty(\Omega)}(0,1) = \{\Phi \in L^\infty(\Omega) \mid \|\Phi\|_{L^\infty} \leq 1\}$.
On définit $F = L^*(B) = \{L^*\Phi \mid \Phi \in B\}$.

Soient $\varepsilon > 0$ et $y, y' \in \Omega$, on a :

$$\begin{aligned} |(L^*\Phi)(y) - (L^*\Phi)(y')| &= \left| \frac{1}{\gamma(y)} \int_{\Omega} k(x, y)\Phi(x)dx - \frac{1}{\gamma(y')} \int_{\Omega} k(x, y')\Phi(x)dx \right|. \\ &\leq \left| \left(\frac{1}{\gamma(y)} - \frac{1}{\gamma(y')} \right) \int_{\Omega} k(x, y)\Phi(x)dx \right| \\ &\quad + \left| \frac{1}{\gamma(y')} \int_{\Omega} (k(x, y') - k(x, y))\Phi(x)dx \right|. \end{aligned}$$

Par continuité uniforme de $k(x, y)$ sur $\Omega \times \Omega$, il existe $\eta_1 > 0$ tel que :

$$|k(x, y) - k(x, y')| < \varepsilon, \quad \forall x \in \Omega, \forall y, y' \text{ tels que } |y - y'| < \eta_1.$$

De même, par continuité uniforme de γ sur Ω , il existe $\eta_2 > 0$ tel que :

$$|\gamma(y) - \gamma(y')| < \varepsilon, \quad \forall y, y' \text{ tels que } |y - y'| < \eta_2.$$

Ainsi,

$$|(L^*\Phi)(y) - (L^*\Phi)(y')| \leq \frac{\varepsilon}{\underline{\gamma}^2} \bar{k}\mu(\Omega) + \frac{1}{\underline{\gamma}} \varepsilon \mu(\Omega) = \frac{\varepsilon \mu(\Omega)}{\underline{\gamma}^2} (\bar{k} + \underline{\gamma}).$$

Cela montre que F est équicontinue, et donc relativement compact par le théorème d'Ascoli-Arzelà. Ainsi, L^* est un opérateur compact.

L^* est un opérateur positif

L'opérateur adjoint L^* est défini par :

$$(L^*\Phi)(y) = \frac{1}{\gamma(y)} \int_{\Omega} k(x, y)\Phi(x)dx.$$

Pour tout $\Phi \geq 0$ sur Ω , on a $k(x, y) \geq 0$ et $\gamma(y) > 0$, donc :

$$(L^*\Phi)(y) \geq 0.$$

Ainsi, L^* est un opérateur positif.

2.3.1.3 Existence d'une solution positive

Le théorème de *Krein – Rutman* nous donne donc une fonction propre non nulle et positive, notée Φ , associée à $r(L^*)$. Cette fonction étant continue sur un compact, elle atteint son min qui est strictement positif puisque Φ ne peut pas s'annuler sur Ω (Φ serait sinon la fonction nulle).

2.3.2 Implications pour l'analyse spectrale

2.3.2.1 Simplicité de $r(L)$

Soit J la fonction positive définie précédemment qui vérifie la relation :

$$J(x) = \frac{1}{r(L)} \int_{\Omega} \frac{k(x, y)}{\gamma(y)} J(y) dy$$

Les hypothèses du théorème de continuité sous le signe intégral étant vérifiées, il en résulte que J est une fonction continue sur Ω . Supposons par l'absurde que J s'annule en un point. On aurait alors :

$$0 = \int_{\Omega} \frac{k(x, y)}{\gamma(y)} J(y) dy.$$

Or, l'intérieur de l'intégral est positif et J est continue, cela implique que $J(y) = 0$ pour tout $y \in \Omega$, contredisant l'hypothèse selon laquelle J est une solution non nulle. Ainsi, J est strictement positive sur Ω .

Cette positivité stricte de $J^*(x)$ sur Ω a une implication biologique significative : à l'état d'équilibre endémique, aucune souche phénotypique ne disparaît complètement de la population infectée. Ce phénomène de coexistence peut être observé dans des maladies réelles, comme la grippe saisonnière, où plusieurs variants co-circulent, ou dans les infections bactériennes présentant une diversité de résistances aux traitements.

Cela suggère que la compétition entre souches, bien que présente, ne conduit pas à une exclusion totale dans ce modèle.

Soit J_2 une seconde solution non nulle de l'équation. Nous cherchons maintenant à montrer que J_2 est colinéaire à J .

Étant donné que Ω est un compact et que J, J_2 sont continues sur Ω , il existe une constante C telle que :

$$|J_2(x)| \leq C J(x), \quad \forall x \in \Omega,$$

et un point $x_0 \in \Omega$ où l'égalité est atteinte :

$$C J(x_0) = |J_2(x_0)|.$$

La constante C est ainsi définie comme la plus petite valeur satisfaisant cette inégalité.

Montrons maintenant que $|J_2|$ est également une fonction propre de L . On commence par remarquer :

$$r(L)|J_2| = |LJ_2| \leq L|J_2|$$

Ainsi :

$$L|J_2| - r(L)|J_2| \geq 0$$

En prenant Φ la fonction propre strictement positive de L^* associée à la valeur propre $r(L)$, on obtient :

$$\langle \Phi, L|J_2| \rangle = \langle L^*\Phi, |J_2| \rangle = r(L)\langle \Phi, |J_2| \rangle$$

D'où :

$$0 = \langle \Phi, L|J_2| - r(L)|J_2| \rangle$$

Or $\Phi > 0$ et $L|J_2| - r(L)|J_2|$ est une fonction continue et positive, ce qui entraîne $L|J_2| - r(L)|J_2| = 0$. Finalement, nous venons de montrer que $|J_2|$ est une fonction propre de L associée à la valeur propre $r(L)$ ($|J_2| \neq 0$ car $J_2 \neq 0$).

Par construction de C , nous définissons :

$$W = CJ - |J_2| \geqslant 0, \quad \text{avec } W(x_0) = 0.$$

La fonction W étant une fonction positive vérifiant $LW = r(L)W$ et qui s'annule en un point. Elle est nécessairement identiquement nulle, d'après la propriété démontrée précédemment. Cela implique que :

$$|J_2| = CJ.$$

Enfin, comme J_2 est continue et que $|J_2|$ est strictement positive sur Ω (puisque $L|J_2| = r(L)|J_2|$), J_2 est soit positive, soit négative sur tout Ω , ce qui donne $|J_2| = \pm J_2$. On en conclut donc que J_2 est colinéaire à J .

2.3.2.2 "Unicité" de la solution positive

Soit J_2 une fonction propre positive associée à une valeur propre de L notée λ . On a donc :

$$\lambda J_2 = LJ_2 = |LJ_2| = |\lambda J_2| = |\lambda|J_2$$

Ainsi, λ est un réel positif.

Par définition de $r(L)$ on sait que $r(L) \geqslant \lambda$ et donc

$$0 = LJ_2 - \lambda J_2 \geqslant LJ_2 - r(L)J_2$$

Ainsi on obtient :

$$\langle \Phi, LJ_2 \rangle = \langle L^*\Phi, J_2 \rangle = r(L)\langle \Phi, J_2 \rangle$$

Ce qui s'écrit :

$$\langle \Phi, LJ_2 - r(L)J_2 \rangle = 0$$

Or, comme $\Phi > 0$ et $LJ_2 - r(L)J_2 \leqslant 0$ tout en étant continue, on a nécessairement $LJ_2 - r(L)J_2 = 0$. Donc toute fonction propre positive de L est associée à la valeur propre $r(L)$.

2.4 Relation entre $r(L)$ et S^* et retour au problème initial

L’analyse théorique précédente a permis d’établir l’existence et l’unicité d’un état d’équilibre endémique, caractérisé par une proportion de susceptibles S^* et une densité d’infectés $I^*(x)$. En posant $J^*(x) = \gamma(x)I^*(x)$, nous avons montré que J^* est une fonction propre positive de l’opérateur L , associée à la valeur propre $\frac{1}{S^*}$. Puisque L est positif et compact, son rayon spectral $r(L)$ est la plus grande valeur propre en module, et dans ce cas précis, il vérifie :

$$r(L) = \frac{1}{S^*}.$$

Cette relation découle directement de l’équation d’équilibre

$$S^* \int_{\Omega} K(x, y) I^*(y) dy = \gamma(x) I^*(x),$$

Qui, après substitution de $J^*(x)$, devient

$$S^* L J^*(x) = J^*(x).$$

Comme $S^* = 1 - \int_{\Omega} I^*(x) dx$ et que $I^*(x) > 0$ sur Ω (d’après la positivité stricte de J^*), il s’ensuit que $0 < S^* < 1$, et donc $r(L) > 1$. Cette condition $r(L) > 1$ est cohérente avec la persistance de l’infection dans le modèle SIS avec mutations, analogue au seuil $R_0 > 1$ dans les modèles classiques, et reflète biologiquement une transmission suffisante pour maintenir un état endémique face à une diversité de souches.

Revenons maintenant au problème initial en termes de $I(t, x)$, qui est la densité des infectés au temps t pour un phénotype x . L’équation dynamique du modèle est donnée par :

$$\frac{\partial}{\partial t} I(t, x) = S(t) \int_{\Omega} K(x, y) I(t, y) dy - \gamma(x) I(t, x),$$

où $S(t) = 1 - \int_{\Omega} I(t, x) dx$. À l’équilibre, $\frac{\partial I}{\partial t} = 0$, et nous retrouvons $I(t, x) = I^*(x)$, solution de l’équation stationnaire. Cependant, l’introduction de $J^*(x)$ a permis une analyse spectrale via L , simplifiant l’étude des propriétés de l’état endémique. L’objectif reste de comprendre comment $I(t, x)$ évolue vers $I^*(x)$, et en particulier comment la distribution des souches infectieuses se stabilise sous l’effet de la transmission et de la guérison. Ainsi, $r(L) = \frac{1}{S^*}$ fournit une mesure quantitative de cette stabilité, que nous chercherons à approximer numériquement dans le chapitre suivant, en revenant aux variables I pour interpréter les résultats dans le contexte épidémiologique initial.

Chapitre 3

Approche numérique

Le chapitre précédent a établi l'existence et l'unicité d'un état d'équilibre endémique pour le modèle SIS avec mutations. Ce chapitre se consacre à l'exploration numérique de ces résultats, en simulant la dynamique des infectés $I(t, x)$ pour approcher les solutions stationnaires, leurs propriétés spectrales, et leur évolution temporelle.

Nous débutons par le cas unidimensionnel ($\dim(\Omega) = 1$), en discrétisant les équations et en étudiant le comportement de $I(t, x)$ lorsque le rayon spectral $r(L)$ est inférieur à 1, supérieur à 1, ou proche de 1. Ensuite, nous étendons cette approche au cas bidimensionnel ($\dim(\Omega) = 2$), en utilisant des outils avancés pour une visualisation en trois dimensions. Ce chapitre illustre la mise en œuvre pratique des résultats théoriques, tout en identifiant les limites des méthodes numériques employées et les perspectives d'amélioration, notamment en termes de précision et de performance.

3.1 Cas $\dim(\Omega) = 1$

3.1.1 Mise en place de la simulation

Le chapitre précédent a permis d'établir l'existence d'un état d'équilibre endémique sous des conditions appropriées. Forts de ce résultat, nous nous tournons à présent vers l'approximation numérique de la fonction propre associée à cet état.

Pour ce faire, nous commençons par discrétiser l'univers Ω , que nous définissons ici comme $\Omega = [0, 1]$. Soit N le nombre de points de discrétisation, répartis uniformément sur cet intervalle.

Ensuite, pour approcher cette fonction propre, il est nécessaire de spécifier les fonctions k et γ . À titre d'exemple initial, nous considérons les expressions suivantes :

$$k_1(x, y) = e^{-10(x-y)^2} \quad \text{et} \quad \gamma_1(y) = 1 + \frac{\sin(2\pi y)}{2},$$

et

$$k_2(x, y) = e^{-\frac{(x-y)^2}{4}} \quad \text{et} \quad \gamma_2(y) = \frac{1}{3}.$$

Le code présenté à la page suivante permet de calculer le rayon spectral ainsi que le vecteur propre correspondant à la discrétisation de l'opérateur L , en prenant $N = 100$.

```

1 import numpy as np
2 import matplotlib.pyplot as plt
3 from scipy.linalg import eig
4
5 # Definition du domaine discret (espace 1D)
6 N = 100
7 x = np.linspace(0, 1, N)
8
9 # Definition des fonctions k(x,y) et gamma(y)
10 sigma = 0.1
11
12 def k(x, y):
13     return np.exp(- (x - y)**2/(2*sigma**2))
14
15 def gamma(y):
16     return 1 + 0.5 * np.sin(2 * np.pi * y)
17
18 # Construction de la matrice L (discretisation de l'op rateur
19 # integral)
20 dx = x[1] - x[0]
21 X, Y = np.meshgrid(x, x, indexing='ij')
22 L = k(X, Y) / gamma(Y) * dx
23
24 # Calcul des valeurs propres et vecteurs propres de L
25 valeurs_propres, vecteurs_propres = eig(L)
26 valeurs_propres = np.real(valeurs_propres)
27 vecteurs_propres = np.real(vecteurs_propres)
28
29 # Recuperation de la plus grande valeur propre et de son vecteur
# propre associe
30 idx_max = np.argmax(valeurs_propres)
31 r_L = valeurs_propres[idx_max]
32 J_approx = vecteurs_propres[:, idx_max]
33
34 # Normalisation de J
35 J_approx = abs(J_approx)
36 J_approx /= max(J_approx)
37
38 # Retour au probleme initial
39 I_approx = J_approx/gamma(np.arange(0,1,1/N))
40 I_approx /= (sum(I_approx)*dx)
41 I_approx *= (r_L-1)/r_L
42
43 # Affichage des resultats
44 plt.figure(figsize=(15, 10))
45 plt.plot(x, J_approx, label=r"Approximation de $J(x)$", color='b')
46 plt.plot(x, I_approx, label=r"Approximation de $I(x)$", color='r')
47 plt.axhline(0, color='black', linestyle='--', linewidth=0.8)
48 plt.xlabel(r"$x$")
49 plt.ylabel(r"$J(x)$")
50 plt.title(r"Illustration numerique de la fonction propre $J$")
51 plt.legend()
52 plt.grid()
53 plt.show()
54 print(f"Approximation du rayon spectral r(L) : {r_L:.4f}")

```

Listing 3.1 – Code Python illustrant le calcul de J^* et de I^* pour N

Le résultat obtenu par l'exécution du programme est le suivant :

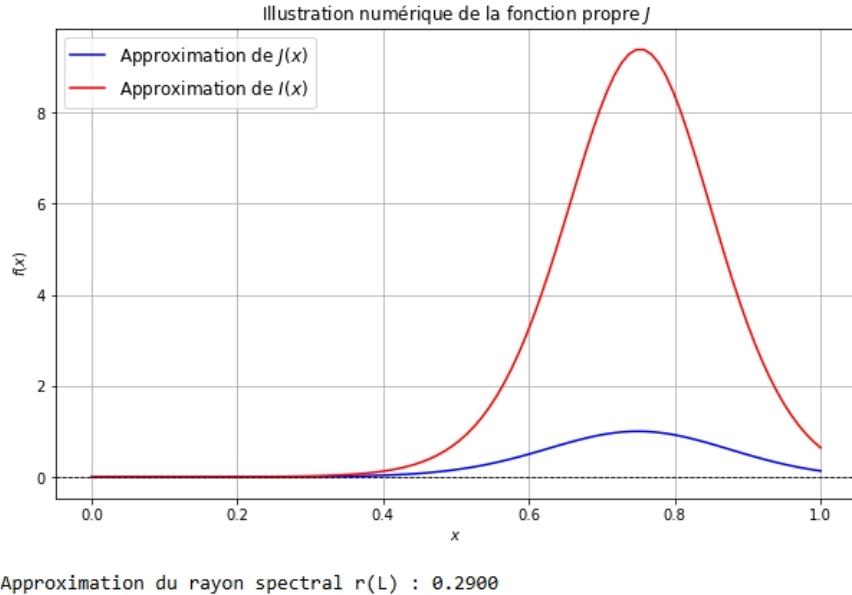


FIGURE 3.1 – Approximation numérique de J^* et de I^* pour $k = k_1$ et $\gamma = \gamma_1$

Le même programme appliqué à k_2 et γ_2 nous donne :

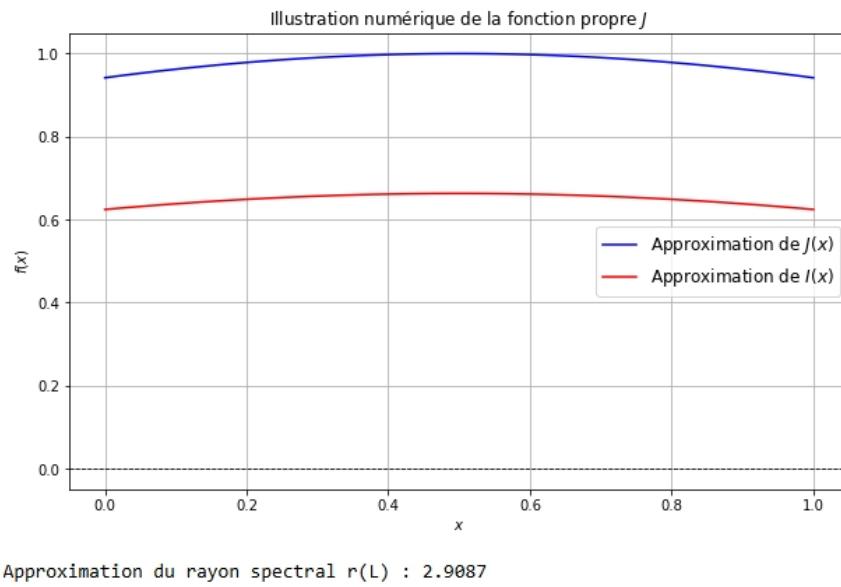


FIGURE 3.2 – Approximation numérique de J^* et de I^* pour $k = k_2$ et $\gamma = \gamma_2$

L'utilisation de la fonction `eig()` étant très coûteuse en terme de calculs (la fonction est d'une complexité de l'ordre $O(N^3)$), on remarque que cette méthode d'approximation ne fonctionne que pour des N assez petits. On va donc chercher à mettre en place une méthode auxiliaire à `eig()` qui nous permettrait d'approximer le rayon spectral

ainsi qu'un vecteur propre positif associé. Dans cette optique, la méthode de la puissance semble être un outil très adapté (de complexité $O(N^2)$) afin d'obtenir le résultat souhaité.

Voici un code permettant de mettre en pratique cette méthode :

```

1 import numpy as np
2 import matplotlib.pyplot as plt
3
4 # Definition du domaine discret (espace 1D)
5 N = 1000
6 x = np.linspace(0, 1, N)
7
8 # Construction de la matrice L (discretisation de l'operateur integral
9 # )
10 dx = x[1] - x[0]
11 X, Y = np.meshgrid(x, x, indexing='ij') # Matrices de coordonnees
12 L = k(X, Y) / gamma(Y) * dx
13
14 # --- METHODE DE LA PUISSANCE POUR LE RAYON SPECTRAL ---
15
16 def power_method(A, num_iter=1000, tol=1e-6):
17     n = A.shape[0]
18     v = np.ones(n) / np.sqrt(n) # Vecteur initial normalise
19
20     for _ in range(num_iter):
21         v_next = A @ v
22         v_next_norm = np.linalg.norm(v_next)
23
24         # Normalisation
25         v_next /= v_next_norm
26
27         # Verification de la convergence
28         if np.linalg.norm(v_next - v) < tol:
29             break
30
31         v = v_next
32
33     # Approximation de la plus grande valeur propre
34     lambda_max = v.T @ (A @ v)
35     return lambda_max, v
36
37 # Application de la methode de la puissance
38 r_L, J_approx = power_method(L, num_iter=500, tol=1e-6)
39
40 # Normalisation de J pour comparaison avec la theorie
41 J_approx = abs(J_approx)
42 J_approx /= max(J_approx)
43
44 # Retour au probleme initial
45 I_approx = J_approx/gamma(np.arange(0,1,1/N))
46 I_approx /= (sum(abs(I_approx)) * dx)
47 I_approx *= (r_L-1)/r_L
48 I_approx = abs(I_approx)

```

```

49 # Affichage des resultats
50 plt.figure(figsize=(15, 10))
51 plt.plot(x, J_approx, label=r"Approximation de $J(x)$", color='b')
52 plt.plot(x, I_approx, label=r"Approximation de $I(x)$", color='r')
53 plt.axhline(0, color='black', linestyle='--', linewidth=0.8)
54 plt.xlabel(r"$x$")
55 plt.ylabel(r"$J(x)$")
56 plt.title(r"Illustration numérique de la fonction propre $J$")
57 plt.legend()
58 plt.grid()
59 plt.show()
60
61 print(f"Approximation du rayon spectral r(L) : {r_L:.4f}")

```

Listing 3.2 – Code Python illustrant l'approximation par la méthode de la puissance

Les résultats graphiques présentés par la suite ont été obtenus en appliquant cette méthode.

3.1.2 Test numérique de la stabilité des solutions

Par manque de temps, cette partie se limite à une analyse numérique, en admettant les résultats théoriques suivants, démontrés dans les sections précédentes (voir section 2.3) :

- Si $r(L) > 1$, alors $\|J(t, \cdot) - J^*(\cdot)\|_{L^1(\Omega)} \rightarrow_{t \rightarrow +\infty} 0$,
- Si $r(L) < 1$, alors $\|J(t, \cdot)\|_{L^1(\Omega)} \rightarrow_{t \rightarrow +\infty} 0$.

Ces propriétés traduisent la stabilité asymptotique de l'état stationnaire J^* dans le cas $r(L) > 1$, et la disparition des infectés lorsque $r(L) < 1$, cohérentes avec le comportement attendu d'un modèle SIS avec mutations.

Nous testons numériquement ces résultats en discrétilisant l'opérateur L avec différentes fonctions k et γ . Nous utiliserons la méthode d'Euler explicite avec un $\Delta t = 0.1$ dans l'entièreté des résultats suivant.

Dans le premier cas, en utilisant $k = k_2$ et $\gamma = \gamma_2$ (définies en section 2.2), le rayon spectral $r(L)$ de la matrice discrétilisée est strictement supérieur à 1. Le programme, disponible à l'adresse <https://drive.google.com/file/d/1z9k1LC04Z596KdzwHqpTv-7hZKjESu0v/view?usp=sharing>, simule l'évolution de $I(t, x)$ et illustre sa convergence vers $I^*(x)$, comme montré à la page suivante.

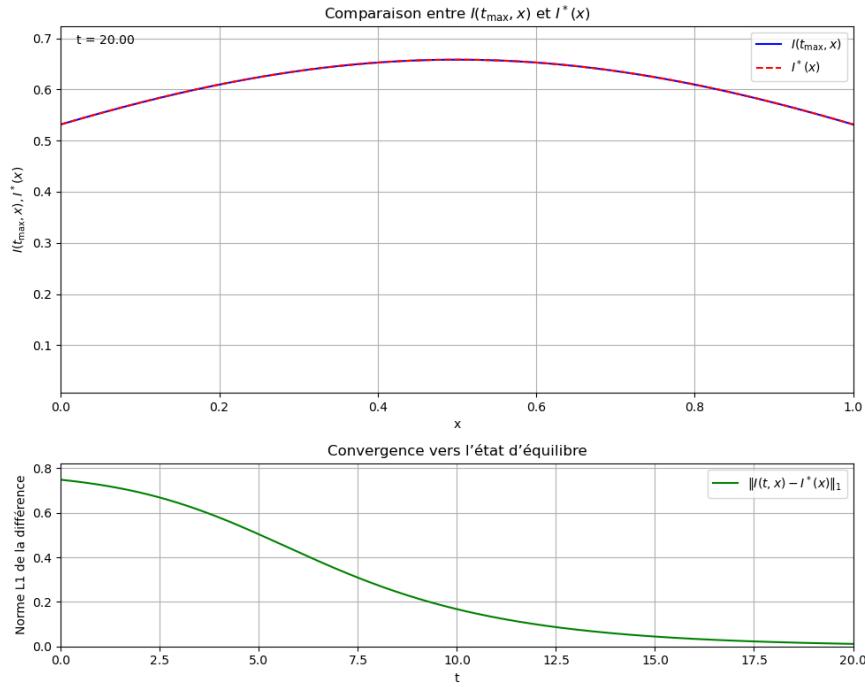


FIGURE 3.3 – Convergence de $I(t, x)$ vers $I^*(x)$ pour $r(L) > 1$ avec $k = k_2$ et $\gamma = \gamma_2$. Le graphique supérieur montre $I(t = 20, x)$ et le graphique inférieur l'évolution de $\|I(t, x) - I^*(x)\|_{L^1}$.

Dans le second cas, avec $k = k_1$ et $\gamma = \gamma_1$ (également définies en section 2.2), nous obtenons $r(L) < 1$. Le programme, accessible à l'adresse https://drive.google.com/file/d/18F0Qz_Q4gYaYps8PwV56uaNT92zilXXy/view?usp=sharing, montre que $I(t, x)$ tend vers 0 en norme L^1 , comme illustré ci-dessous :

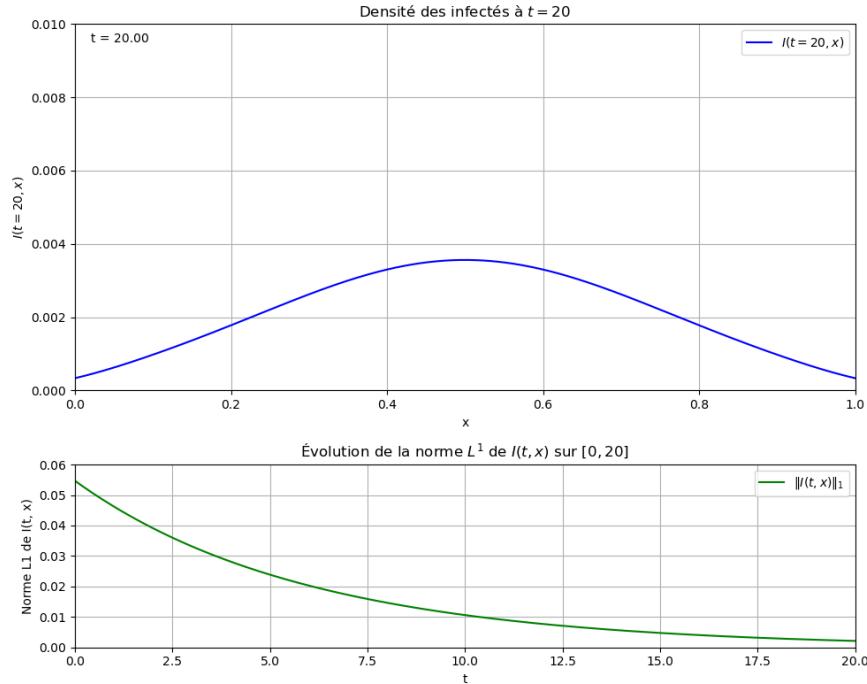


FIGURE 3.4 – Convergence de $I(t, x)$ vers 0 pour $r(L) < 1$ avec $k = k_1$ et $\gamma = \gamma_1$. Le graphique supérieur montre $I(t = 20, x)$ et le graphique inférieur l'évolution de $\|I(t, x)\|_{L^1}$.

Ces simulations confirment numériquement les prédictions théoriques établies dans les sections précédentes (voir section 2.3), bien que certaines propriétés asymptotiques restent à démontrer rigoureusement sur le plan mathématique. Un cas particulier d'intérêt, non entièrement résolu, est celui où $r(L) = 1$, qui marque la transition entre la disparition des infectés et la persistance d'un état endémique. Pour explorer ce seuil, nous avons testé les fonctions suivantes :

$$k(x, y) = x + y + \frac{1}{10000} \quad \text{et} \quad \gamma(y) = y + \frac{1}{2}.$$

En discrétilisant l'opérateur L avec $N = 1000$ points sur $\Omega = [0, 1]$ et en appliquant la méthode de la puissance, nous obtenons une approximation du rayon spectral $r(L) \approx 1.0010$. Les courbes de $I(t, x)$ à $t = 100$ et de $I^*(x)$, calculées numériquement, sont représentées ci-dessous :

Ce résultat montre que $r(L) \approx 1.0010$ est légèrement supérieur à 1, suggérant une convergence lente de $I(t, x)$ vers $I^*(x)$, et ce, avec I^* très proche de 0.

Les observations précédentes nous tendent à conclure que lorsque $r(L) = 1$, alors $I(t, x) \rightarrow_{t \rightarrow +\infty} 0$. Cependant les approximations numériques actuelles ne permettent pas de conclure définitivement sur le comportement exact au seuil précis $r(L) = 1$. Pour obtenir une analyse plus fine, deux améliorations sont nécessaires.

D'une part, une étude mathématique approfondie, et d'autre part, sur le plan numérique, des simulations plus précises pourraient être réalisées en augmentant la puissance de calcul (par exemple, en utilisant des ordinateurs plus performants pour accroître N ou t_{\max}) ou en remplaçant la méthode d'Euler explicite, actuellement utilisée dans la

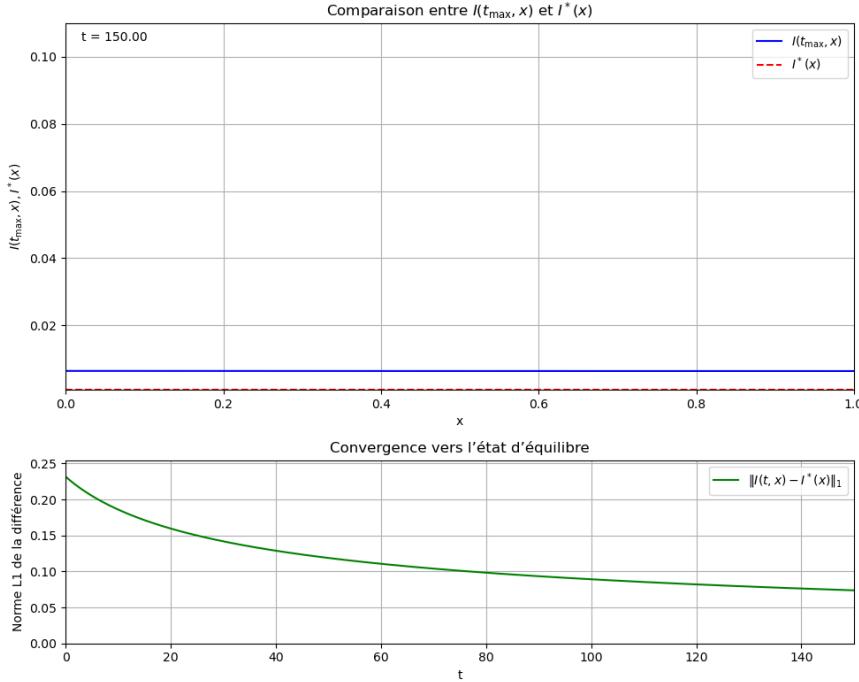


FIGURE 3.5 – Comparaison de $I(t = 100, x)$ et $I^*(x)$ pour $r(L) \approx 1.0010$ avec $k(x, y) = x + y + \frac{1}{10000}$ et $\gamma(y) = y + \frac{1}{2}$. Le graphique illustre une évolution lente de $I(t, x)$, typique d'un régime proche du seuil $r(L) = 1$.

discrétisation temporelle, par une méthode plus robuste comme la méthode de Runge-Kutta d'ordre 4. Ces approches permettraient d'affiner les approximations de $I(t, x)$ et $I^*(x)$, et ainsi de mieux comprendre la dynamique au voisinage de $r(L) = 1$.

3.1.3 Extension des hypothèses sur k et γ

Comme mentionné précédemment, les hypothèses imposées à γ et k dans les résultats établis jusqu'ici sont particulièrement restrictives, notamment en termes de continuité et de minoration. Afin d'explorer une possible extension de ces résultats à des cas où ces conditions ne sont plus satisfaites, nous proposons une approche numérique pour conjecturer leur validité dans un cadre plus général. Pour ce faire, considérons les fonctions suivantes :

$$k(x, y) = \begin{cases} e^{-\frac{(x-y)^2}{2}} & \text{si } |x - y| < \frac{1}{3}, \\ 0 & \text{sinon,} \end{cases}$$

et

$$\gamma(x) = 1 - \mathbb{1}_{[0.4, 0.6]}(x).$$

Ces fonctions s'écartent du cadre initial présenté dans ce travail, car k est discontinue en $|x - y| = \frac{1}{3}$ et γ s'annule sur l'intervalle $[0.4, 0.6]$, violant ainsi les hypothèses de continuité et de minoration positive. Cependant, elles semblent néanmoins préserver

les conclusions précédentes. Pour les étudier numériquement, nous approximons les valeurs nulles par 10^{-6} là où k et γ s'annulent dans leurs définitions initiales. Cette approximation conduit à un rayon spectral $r(L) > 1$, associé au graphe suivant :

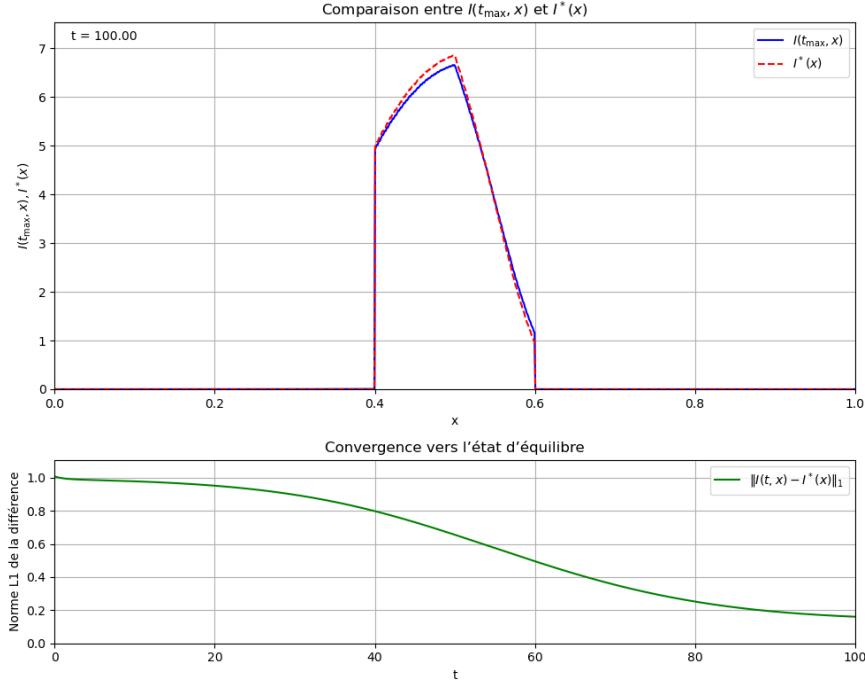


FIGURE 3.6 – Comparaison entre $I(t = 100, x)$ et $I^*(x)$ pour $r(L) > 1$, avec $k(x, y) = e^{-\frac{(x-y)^2}{2}} \mathbb{1}_{|x-y| < \frac{1}{3}}$ et $\gamma(x) = 1 - \mathbb{1}_{[0.4, 0.6]}(x)$.

Ces observations suggèrent que le résultat principal pourrait rester valide dans un cadre plus large que celui initialement proposé, même en relâchant les hypothèses de continuité et de minoration. Cette conjecture ouvre la voie à une étude future, qui constituera la continuité naturelle de ce travail.

3.2 Cas $\dim(\Omega) = 2$

Posons, pour cette partie, $\Omega = [0, 1] \times [0, 1]$. Nous définissons les fonctions suivantes :

- Le noyau de transmission k , qui modélise l'interaction entre les points (x, y) et (x_p, y_p) dans Ω :

$$k : \begin{cases} \Omega \times \Omega & \rightarrow \mathbb{R} \\ ((x, y), (x_p, y_p)) & \mapsto 1 + \exp\left(-\frac{(x-x_p)^2+(y-y_p)^2}{2\sigma^2}\right) \end{cases}$$

où $\sigma > 0$ représente l'écart-type du noyau gaussien, contrôlant la portée de l'interaction.

- La fonction de taux de guérison γ , définie sur Ω :

$$\gamma : \begin{cases} \Omega & \rightarrow \mathbb{R} \\ (x, y) & \mapsto 1 - \frac{1}{2} \sin(2\pi x) \cos(2\pi y) \end{cases}$$

Pour un rendu 3D interactif, j'ai, pour cette partie, fait le choix d'effectuer la programmation avec Sagemaths et non plus avec Python.

Le code est le suivant :

```

1 import numpy as np
2 import matplotlib.pyplot as plt
3 from sage.all import *
4
5 # Parametres de la grille
6 N = 30 # Nombre de points en x et y
7 x_vals = np.linspace(0, 1, N)
8 y_vals = np.linspace(0, 1, N)
9 X, Y = np.meshgrid(x_vals, y_vals)
10
11 # Definition du noyau k(x,y,x',y') et de gamma(x,y)
12 def k(x, y, xp, yp):
13     sigma = 0.1 # Largeur du noyau gaussien
14     return 1 + np.exp(-((x - xp)**2 + (y - yp)**2) / (2 * sigma**2))
15
16 def gamma(x, y):
17     return 1 + 0.5 * np.sin(2 * np.pi * x) * np.cos(2 * np.pi * y)
18
19 # Preparation des coordonnees pour vectorisation
20 X_flat = X.ravel() # Vecteur 1D des x
21 Y_flat = Y.ravel() # Vecteur 1D des y
22 dx = 1.0 / N # Pas de discr tisation
23
24 # Calcul vectorise de la matrice L
25 # Cr ation des matrices X, Y, X', Y' pour toutes les combinaisons
26 X1, XP = np.meshgrid(X_flat, X_flat)
27 Y1, YP = np.meshgrid(Y_flat, Y_flat)
28
29 # Calcul du noyau k pour toutes les paires (x,y) et (x',y')
```

```

30 K = k(X1, Y1, XP, YP)
31 Gamma = gamma(XP, YP)
32 L = K / Gamma * dx * dx
33
34 # Calcul des valeurs propres et vecteurs propres
35 valeurs_propres, vecteurs_propres = np.linalg.eig(L)
36 valeurs_propres = np.real(valeurs_propres)
37 vecteurs_propres = np.real(vecteurs_propres)
38
39 # Trouver la plus grande valeur propre et son vecteur propre associe
40 idx_max = np.argmax(valeurs_propres)
41 r_L = valeurs_propres[idx_max]
42 J_approx = abs(vecteurs_propres[:, idx_max])
43
44 # Reconstruction sous forme de matrice 2D
45 J_approx_2D = J_approx.reshape((N, N))
46 J_approx_2D = J_approx_2D / np.max(J_approx_2D) # Normalisation
47
48 # Generation du plot 3D avec SageMath
49 plot_3d = sum(
50     [point3d((x_vals[i], y_vals[j], J_approx_2D[i, j]), size=10, color
51         ="blue")
52         for i in range(N) for j in range(N)])
53
54 # Affichage du graphe
55 show(plot_3d, aspect_ratio=(1,1,0.5), frame=True, title="Solution
      approximee $J(x,y)$ en 3D")
56
57 # Affichage du rayon spectral trouve
58 print(f"Approximation du rayon spectral r(L) : {r_L:.4f}")

```

Listing 3.3 – Code Sagemaths illustrant l'approximation par la méthode de la puissance

Ce code renvoie :

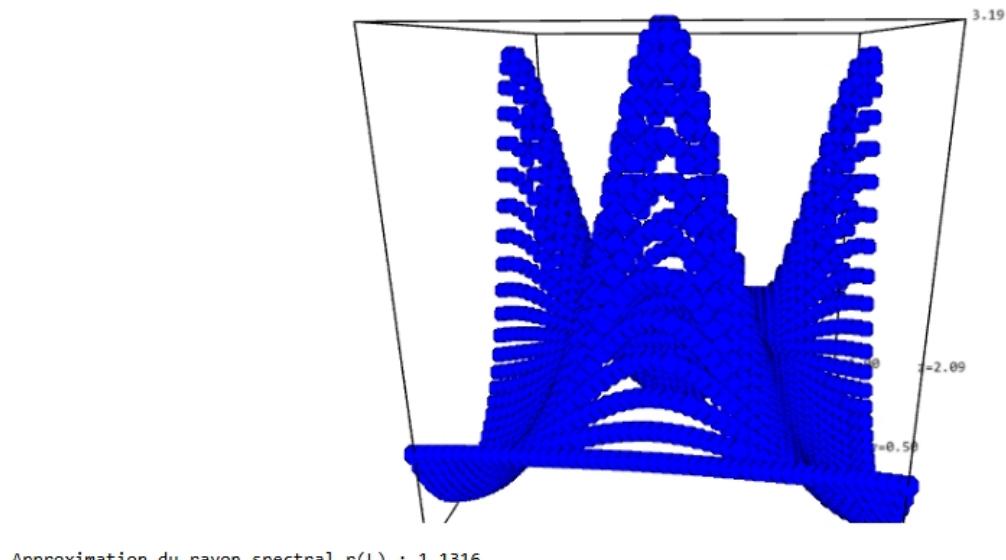


FIGURE 3.7 – Approximation de $r(L)$ et de J^* pour $N = 50$

Pour une version interactive de cette visualisation, permettant de manipuler la courbe en 3D (rotation, zoom, etc.), vous pouvez consulter le fichier HTML disponible à l'adresse suivante :

<https://drive.google.com/file/d/1aqQy6j4rWFO9Wo7n9n2qdcQiJu82lig4/view?usp=sharing>.

Conclusion et perspectives

Au cours de ce mémoire, nous avons exploré une extension du modèle épidémiologique SIS en intégrant la diversité phénotypique des agents pathogènes via une variable continue x . Nous avons formulé un système d'équations différentielles décrivant l'évolution de la densité des infectés $I(t, x)$, et démontré l'existence et l'unicité d'un état d'équilibre endémique à travers une analyse spectrale de l'opérateur intégral L . Le rayon spectral $r(L)$, dont nous avons établi une minoration, joue un rôle central en reflétant la persistance de l'infection dans une population hétérogène. Ces résultats théoriques ont été complétés par une approche numérique préliminaire, permettant d'approximer la distribution des souches infectieuses $I^*(x)$ et de visualiser leur dynamique, notamment en dimensions 1 et 2.

Cette étude, bien que basée sur des hypothèses simplificatrices — telles qu'une population totale constante, et des fonctions $K(x, y)$ et $\gamma(x)$ bornées et continues —, révèle déjà une complexité significative dans la modélisation de la compétition entre souches. La positivité stricte de $I^*(x)$ et la dépendance de $r(L)$ aux paramètres de transmission et de guérison soulignent l'interaction subtile entre facteurs biologiques et mathématiques, même dans ce cadre simplifié. Ces premiers résultats mettent en lumière la richesse du modèle SIS étendu, tout en posant les bases pour des investigations plus approfondies.

À l'avenir, ce travail pourrait être poursuivi, sous l'encadrement de Pierre Gabriel à l'Université de Tours, en explorant des extensions du modèle. Une piste naturelle consisterait à réduire les hypothèses actuelles, par exemple en introduisant des dynamiques démographiques (naissance, mortalité), des noyaux de mutation explicites, ou des interactions plus complexes entre souches. De telles généralisations permettraient de tester la robustesse des conclusions actuelles et d'approfondir notre compréhension des dynamiques infectieuses multi-souches, avec des implications potentielles pour la prédiction et le contrôle des épidémies.

Ce travail constitue une première étape vers une analyse plus approfondie qui sera poursuivie dans le cadre d'une thèse sous l'encadrement de Pierre Gabriel et Sten Madec à l'Université de Tours. Intitulée Mutations dans un modèle SIS multi-souches, cette thèse enrichira le modèle SIS ici étudié en intégrant des dynamiques de mutation et des niveaux d'infection multiples, avec pour ambition d'explorer la sélection et l'évolution des souches à travers une équation de type réplicateur-mutateur dans un régime quasi-neutre.

Bibliographie

- [1] Anonyme. Rappels sur les opérateurs compacts. ENS Rennes, s.d. Disponible en ligne.
- [2] Guillaume Aubrun. Cours sur les opérateurs dans les espaces de banach et hilbert. Université Lyon 1, s.d. Disponible en ligne.
- [3] Jean-François Babadjian. Chapitre 6 : Opérateurs compacts et théorie spectrale. Cours d'Analyse M1, Université Paris-Saclay, s.d. Disponible en ligne.
- [4] Jean-François Babadjian. Convergence faible dans les espaces de banach. Cours M2 Analyse Fonctionnelle, Université Paris-Saclay, s.d. Disponible en ligne.
- [5] Andras Batkai, Marjeta Kramar Fijavz, and Abdelaziz Rhandi. *Semigroups of Operators : Theory and Applications*. Springer, Cham, 2017.
- [6] Karim Bekka. Analyse harmonique : Semaine 12. Université de Rennes 1, s.d. Disponible en ligne.
- [7] Haim Brezis. *Analyse fonctionnelle : Théorie et applications*. Masson, Paris, 1983.
- [8] Haim Brezis. *Functional Analysis, Sobolev Spaces and Partial Differential Equations*. Springer, New York, 2011.
- [9] Klaus-Jochen Engel and Rainer Nagel. *One-Parameter Semigroups for Linear Evolution Equations*. Springer, Berlin, 2000.
- [10] P. Gabriel et al. A sis epidemiological model with mutations. arXiv preprint, 2024. Disponible en ligne.
- [11] Robert Gardner. Section 19.5 : Spectral theory of compact operators. Notes de cours, East Tennessee State University, s.d. Disponible en ligne.
- [12] Lefki Kacem. Manuscrit sur les opérateurs linéaires. Université Paris-Est Marne-la-Vallée, s.d. Disponible en ligne.
- [13] Erwin Kreyszig. *Introductory Functional Analysis with Applications*. Wiley, New York, 1978.
- [14] Benoît Perthame. Transport equations in biology. *Frontiers in Mathematics*, 2007.
- [15] Walter Rudin. *Principles of Mathematical Analysis*. McGraw-Hill, New York, 3rd edition, 1976.