

SECRETARIAT GENERAL

Année universitaire : 2014-2015

UNIVERSITE POLYTECHNIQUE
DE BOBO-DIOULASSO (UPB)



**UNITE DE FORMATION ET DE RECHERCHE
EN SCIENCES ET TECHNIQUES**

· 01 BP 1091 Bobo-Dioulasso 01
· Tél. : (226) 20 98-51-87 Fax : (226) 20 98-25-77

Ecole Doctorale Sciences et Techniques

Laboratoire de Mathématiques et Informatique
(L.A.M.I)

**MÉMOIRE DU DIPLÔME D'ÉTUDES APPROFONDIES
(D.E.A) DE MATHÉMATIQUES APPLIQUÉES**

Option : Analyse Numérique

Spécialité : Modélisation et Calculs Scientifiques

THEME :
**MODELISATION MATHÉMATIQUE ET SIMULATION
NUMÉRIQUE DU SYSTÈME POISSON-PLANCTON EN
PRÉSENCE DE TOXINE**

Présenté par Hamidou OUEDRAOGO

Soutenu publiquement le 02 février 2017 devant le jury composé de :

Président : Monsieur Ouateni DIALLO Professeur Titulaire, USTTB, Mali

Examineur : Monsieur Aboudramane GUIRO, Maître de Conférences, UPB

Directeur de mémoire : Monsieur Sado TRAORE, Maître de Conférences, UPB

Co-directeur de mémoire : Monsieur Boureïma SANGARE, Maître-Assistant, UPB

MODELISATION MATHEMATIQUE ET
SIMULATION NUMERIQUE DU
SYSTEME POISSON-PLANCTON EN
PRESENCE DE TOXINE

OUEDRAOGO Hamidou, UFR/ST, UPB

5 mars 2017

Dédicace

Ce mémoire, mon premier écrit, je le dédie à mes parents pour leurs soutiens multi-formes et leurs encouragements à tout égard.

Les morts n'étant pas morts, je dédie également ce mémoire à ma très chère regrettée mère **OUEDRAOGO Fati**. Que son âme repose en paix parmi mes félicités célestes de l'au-delà.

Remerciements

Avant tout propos, j'oriente d'abord mes remerciements au bon **Dieu**, le tout puissant de m'avoir accordé la santé et la force pour réaliser ce mémoire.

A mon directeur de mémoire le Professeur **Sado TRAORE**, je ne saurais vous remercier assez pour vos indispensables conseils et remarques tout au long de ce mémoire. En dépit de votre emploi de temps très chargé, votre disponibilité m'a été très bénéfique.

A l'égard de mon co-directeur, le Professeur **Boureima SANGARE**, j'adresse ma profonde reconnaissance pour sa disponibilité, son jugement sur la cohérence biologique de mes travaux, pour les discussions fructueuses que nous avons mené et enfin pour la mise à disposition et sa formation sur les logiciels tels que **MATLAB**, **FreeFem ++** et **Scilab**, utilisés dans le cadre de nos simulations. Ce voyage d'étude à **Orodara** près de vous a été pour moi d'un grand intérêt pour la compréhension de mon thème. Merci Professeur d'avoir contribué énormément à la réalisation de ce mémoire.

J'exprime mes plus vifs remerciements au président du jury, aux membres du jury pour avoir consacré leurs temps si-précieux pour présider ce jury.

Mes remerciements vont aussi au grand frère **Wendkouni OUEDRAOGO**. Les mots que je peux utiliser ne peuvent refléter ses qualités scientifiques et humaines. Sa confiance en moi, ses conseils et ses suggestions me donnaient plus de force et de courage pour aller plus loin. Sa compétence scientifique ainsi que ses discussions fructueuses m'ont été d'une aide précieuse. Qu'il trouve dans ce mémoire une grande reconnaissance de ma part pour tout ce qu'il a fait pour moi.

Merci à **Bakary TRAORE** pour le sacré coup de main que tu m'as donné lorsque j'en avais tant besoin et pour les bons moments passés ensemble lors de notre sortie d'étude à **Orodara**.

Merci à mon compagnon de mémoire, **Ousmane KOUTOU**, on a commencé en même temps, partagé nos interrogations, doutes et avons essayé de nous soutenir pendant cette période. C'est toujours mieux ne pas se sentir seul, le nez dans le guidon !

Je réaffirme mes profondes reconnaissances à mes devanciers pour leurs soutiens inestimables et multiformes tout au long de la rédaction de ce mémoire sans oublier tous mes camarades de classe.

Enfin j'exprime ma gratitude à ma famille, au corps professoral de l'UPB en général et en particulier les professeurs de l'UFR/ST pour le savoir transmis de même que leurs

conseils. Puisse Dieu dans sa miséricorde garder si longtemps à mes côtés tous ceux qui de près ou de loin ont consenti d'énormes sacrifices pour la réussite de mes études.

Résumé

Notre étude porte sur la modélisation mathématique de la dynamique d'un système aquatique : le poisson-plancton (phytoplancton et zooplancton) en présence d'une substance toxique, [1, 5]. Après la construction des modèles, nous procédons à l'étude des modèles non structurés basés sur des systèmes d'EDO, singuliers, le dénominateur d'un des termes de réaction pouvant s'annuler [4, 5]. L'analyse mathématique permet d'isoler des conditions d'extinction en temps fini ou de persistance. On étend ensuite les modèles précédents au cadre avec structuration en espace, pour prendre en compte les hétérogénéités spatiales du milieu. On obtient des systèmes d'EDP du type Réaction-Diffusion singuliers [1, 4]. Une analyse approfondie donne des critères d'existence sur un intervalle de temps infini et d'existence sur un intervalle de temps fini de solution. Parallèlement, nous avons mis en place, une méthode numérique du type **Splitting** d'opérateurs dans le but de valider les modèles spatiaux et d'étudier le processus d'invasion. Les simulations numériques ont permis d'établir l'effet fondamental de la toxine produit par le phytoplancton toxique sur le zooplancton et le poisson.

Mots clés : Blooms, Dynamique des populations, analyse mathématique, simulation numérique, réaction-diffusion, hétérogénéité spatiale, système proie-prédateur, effet de toxine.

Table des matières

1	Introduction générale	7
1.1	Les biomathématiques	7
1.2	La dynamique des populations	8
1.3	Structure du mémoire	10
2	Préalables Mathématiques	12
2.1	Quelques résultats sur les EDOs	12
2.1.1	Définition	12
2.1.2	Équations aux différentielles ordinaires	13
2.1.3	Stabilité d'un équilibre	14
2.2	Quelques résultats sur les systèmes différentiels planaires	15
2.3	Problème de Cauchy	16
2.4	Quelques méthodes pour étudier les équations	18
2.4.1	Méthode de Routh – Hurwitz	18
2.4.2	Méthode de Pontriaguine	19
3	Modélisation mathématique	21
3.1	Généralités	21
3.1.1	Notions aquatiques	21
3.1.2	Présentation des modèles	23
3.2	Modèles non structurés	25
3.2.1	Modèle proie-compétiteur-prédateur en présence de substance nuisible avec subdivision de la proie	25
3.2.2	Le modèle phytoplancton-zooplancton-poisson en présence de toxine avec subdivision du Phytoplancton (P₁, P₂, Z, F)	29
3.3	Modèle avec structuration spatiale	35
3.3.1	Le modèle proie-compétiteur-prédateur en présence d'une substance nuisible avec subdivision de la Proie	35

TABLE DES MATIÈRES

4	Analyse mathématique	40
4.1	Modèles non structurés	41
4.1.1	Étude du modèle Phytoplancton-Zooplancton avec subdivision du Phytoplancton $(\mathbf{P}_1, \mathbf{P}_2, \mathbf{Z})$	41
4.1.2	L'étude du modèle phytoplancton-zooplancton-poisson en présence de toxine avec subdivision du phytoplancton $(\mathbf{P}_1, \mathbf{P}_2, \mathbf{Z}, \mathbf{F})$	46
4.2	Modèles structurés	63
4.2.1	Etude du modèle phytoplancton-zooplancton-poisson avec subdivi- sion du phytoplancton $(\mathbf{P}_1, \mathbf{P}_2, \mathbf{Z}, \mathbf{F})$	63
4.2.2	Méthode numérique du modèle phytoplancton-zooplancton-poisson avec subdivision du phytoplancton $(\mathbf{P}_1, \mathbf{P}_2, \mathbf{Z}, \mathbf{F})$	65
5	Résultats numériques	71
5.1	Modèles non structurés	71
5.1.1	Méthode numérique	72
5.1.2	Simulations numériques du modèle $(\mathbf{P}_1, \mathbf{P}_2, \mathbf{Z})$	73
5.1.3	Simulation numérique du modèle $(\mathbf{P}_1, \mathbf{P}_2, \mathbf{Z}, \mathbf{F})$	77
5.2	Modèle structuré	79
5.2.1	Répartition spatiale du système en dessous du seuil de libération de la toxine	80
5.2.2	Répartition spatiale du système sur la valeur du seuil de libération de la toxine	81
5.2.3	Répartition spatiale du système au dessus du seuil de libération de la toxine	83
6	Conclusion générale et perspectives futures de recherche	89
6.1	Bilan du travail	89
6.2	Perspectives futures de recherche	90

Chapitre 1

Introduction générale

Sommaire

1.1 Les biomathématiques	7
1.2 La dynamique des populations	8
1.3 Structure du mémoire	10

1.1 Les biomathématiques

L'apparition depuis les années 1980 de puissants moyens de calcul, leur démocratisation et leur banalisation ont entraîné l'explosion des modèles mathématiques, en particulier dans les sciences du vivant. En quelques jours, il est devenu "facile" de concevoir le modèle d'un système biologique complexe et de générer une pléiade de courbes colorées et de graphiques séduisants. Les sciences du vivant qui jusqu'alors avaient été peu mathématisées ont été atteintes de plein fouet par cette vague de nouvelles techniques mathématiques.

Les biomathématiques se définissant comme une association de deux sciences, les mathématiques et la biologie, sont constituées de l'ensemble des méthodes et techniques mathématiques, numériques et informatiques qui permettent d'étudier et de modéliser les phénomènes et processus biologiques. L'étude des phénomènes biologiques nécessite donc une collaboration des scientifiques de divers domaines (biologie, mathématiques, informatiques, épidémiologie, écologie évolutive etc). Le premier objectif dans la démarche de cette discipline est d'établir un modèle mathématique adapté au problème biologique posé. L'établissement de ces modèles peut se faire de deux manières : soit à partir des phénomènes biologiques observés, construire des modèles adaptés ou en partant de la théorie pour construire des modèles généralistes qu'il s'agira ensuite d'appliquer à des problèmes existants. La complexification du modèle entraîne inévitablement une complexification de son étude mathématique et parfois, on ne peut faire grande chose que de le simuler, et encore faut-il s'assurer quand à la véracité des résultats numériques ? Mais quelles qu'en soient les difficultés, des problèmes décrivant des phénomènes concrets restent posés et il

faut tôt ou tard les résoudre.

1.2 La dynamique des populations

La dynamique des populations est l'étude des fluctuations en nombre des populations d'animaux ou de plantes. Elle est d'une importance fondamentale en écologie car toutes les populations subissent, même à des degrés divers des variations (accroissement ou diminution) en nombre sur une courte ou longue période. Cette variation, matérialisée par les naissances et les décès, fait augmenter ou diminuer les populations chaque fois d'une unité. Son étude est donc fondamentale en écologie. Un nombre important d'auteur s'est intéressé à cette étude.

En effet, **Thomas Malthus** [5] énonça que théoriquement toute espèce a une capacité de croissance pouvant excéder une valeur moyenne observée. Cette capacité de croissance est dite croissance exponentielle ou géométrique ou Malthusienne. Selon la théorie de **Malthus** l'accroissement de la population est conventionnellement décrite par l'équation suivante :

$$\frac{\Delta N}{\Delta t} = rN$$

avec ΔN la variation en nombre, Δt la variation dépendante de la variable temps $t \geq 0$, r le taux d'accroissement et N le nombre d'individu dans la population.

Dans un milieu où les ressources sont disponibles et illimitées pour chaque individu, une telle croissance infinie est possible. Cette situation ne peut pas s'appliquer au cas des grands mammifères à des périodes ou saisons de reproduction si bien que la croissance se fait par étape jusqu'à atteindre un nombre maximal K d'individus que le milieu peut supporter. Dans ce cas l'accroissement de la population est contrôlé par des facteurs dits de densité dépendante tels que la nourriture, l'espace, etc. Dans ce cas la formule proposée par **Malthus** devient :

$$\frac{\Delta N}{\Delta t} = rN \left(1 - \frac{N}{K}\right)$$

où K est le nombre maximal d'individus que le milieu peut supporter. On remarque que si N tend vers K alors $\frac{N}{K}$ tend vers 1 ; autrement dit, quand la population s'agrandit par rapport à K son taux de croissance diminue ou devient nul. Cette nouvelle fonction dont la croissance est limitée par des facteurs de densités dépendantes est appelée fonction de croissance logistique. Cette fonction de croissance logistique est très utile car elle traduit le phénomène de l'accroissement réel de la population faunique malgré diverses interactions entre les prédateurs et les proies qui y existent.

Lotka – Volterra [5] proposa un modèle proie-prédateur régissant la dynamique entre la population et de sa ressource par le système ordinaire à deux équations différentielles suivantes :

$$\begin{cases} \frac{dN}{dt} = N(r - aN) \\ \frac{dP}{dt} = P(acN - d) \end{cases} \quad (1.2.1)$$

1.2. LA DYNAMIQUE DES POPULATIONS

avec $r, a, c, d > 0$ où r est le taux de croissance de la population de proie en l'absence de prédateurs, a est le taux d'attaque des prédateurs ou nombres de proies consommées par prédateur par unité de temps, c le taux de conversion de la quantité de proies consommées en effectif de prédateurs et d est le taux de mortalité des prédateurs en l'absence de proie. En outre, **Yodzis** [4, 5] généralise le système proie-prédateur dans (1.2.1) par :

$$\begin{cases} \frac{dN}{dt} = f(N) - PF(N, P) \\ \frac{dP}{dt} = PG(N, P) \end{cases} \quad (1.2.2)$$

où N et P désignent respectivement les densités de proies et de prédateurs.

Dans ce système généralisé, trois fonctions sont à spécifier :

- $f(N)$: le taux de croissance de la population de proie en l'absence de prédateurs,
- $F(N, P)$: la réponse fonctionnelle du prédateur, c'est-à-dire le nombre de proies consommées par unité de temps par un prédateur,
- $G(N, P)$: la réponse numérique du prédateur décrivant la production de prédateurs, c'est-à-dire le taux de conversion de la proie en prédateur.

De façon générale, **Rosenzweig – MacArthur** [5] propose un modèle prédateur-proie de la manière suivante :

$$\begin{cases} \frac{dX}{dt} = \varphi(X) - f(X)X \\ \frac{dY}{dt} = cf(X)Y - dY \end{cases} \quad (1.2.3)$$

avec f et φ des fonctions définies par :

$$\varphi(X) = eX \left(1 - \frac{X}{K_c}\right) \quad \text{et} \quad f(X) = b \frac{X}{X_h + X}.$$

La fonction φ est appelée logistique et le paramètre e est la croissance intrinsèque correspondant au taux de croissance à faible densité ($X \ll K_c$). La constante K_c est la capacité de charge et correspond à la quantité maximale que peut accueillir le milieu. Autrement dit, lorsqu'il n'y a pas de prédation, la densité de proie converge vers cette valeur. Dans ce cas le modèle de **Lotka – Volterra** [5] a des limites puisque selon ce modèle, la densité de la population de proie croît vers l'infini en temps infini, ce qui n'a pas de sens biologiquement.

La fonction f est appelée généralement fonction réponse et avec une faible densité de proie, elle est linéaire et quasi constante lorsque nous sommes à une forte densité.

Biologiquement, la fonction f peut être perçue de la manière suivante : On considère qu'un prédateur chasse ses proies avec un taux d'attaque ρ et peut les manger avec une vitesse ν , admettons ensuite qu'il fasse ses deux opérations séparément. On peut imaginer qu'il utilise une fraction de temps λ à chasser sa proie et donc $1 - \lambda$ temps pour le manger. Comme il doit manger exactement ce qu'il a chassé, on aura :

$$(1 - \lambda)\nu = \lambda\rho X \quad \Rightarrow \quad \lambda = \frac{\nu}{\rho X + \nu}.$$

Et par conséquent la quantité de proie ingérée par unité de temps est :

$$\lambda \varrho X = \frac{\nu}{\varrho} X (\varrho X + \nu) = \nu \frac{X}{X + (\frac{\nu}{\varrho})}$$

Revenons maintenant au modèle et plus précisément aux questions que l'on peut se poser une fois celui-ci établi. Une première interrogation peut-être : est-ce que le problème est bien défini ? dans ce sens y a-t-il existence et unicité des solutions ? (ceci intéresse probablement plus les mathématiciens que les biologistes). Pour certains modèles établis, par des équations aux dérivées ordinaires, on peut vite les résoudre en utilisant certains théorèmes comme par exemple, le théorème de **Cauchy – Lipschitz**, [1, 5].

On peut également se poser certaines questions du type : le modèle est-il borné ou réciproquement peut-il avoir des valeurs qui tendent vers l'infini ? Quel est ou quels sont le ou les comportement(s) asymptotique(s) du modèle ? y'a t-il des équilibres ? Ces équilibres sont-ils stables ? etc.

Pour les biologistes, c'est probablement la pertinence du modèle qui les intéresse plus. Les résultats mathématiques ou numériques sont-ils conformes aux observations biologiques ? Est-ce possible d'obtenir certains paramètres intervenant dans le modèle grâce à des méthodes d'optimisation ? Si tel est le cas pour les biologistes, pour le numéricien, il s'intéressera aux questions suivantes : le schéma utilisé pour les simulations est-il convergent ? Y a-t-il pas d'autres qui sont meilleurs ? Les préoccupations que évoquent les numériciens ont vraiment des mérites puisque, pour de très gros modèles, les simulations numériques peuvent être très coûteuses en temps.

Dans le cadre de ce mémoire, nous nous intéressons à la dynamique d'une population de poisson et de sa ressource qui est le plancton en présence d'une substance toxique avec les différentes floraisons qui s'y effectuent. L'objectif fondamental de ce travail est d'établir et d'étudier un modèle régissant la dynamique du système poisson-plancton en tenant compte de la toxine libérée par le plancton végétal (le phytoplancton). Pour mieux comprendre le comportement de la dynamique dans son ensemble, nous allons regarder des modèles non structurés et des modèles structurés.

Signalons que depuis ces dernières décennies, l'effet de la toxine produite par le phytoplancton en milieu marin est d'une grande préoccupation pour de nombreux chercheurs [1, 10]. Et de nombreux modèles ont été conçus pour expliquer ces phénomènes. Notre étude s'inscrit dans cette optique de recherche de l'effet de la toxine.

1.3 Structure du mémoire

Ce mémoire est structuré de la manière suivante.

Après ce chapitre introductif dans lequel nous avons présenté la problématique biologique qui a motivé l'étude de ces phénomènes de la dynamique des populations, nous allons restreindre le chapitre 2 aux rappels de quelques outils mathématiques indispensables à l'étude des modèles que nous allons construire.

1.3. STRUCTURE DU MÉMOIRE

Pour ce qui concerne le chapitre 3, nous présentons les différents modèles. Partant des modèles généralistes proie-compétiteur-prédateur en présence d'une substance nuisible avec une subdivision de la population de la proie, nous allons construire le modèle phytoplancton non toxique-phytoplancton toxique-zooplancton-poisson en présence de toxine. Pour y parvenir, nous procédons à l'établissement de quelques modèles intermédiaires en présentant dans chaque cas deux types de modèles, l'un faiblement structuré et l'autre avec une structuration spatiale. Pour les constructions, nous allons d'abord établir le modèle phytoplancton-zooplancton en présence de toxine et le modèle phytoplancton-zooplancton-poisson en présence de toxine. Ensuite, comme le phytoplancton est subdivisé en deux types (phytoplancton non toxique et phytoplancton toxique), nous allons construire le modèle phytoplancton non toxique-phytoplancton toxique-zooplancton en présence de toxine et le modèle phytoplancton-zooplancton-poisson en présence de toxine avec subdivision du phytoplancton.

Dans le chapitre 4, il est question d'une étude mathématique des modèles établis. Nous sommes appelés à vérifier principalement l'existence et l'unicité locale ou globale des solutions.

Par ailleurs, le chapitre 5 présente les résultats obtenus lors de nos simulations numériques confirmant ainsi les résultats de l'analyse mathématique.

Enfin, le chapitre 6 est consacré à la conclusion et aux perspectives futures de recherche.

Chapitre 2

Préalables Mathématiques

Dans ce chapitre, nous ferons essentiellement un rappel sur les résultats mathématiques qui serviront à l'analyse mathématique de nos différents modèles

Sommaire

2.1	Quelques résultats sur les EDOs	12
2.1.1	Définition	12
2.1.2	Équations aux différentielles ordinaires	13
2.1.3	Stabilité d'un équilibre	14
2.2	Quelques résultats sur les systèmes différentiels planaires . .	15
2.3	Problème de Cauchy	16
2.4	Quelques méthodes pour étudier les équations	18
2.4.1	Méthode de Routh – Hurwitz	18
2.4.2	Méthode de Pontriaguine	19

2.1 Quelques résultats sur les EDOs

2.1.1 Définition

Définition. 2.1.1 Soient I un intervalle de \mathbb{R} , X un espace de **Banach** et U_1, \dots, U_k des ouverts de X . Une équation différentielle sur l'espace de **Banach** X est une équation de la forme :

$$H(t, y, y', \dots, y^{(k)}) = 0, \quad (2.1.1)$$

où k est un entier non nul appelé l'ordre de l'équation, H est une fonction donnée de $k + 2$ variables supposées régulières sur $I \times U_1 \times U_2 \times \dots \times U_k$, y est la fonction inconnue de I dans l'espace de **Banach** X et $y', \dots, y^{(k)}$ sont ses dérivées successives. Le problème est de trouver un intervalle ouvert I de \mathbb{R} et une fonction $y : t \mapsto y(t)$ dérivable sur cet intervalle jusqu'à l'ordre k et vérifiant l'équation (2.1.1) pour tout $t \in I$.

2.1. QUELQUES RÉSULTATS SUR LES EDOS

Remarque. 2.1.1 L'équation (2.1.1) est de la forme générale. Il est plus pratique de travailler avec les équations plus particulières dites du type explicite, pour lesquelles il existe une fonction G régulière sur $I \times U_1 \times U_2 \times \dots \times U_{k-1}$ tel que

$$x^{(k)} = G(t, y, y', \dots, y^{(k-1)}). \quad (2.1.2)$$

2.1.2 Équations aux différentielles ordinaires

Considérons le système différentiel ordinaire suivant :

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = g(x, t), \\ x(t_0) = x_0 \end{cases} \quad (2.1.3)$$

avec $x \in \mathbb{R}^n$ et $g \in C^0(\mathbb{R}^n \times \mathbb{R}^+, \mathbb{R}^n)$.

On a les définitions suivantes :

- Le système (2.1.3) est dit autonome si la fonction g ne dépend pas explicitement du temps. Autrement dit, si la fonction g ne dépend pas explicitement du temps, le système (2.1.3) s'écrit alors :

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = g(x), \\ x(0) = x_0 \end{cases} \quad (2.1.4)$$

et non-autonome dans le cas contraire.

- Le système (2.1.3) est dit linéaire si $g(x, t) = M(t)x$ où $M(t)$ est une matrice carrée d'ordre n et non linéaire sinon.

Théorème. 2.1.1 (EXISTENCE ET UNICITÉ DES SOLUTIONS LOCALES) *Supposons que la fonction g soit continue par rapport à t et satisfait à la condition*

$$\|g(x_2, t) - g(x_1, t)\| \leq \|x_2 - x_1\|, \quad \forall x_1, x_2 \in B = \{x \in \mathbb{R}^n : \|x - x_0\| \leq \rho\}, \quad \forall t \in [t_0, t_1].$$

Alors il existe $\alpha > 0$ tel que le système (2.1.3) ait une unique solution sur $[t_0, t_0 + \alpha]$.

Théorème. 2.1.2 (Cauchy – Lipschitz) [5] *Supposons que la fonction g soit continue par rapport à t et satisfait la condition*

$$\|g(x_2, t) - g(x_1, t)\| \leq L\|x_2 - x_1\|, \quad \forall t \in [t_0, t_1],$$

alors le système (2.1.1) admet une unique solution sur $[t_0, t_1]$.

2.1.3 Stabilité d'un équilibre

On dira que x^* est un point d'équilibre du système (2.1.3) si $g(x^*, t) = 0, \forall t \geq 0$.

On a les définitions suivantes :

- On dira que x^* est un point d'équilibre stable si :

$\forall \eta > 0, \forall t_0 \in \mathbb{R}^+, \exists \alpha(t_0, \eta) > 0$ tel que

$$\forall x, \|x - x^*\| < \alpha(t_0, \eta) \implies \forall t \geq 0, \|g(t + t_0, t_0, x) - x^*\| < \eta$$

où q est la solution du système (2.1.1).

Dans le cas où on peut choisir α indépendamment de t_0 alors le point d'équilibre x^* est dit uniformément stable. Un point d'équilibre qui n'est pas stable est dit instable.

- Un point d'équilibre x^* est dit asymptotiquement stable s'il est uniformément stable et s'il existe un réel strictement positif $\Upsilon(t_0)$ tel que

$$\|x - x^*\| < \Upsilon(t_0) \implies \|q(t + t_0, t_0, x) - x^*\| \rightarrow 0 \text{ lorsque } t \rightarrow +\infty.$$

Toujours dans le cadre des notions de stabilité, nous allons maintenant énoncer le théorème de **Lyapunov** sur les questions de stabilité des équilibres des systèmes dynamiques. Pour ce faire nous donnerons quelques définitions :

- Une fonction $\phi : \mathbb{R}^+ \rightarrow \mathbb{R}^+$ est dite de classe k si elle est continue, strictement croissante et $\phi(0) = 0$.

- Une fonction $V : \mathbb{R}^+ \times \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$ est dite définie positive si elle est continue,

$V(t, 0) = 0, \forall t \geq t_0$ et $\exists \rho > 0, \phi$ de classe k telles que

$\phi(\|x\|) \leq V(t, x), \forall t \geq t_0, \forall x \in B_\rho = \{\|x\| < \rho\}$ (La boule ouverte de \mathbb{R}^n de centre 0 et de rayon ρ).

La fonction V sera dite définie négative si $-V$ est définie positive.

- On dira que V est radialement non borné si pour une certaine fonction continue

$\psi : \mathbb{R}^+ \rightarrow \mathbb{R}^+$ de classe k , telle que $\psi(\rho) \rightarrow 0$ quand $\rho \rightarrow \infty$ et on a

$$\psi(\|x\|) \leq V(t, x), \forall t \geq t_0, \forall x \in \mathbb{R}^n.$$

- On dira que V est décroissante au sens de **Lyapunov** s'il existe une constante $r > 0$ et une fonction $\psi : \mathbb{R}^+ \rightarrow \mathbb{R}^+$ de classe k , telles que

$$V(t, x) \leq \psi(\|x\|), \forall t \geq t_0, \forall x \in B_r.$$

Théorème. 2.1.3 (Lyapunov) : Supposons que x^* est un point d'équilibre du système (2.1.1) et soit $V(t, x)$ une fonction de classe C^1 définie positive telle que

$$V(t, x) = \frac{\partial V(t, x)}{\partial t} + \sum_i \frac{\partial V(t, x)}{\partial x_i} g_i(t, x).$$

On a les situations suivantes :

(i) Si $V(t, x) \leq 0, \forall t \geq t_0, \forall x \in B_\rho$, alors x^* est stable.

(ii) Si $V(t, x)$ est définie positive et décroissante et si $V(t, x) \leq 0, \forall t \geq t_0, \forall x \in B_\rho$, alors x^* est uniformément stable.

2.2. QUELQUES RÉSULTATS SUR LES SYSTÈMES DIFFÉRENTIELS PLANAIRES

(iii) Si $V(t, x)$ est définie positive, décroissante et $V(t, x)$ est définie négative, alors x^* est uniformément asymptotiquement stable.

(vi) Si $V(t, x)$ est définie positive, décroissante sur \mathbb{R}^n , radialement non borné et $V(t, x)$ est définie négative sur \mathbb{R}^n , alors x^* est globalement uniformément asymptotiquement stable.

2.2 Quelques résultats sur les systèmes différentiels planaires

Considérons le système suivant :

$$\begin{cases} \frac{dx_1}{dt} = f_1(x_1, x_2), \\ \frac{dx_2}{dt} = f_2(x_1, x_2) \end{cases} \quad (2.2.5)$$

Nous pouvons réécrire le système de la manière suivante : $\frac{dx}{dt} = f(x)$
avec

$$x = \begin{pmatrix} x_1 \\ x_2 \end{pmatrix}$$

et

$$f = \begin{pmatrix} f_1 \\ f_2 \end{pmatrix}$$

où f est suffisamment régulière et f_1, f_2 continûment différentiables.

Un premier résultat est le critère de **Dulac**.

Proposition. 2.2.1 (Critère de Dulac) , [5] Soit Ω un ouvert simplement connexe du plan.

Si

$$\frac{\partial F}{\partial x} + \frac{\partial G}{\partial y}$$

n'est pas identiquement nul sur Ω et que

$$\frac{\partial F}{\partial x} + \frac{\partial G}{\partial y}$$

est du signe constant sur Ω , alors le système (2.2.5) n'admet pas d'orbites fermés.

Ce critère nous permet d'avoir une première information sur les solutions du système (2.2.5).

Pour étudier la dynamique en temps long des solutions du système (2.2.5) on utilise le théorème de **Poincaré – Bendixson**, [5].

2.3. PROBLÈME DE CAUCHY

Théorème. 2.2.1 (Poincaré – Bendixson), [5] *Supposons qu'une orbite $x(x_0, t) \geq 0$ du système (2.2.5) est bornée, alors une des assertions suivantes est vraie :*

- (a) *L'ensemble ω -limite $\omega(x_0)$ est un singleton \bar{x} avec \bar{x} état stationnaire du système, de plus, la solution $\varphi(t, x_0)$ vérifie $\varphi(t, x_0) \rightarrow \bar{x}$ quand $t \rightarrow +\infty$.*
- (b) *$\omega(x_0)$ est une orbite périodique Λ et soit on a $x(x_0, t) \geq 0 = \omega(x_0) = \Lambda$, soit l'orbite $x(x_0, t \geq 0)$ décrit une spirale qui tend vers ω lorsque $t \rightarrow +\infty$.*
- (c) *$\omega(x_0)$ est constitué des états stationnaires du système (2.2.5) et d'orbite ayant des états stationnaires pour ensemble β -limite et ω -limite.*

Remarque. 2.2.1 *Sous les hypothèses du théorème (2.1.3), si le critère de Dulac s'applique, alors seul le cas (a) reste possible pour le système (2.2.5).*

2.3 Problème de Cauchy

Soit A un opérateur linéaire non borné, fermé et de domaine $D(A)$ dense dans un espace de **Banach** X .

On considère le problème suivant : trouver u tel que

$$\begin{cases} \frac{du}{dt} = Au(t) + f(t) \\ u(0) = u_0 \end{cases} \quad (2.3.6)$$

où u_0 et f sont donnés.

Le problème ci-dessus (2.3.6) est connu sous le nom du problème de **Cauchy**.

Remarque. 2.3.1 *Lorsque $f = 0$ dans le système (2.3.6) le problème de Cauchy est dit homogène.*

Théorème. 2.3.1 *Soit $(A, D(A))$ le générateur infinitésimal d'un C_0 semi-groupe $(T(t))_{t \geq 0}$ sur l'espace de **Banach** X . Pour tout $u_0 \in D(A)$, le problème de Cauchy*

$$\begin{cases} \frac{du}{dt} = Au(t) + f(t) \\ u(0) = u_0 \end{cases} \quad (2.3.7)$$

admet une unique solution $u : \mathbb{R}^+ \rightarrow D(A)$. $u(\cdot)$ et de classe C^1 de $\mathbb{R}^+ \rightarrow X$. De plus, $u(t) = T(t)u_0$.

Remarque. 2.3.2 *Lorsque $f \neq 0$ dans le système (2.3.6) le problème de Cauchy est dit non homogène.*

Définition. 2.3.1 *Soit $u_0 \in D(A)$ et $s, f \in L^1(0, T, X)$. La fonction $u \in C(0, T, X)$ définie par :*

$$u(t) = T(t)u_0 + \int_0^t T(t-s)f(s)ds, 0 \leq t \leq T \quad (2.3.8)$$

2.3. PROBLÈME DE CAUCHY

Définition. 2.3.2 Une fonction $u : [0, T] \rightarrow X$ est solution classique du problème (2.3.6) sur l'intervalle $[0, T]$, si u est continue de $[0, T] \rightarrow X$, $u(t) \in D(A)$ pour tout $t \in]0, T[$ et u est de classe C^1 sur $]0, T[$ et satisfait les équations de (2.3.6) pour tout $t \in]0, T[$.

Théorème. 2.3.2 Soit A le générateur infinitésimal d'un C_0 semi-groupe $(T(t))_{t \geq 0}$

- (i) Si $f \in L^1(0, T, X)$, alors pour tout $u_0 \in X$, le problème (2.3.6) admet au plus une solution. Si cette solution existe alors elle est donnée par (2.3.8).
- (ii) Soit $f \in L^1(0, T, X)$ et f est continue sur $]0, T[$. Si $f(s) \in D(A)$ pour tout $0 < s < T$ et $Af(s) \in L^1(0, T, X)$, alors pour tous $s \in D(A)$, le problème (2.3.6) admet une solution classique $u(\cdot)$ sur $[0, T[$.
- (iii) Si f est de classe C^1 de $[0, T]$ vers X , alors le problème (2.3.6) admet une solution classique $u(\cdot)$ sur $[0, T]$ pour tout $u_0 \in D(A)$.

Nous avons vu que si l'on exige plus de régularité sur le terme non linéaire du problème (2.3.6), on obtiendra plus de régularité sur la solution de ce problème lorsque l'opérateur A est le générateur infinitésimal d'un C_0 semi-groupe. Dans le cas où A est le générateur infinitésimal d'un semi-groupe analytique, nous avons des résultats de régularité plus forts. Nous résumons ces résultats dans ce qui suit après avoir donné la définition d'une fonction **Hölderienne**.

Définition. 2.3.3 Soit I un intervalle.

- On dit qu'une fonction $f : I \rightarrow X$ est **Hölderienne** d'exposant θ , $0 < \theta < 1$ sur I s'il existe une constante L telle que

$$\|f(t) - f(s)\| \leq L|t - s|^\theta \text{ pour tout } s, t \in I.$$

- f est dit localement **Hölderienne** sur I si pour $t \in I$, il existe un voisinage de t dans lequel f est **Hölderienne**.

L'ensemble des fonctions **Hölderienne** sur I , d'exposant θ , est noté $C^\theta(I : X)$.

Corollaire. 2.3.1 Soit A le générateur infinitésimal d'un semi-groupe analytique $T(t)$. Si $f \in L^1(0, T, X)$ est localement **Hölderienne** sur $]0, T]$, alors pour tout $u_0 \in X$, le problème (2.3.6) admet une solution.

Théorème. 2.3.3 Soit A le générateur infinitésimal d'un semi-groupe analytique $T(t)$ et soit $f \in C^0([0, T] : X)$. Si f est solution du problème de **Cauchy** (2.3.6) alors :

- (i) Pour tout $\varsigma > 0$, $Au \in C^0([\varsigma, T] : X)$.
- (ii) Si $u_0 \in D(A)$ alors Au et $\frac{du}{dt}$ sont continus sur $[0, T]$.
- (iii) Si $u_0 = 0$ et $f(0) = 0$ alors Au et $\frac{du}{dt} \in C^0([0, T])$.

2.4. QUELQUES MÉTHODES POUR ÉTUDIER LES ÉQUATIONS

Un autre type de problème que nous rappelons ici est le problème aux équations semi-linéaires, c'est à dire les équations suivantes :

$$\begin{cases} \frac{du(t)}{dt} + Au(t) = f(t, u(t)), & t > 0 \\ u(0) = u_0 \end{cases} \quad (2.3.9)$$

Nous nous contentons pour ce type d'équations de donner un résultat d'existence local dans le cas où $(-A)$ génère un semi-groupe compact.

Théorème. 2.3.4 *Soit X un espace de Banach et $U \subset X$ un ouvert. Soit $(-A)$ le générateur infinitésimal d'un semi-groupe compact $T(t)$, $t \geq 0$. Si $0 < a \leq \infty$ et $f : [0, a[\times U \rightarrow X$ est continue alors pour tout $u_0 \in U$ il existe $t_1 = t_1(u_0)$, $0 < t_1 < a$ tel que le problème (2.3.9) admet une solution $u \in C([0, t_1], U)$.*

2.4 Quelques méthodes pour étudier les équations caractéristiques

Dans cette partie nous exposons quelques méthodes pour étudier des équations caractéristiques provenant des équations différentielles ordinaires. Nous commençons par rappeler la méthode de **Sturm**, [1] permettant de localiser les racines d'une équation polynomiale. Nous présentons ensuite la méthode de **Routh – Hurwitz**, [1] qui donne des conditions nécessaires et suffisantes de stabilité d'une équation polynomiale. Enfin, nous présentons la méthode de **Pontriaguine**, [1] qui est une généralisation du résultat de **Routh – Hurwitz**. La méthode de **Pontriaguine** concerne les équations quasi-polynomiales.

2.4.1 Méthode de Routh – Hurwitz

Le critère de **Routh – Hurwitz** donne des conditions nécessaires et suffisantes pour que tous les zéros du polynôme

$$P(x) = a_0 x^n + a_1 x^{n-1} + \dots + a_n,$$

$a_0 \neq 0$ et $a_i \in \mathbb{R}$, $i = \overline{0, n}$ soient à partie réels négatifs.

Nous nous contenterons de donner le résultat dans le cas des équations caractéristiques provenant de la linéarisation de systèmes ordinaires. Ainsi, nous avons le critère de **Routh – Hurwitz** suivant :

Toutes les racines de l'équation

$$x^n + a_1 x^{n-1} + \dots + a_n = 0$$

2.4. QUELQUES MÉTHODES POUR ÉTUDIER LES ÉQUATIONS

ont des partie réel négative si et seulement si les inégalités suivantes sont satisfaites

$$a_1 > 0, \begin{vmatrix} a_1 & a_3 \\ 1 & a_2 \end{vmatrix} > 0, \dots, \begin{vmatrix} a_1 & a_3 & a_5 & \cdots & 0 \\ 1 & a_2 & a_4 & \cdots & 0 \\ 0 & & a_3 & & \vdots \\ \vdots & & & \ddots & \\ 0 & & & & a_n \end{vmatrix} > 0 \quad (2.4.10)$$

Exemple

- si $n = 3$, l'équation s'écrit

$$x^3 + a_1x^2 + a_2x + a_3 = 0.$$

Dans ce cas les conditions (2.4.10) s'écrivent

$$a_1 > 0, \quad a_1a_2 - a_3 > 0, \quad a_3 > 0$$

- Si $n = 4$, l'équation s'écrit

$$x^4 + a_1x^3 + a_2x^2 + a_3x + a_4 = 0.$$

Dans ce cas les conditions (2.4.10) s'écrivent

$$a_1 > 0, \quad a_1a_2 - a_3 > 0, \quad a_1(a_2a_3 - a_1a_4) - a_3^2 > 0, \quad a_4 > 0.$$

2.4.2 Méthode de Pontriaguine

La méthode de **Pontriaguine** concerne des équations de type quasi-polynômiales ; c'est à dire des équations de la forme

$$h(z, e^z) = 0$$

où $h(x, y)$ est un polynôme en x et y . Nous commencerons par donner des définitions qui nous seront utiles dans la suite.

Définition. 2.4.1 Soit $f(z, u, v)$ un polynôme en z, u et v , que nous écrivons sous la forme

$$f(z, u, v) = \sum_{m,n} z^m \Phi_m^n(u, v),$$

$m, n \in \mathbb{N}$ où $\Phi_m^n(u, v)$ est un polynôme de degré n , homogène en u et v . On appelle terme principal dans le polynôme $f(z, u, v)$ le terme $z^r \Phi_r^s(u, v)$ tel que : pour les termes $\Phi_m^n(u, v)$ de $f(z, u, v)$ on ait soit

$$r > m \text{ et } s > n \text{ ou } r = m \text{ et } s > n \text{ ou } r > m \text{ et } s = n.$$

2.4. QUELQUES MÉTHODES POUR ÉTUDIER LES ÉQUATIONS

Remarque. 2.4.1 Évidemment il existe des fonctions quasi-polynômiales qui n'admettent pas de terme principal.

Nous introduisons les notations suivantes avant de rappeler les résultats dûs à **Pontriaguine** : Soit $z^r \Phi_r^s(u, v)$ le terme principal de $f(z, u, v)$. On note par :

$$\Phi_m^{*s}(u, v) = \sum_{n \leq m} \Phi_r^n(u, v)$$

et on note aussi

$$\Phi_m^{*s}(z) = \Phi^{*s}(\cos z, \sin z).$$

Théorème. 2.4.1 Soit $f(z, u, v)$ un polynôme et soit $z^r \Phi_r^s(u, v)$ son terme principal. Si ε est tel que $\Phi^{*s}(\varepsilon + iy)$ est différent de zéro pour tous $y \in \mathbb{R}$, alors dans la bande $-2k\pi \leq x \leq 2k\pi$, $z = x + iy$, la fonction $F(z, \cos z, \sin z)$ possède exactement $(4sk + r)$ zéros pour toute valeur assez grande de k . Ainsi, pour que toutes les racines de la fonction $F(z)$ soient réelles il faut et il suffit qu'elle admette $4sk + r$ racines réelles dans la bande $-2k\pi \leq x \leq 2k\pi$ pour k assez grand.

Afin d'annoncer le théorème principal de **Pontriaguine**, nous énonçons la définition suivante :

Définition. 2.4.2 Soient $p(y)$ et $q(y)$ deux fonctions à variable réelle. On dit que les zéros de ces fonctions sont alternés si tous les zéros $p(y)$ et $q(y)$ sont simples, si entre deux zéros de l'une il existe au moins un zéro de l'autre et si les fonctions $p(y)$ et $q(y)$ ne s'annulent pas simultanément.

Théorème. 2.4.2 Soit $H(z) = h(z, e^z)$, où $h(z, t)$ est un polynôme en z et en t et admettant un terme principal. On sépare la fonction $H(iy)$ en partie réelle et imaginaire :

$$H(iy) = F(y) + iG(y).$$

Si tous les zéros de la fonction $H(z)$ sont à partie réelle négative, alors les zéros des fonctions $F(y)$ et $G(y)$ sont réels, alternés et on a :

$$G'(y)F(y) - G(y)F'(y) > 0. \quad (2.4.11)$$

pour tout y . De plus, pour que tous les zéros de $H(z)$ soient à partie réelle négative, il suffit que l'une des conditions suivantes soit satisfaite :

- Tous les zéros de $F(y)$ et $G(y)$ sont réels, alternés et l'inégalité (2.4.11) est satisfaite pour au moins une valeur de y .
- Tous les zéros de $F(y)$ sont réels et pour chaque zéro $y = y_0$, la condition (2.4.11) est satisfaite ; c'est à dire : $F'(y_0)G(y_0) < 0$.
- Tous les zéros de $G(y)$ sont réels et pour chaque zéro $y = y_0$, l'inégalité (2.4.11) est satisfaite ; c'est à dire $G'(y)F(y_0) > 0$.

Chapitre 3

Modélisation mathématique

Dans ce chapitre, il s'agit de modéliser mathématiquement un système biologique. Pour cela, nous partirons des modèles généralistes afin d'établir notre modèle proprement dit.

Sommaire

3.1 Généralités	21
3.1.1 Notions aquatiques	21
3.1.2 Présentation des modèles	23
3.2 Modèles non structurés	25
3.2.1 Modèle proie-compétiteur-prédateur en présence de substance nuisible avec subdivision de la proie	25
3.2.2 Le modèle phytoplancton-zooplancton-poisson en présence de toxine avec subdivision du Phytoplancton ($\mathbf{P}_1, \mathbf{P}_2, \mathbf{Z}, \mathbf{F}$)	29
3.3 Modèle avec structuration spatiale	35
3.3.1 Le modèle proie-compétiteur-prédateur en présence d'une sub- stance nuisible avec subdivision de la Proie	35

3.1 Généralités

3.1.1 Notions aquatiques

Le plancton est l'ensemble des êtres vivants animaux et végétaux évoluant dans le milieu marin et ne pouvant pas lutter contre les courants.

Sous forme d'algues bleues microscopiques (cyanobactéries), le plancton existe sur terre depuis les balbutiements de la vie; il y a près de 3,8 milliards d'années.

On les trouve aussi bien dans les eaux douces marines que saumâtres (mélange d'eau douce et d'eau salée comme par exemple les estuaires).

Le plancton est également présent dans les endroits les plus surprenants tels que les em-bruns, les mares, les lavoirs et les fontaines; on en trouve même dans les suintements de

3.1. GÉNÉRALITÉS

roches.

La majorité du plancton est invisible à l'œil nu. En effet, sa taille varie de 0,2 micromètre, pour certains virus et bactéries, à 200 micromètres.

Le plancton se compose de deux types : le zooplancton (plancton animal) et le phytoplancton (plancton végétal).

- Le zooplancton est constitué par l'ensemble des organismes hétérotrophes : incapables de synthétiser la matière organique. Il est essentiellement représenté par les copépodes (jusqu'à 80 pourcent). Le zooplancton joue un rôle très important dans le réseaux trophiques non seulement parce qu'il représente une source de nourriture importante pour les poissons et pour les invertébrés prédateurs, mais parce qu'il mange intensivement les algues, les bactéries, les protozoaires et autres invertébrés.
- Le phytoplancton est composé principalement d'algues ciliées unicellulaires et microscopiques appelées diatomées. Il regroupe un ensemble d'organismes autotrophes photosynthétiques capables de produire la matière organique à partir de l'eau, du CO_2 , des nutriments minéraux et de l'énergie lumineuse.

La figure (3.1) donne quelques images microscopiques sur le plancton



FIGURE 3.1 – Le plancton animal

Cependant, nous ne saurons parler du plancton dans le milieu aquatique sans évoquer la population de poisson. Le poisson est un vertébré qui respire par des branchies, se déplace à l'aide de nageoires et possède une température corporelle qui n'est pas constante. Il est aussi connu comme le maître de l'élément particulier qui est l'eau, donc le principal prédateur sur les différentes composantes du plancton. Ce qui fait du poisson l'acteur principal de la chaîne alimentaire aquatique.

La figure (3.2) ci-dessous décrit la chaîne alimentaire en milieu aquatique.

3.1. GÉNÉRALITÉS

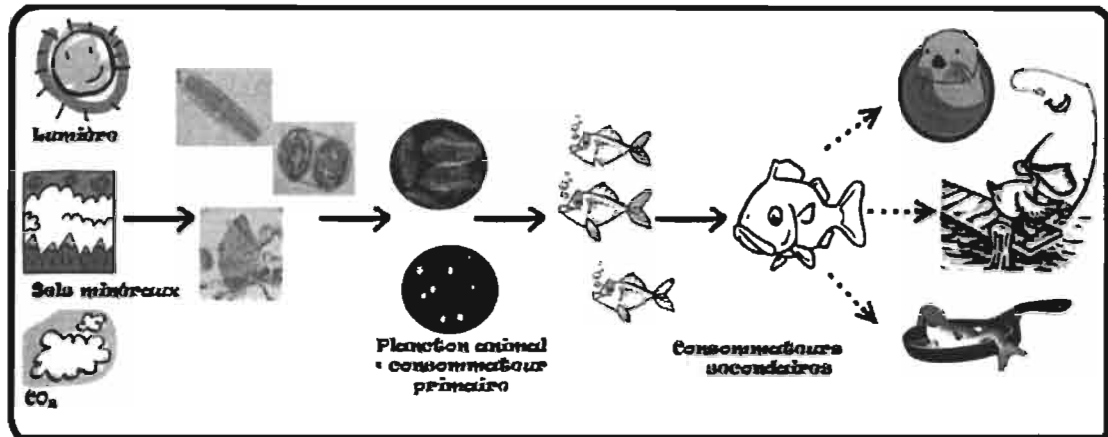


FIGURE 3.2 – Chaîne alimentaire aquatique

3.1.2 Présentation des modèles

La modélisation de l'évolution dans le temps d'une population de densité N est donnée de façon générale par la relation suivante :

$$N(t + \Delta t) = N(t) + A + I - E - M$$

avec :

- A est le nombre de nouveau nés,
- I représente le nombre d'individu se déplaçant dans cette population,
- E est le nombre d'individu quittant cette population,
- M est le nombre d'individu mort dans cette population. L'inégalité

$$A + I > E + M$$

décrit la croissance de cette population tandis que la population décroît lorsque

$$A + I < E + M.$$

Ainsi la contrainte principale de notre modélisation est la conservation de la positivité. Une population de densité initiale positive doit conserver une densité positive au cours du temps. Nous allons présenter dans la suite quelques types de croissance démographiques fréquemment utilisée en dynamique de population.

L'écriture générique de ces modèles continus est la suivante :

$$\frac{dN}{dt} = Ng(N) \tag{3.1.1}$$

avec $N(0) = N_0 > 0$ où N_0 est la densité de la population initiale et $g(N)$ une fonction polynomiale en P communément appelée taux de croissance.

3.1.2.1 Croissance exponentielle/Croissance Malthusienne

C'est le modèle de croissance le plus simple, proposé par **Malthus**, [5] en 1798. On part du principe que toute population tend à croître géométriquement en densité. En considérant une population qui se reproduit avec un taux de fertilité a et qui meurt avec un taux de mortalité m et en posant $\delta = a - m$, ce modèle exponentiel se caractérise par un taux de croissance intrinsèque constant :

$$g(N) = \delta \quad (3.1.2)$$

L'équation (3.1.1) et (3.1.2) a pour solution $N(t) = N_0 e^{\delta t}$. Selon la valeur de δ , on a les comportements asymptotiques suivants :

- si $\delta > 0$, la population croît exponentiellement vers une densité infinie, i.e $N(t) \rightarrow +\infty$ quand $t \rightarrow +\infty$.
- si $\delta = 0$ la population reste à densité constante i.e $N(t) = N_0 \forall t \geq 0$.
- si $\delta < 0$ la population décroît exponentiellement vers une densité nulle, i.e $N(t) \rightarrow 0$ quand $t \rightarrow +\infty$.

3.1.2.2 Croissance Logistique/Croissance à densité dépendante

Dans le modèle précédent, si l'on se place dans le cas d'une population viable, i.e $\delta > 0$, la population va croître exponentiellement, ce qui, outre l'hypothèse de ressources infinies, est contredit par les observations biologiques. Le modèle de croissance logistique, proposé par **Verhulst**, [5] en 1838, propose la solution suivante :

On considère que la population s'autorégule i.e que si la densité de la population augmente fortement, les individus vont se retrouver en compétition (recherche de ressource, le territoire et la reproduction par exemple). Et de ce fait introduit une contrainte dans le modèle de croissance exponentielle. Dès lors on parle de croissance à densité dépendante ou logistique que nous pouvons écrire sous la forme (3.1.1) en prenant

$$g(N) = (\delta - kN(t)) \quad (3.1.3)$$

où k est appelé coefficient logistique de la population N .

La solution de l'équation (3.1.3) est :

$$N(t) = \frac{N_0 K}{N_0 + (K - N_0 e^{-\delta t})}$$

avec

$$K = \frac{\delta}{k} = \frac{a - m}{k}.$$

On obtient les résultats suivants :

- si $\delta \leq 0$, alors $N(t) \rightarrow 0$ quand $t \rightarrow +\infty$,
- si $\delta > 0$, alors $N(t) \rightarrow K$ quand $t \rightarrow +\infty$.

3.2. MODÈLES NON STRUCTURÉS

De plus, $N(t) = K$ est une solution stationnaire et on a $N(t)$ est décroissante pour tout $t \geq 0$ si $N_0 > K$ et $N(t)$ est croissante pour tout $t \geq 0$ si $N_0 < K$.

Plus généralement, lorsque la population est viable et n'est soumise à aucune prédation ou compétition inter-spécifique, la densité atteint la valeur stable K que l'on appellera capacité maximal d'accueil du milieu.

3.1.2.3 Modèle Bi-stable/Effet Allée

Une extension des modèles précédents consiste à prendre la fonction

$$g(N) = b_1 + b_2N + b_3N^2.$$

Le taux de croissance intrinsèque $g(N)$ admet un maximum global pour une densité intermédiaire \widehat{N} , $0 < \widehat{N} < +\infty$, qui caractérise l'effet Allée si l'on suppose $b_2 > 0$ et $b_3 < 0$.

Nous allons présenter dans la suite, des modèles généralistes proie-prédateur en présence de substance nuisible et un modèle prédateur-compétiteur-proie en présence de substance nuisible. Également, nous présenterons le modèle proie-prédateur en présence de substance nuisible avec subdivision de la population de la proie et le modèle prédateur-compétiteur-proie en présence de substance nuisible avec subdivision de la population de proie. Nous ferons ensuite une application aux cas existants : le modèle zooplancton-phytoplancton en présence de toxine et le modèle poisson-zooplancton-phytoplancton en présence de toxine. Enfin, nous présentons le modèle zooplancton-phytoplancton en présence de toxine avec subdivision de la population de phytoplancton et le modèle poisson-zooplancton-phytoplancton en présence de toxine avec subdivision de la population du phytoplancton.

3.2 Modèles non structurés

Notre travail de modélisation est une réadaptation des travaux de **Yodzis**, [1, 5]; **Abderrahim El Abdllaoui**, [1]; **Wendkouni Ouédraogo**, [5, 7, 8] et **Samares Pal**, [1]. Nous commencerons par les modèles généralistes non structurés. Dans la suite, nous appliquerons ces modèles généralistes aux problèmes existants.

Nous utiliserons les équations différentielles ordinaires comme outils mathématiques pour construire ces différents modèles.

Nous ferons l'hypothèse qu'il n'y a pas migration des populations de poisson et de zooplancton.

3.2.1 Modèle proie-compétiteur-prédateur en présence de substance nuisible avec subdivision de la proie

3.2.1.1 Le modèle proie-prédateur en absence de substance nuisible

Le modèle construit ici est une réadaptation du modèle proie-prédateur généralisé par **Yodzis**, [5].

3.2. MODÈLES NON STRUCTURÉS

En effet en considérant la dynamique de la population de proie et de prédateur sans l'effet d'aucune substance nuisible où P et F représentent respectivement la densité de la proie et la densité du prédateur, on a le système suivant :

$$\begin{cases} \frac{dP}{dt} = \phi(P) - g_0(P, F)P \\ \frac{dF}{dt} = g_1(P, F)F \end{cases} \quad (3.2.4)$$

où

- $\phi(P)$ est le taux de croissance de la population de la proie,
- $g_0(P, F)$ est la quantité de proie consommée par un prédateur pendant une unité temps,
- $g_1(P, F)$ représente le taux de conversion de la proie en prédateur.

Une fois le modèle proie-prédateur obtenu, nous introduirons maintenant l'action d'une substance nuisible sur ce modèle.

3.2.1.2 Le modèle proie-prédateur en présence de substance nuisible

Dans cette sous section, il s'agit de trouver un modèle Proie-Prédateur prenant en compte l'effet d'une substance nuisible produite par la proie. Ainsi lorsque nous ajoutons l'effet d'une substance nuisible au système (3.2.4), on obtient le système suivant

$$\begin{cases} \frac{dP}{dt} = \phi_1(P) - g_2(P, F)P \\ \frac{dF}{dt} = g_3(P, F)F - g_4(P, F)F \end{cases} \quad (3.2.5)$$

où

- $\phi_1(P)$ est le taux de croissance de la population de la proie,
- $g_2(P, F)$ est la quantité de la proie consommée par un prédateur par unité temps,
- $g_3(P, F)$ représente le taux de conversion de la proie en prédateur,
- $g_4(P, F)$ est le taux de mortalité du prédateur dû à la consommation de la proie nuisible.

Maintenant, nous regarderons un système prédateur-compétiteur-proie en présence de substance nuisible.

3.2.1.3 Le modèle proie-compétiteur-prédateur en présence de substance nuisible

La densité de la population de prédateur est noté F . Celles du compétiteur est Z et la densité de la proie est P . Ainsi la dynamique du modèle traduit par le système

3.2. MODÈLES NON STRUCTURÉS

proie-compétiteur-prédateur en présence de substance nuisible s'écrit :

$$\begin{cases} \frac{dP}{dt} = \phi_2(P) - g_5(P, Z, F)P - g_6(P, Z, F)P \\ \frac{dZ}{dt} = g_7(P, Z, F)Z - g_8(P, Z, F)Z - g_9(P, Z, F)Z \\ \frac{dF}{dt} = g_{10}(P, Z, F)F - g_{11}(P, Z, F)F \end{cases} \quad (3.2.6)$$

où :

- $\phi_2(P)$ est le taux de croissance de la proie,
- $g_5(P, Z, F)$ est la quantité de la proie consommée par un compétiteur pendant une unité temps,
- $g_6(P, Z, F)$ est la quantité de la proie consommée par un prédateur pendant une unité temps,
- $g_7(P, Z, F)$ représente le taux de conversion de la proie en compétiteur,
- $g_8(P, Z, F)$ désigne le taux de mortalité du compétiteur,
- $g_9(P, Z, F)$ est la quantité du compétiteur consommée par un prédateur pendant une unité temps,
- $g_{10}(P, Z, F)$ représente le taux de conversion de la proie et du compétiteur en prédateur,
- $g_{11}(P, Z, F)$ est le taux de mortalité de la population des prédateurs.

Pour mieux comprendre ces différents modèles élaborés, nous subdiviserons la population de la proie en une population de proie nuisible et en une population de proie non nuisible.

3.2.1.4 Le modèle proie-prédateur en présence de substance nuisible avec subdivision de la population de la Proie

Dans le cas où la population de la proie est subdivisée en population de proie non nuisible noté P_1 , celle de la proie nuisible noté P_2 et la densité de la population du prédateur noté Z , on a la dynamique du système suivant :

$$\begin{cases} \frac{dP_1}{dt} = \phi_3(P_1) - g_{12}(P_1, P_2, Z)P_1 \\ \frac{dP_2}{dt} = \phi_4(P_2) - g_{13}(P_1, P_2, Z)P_2 \\ \frac{dZ}{dt} = g_{14}(P_1, P_2, Z)Z - g_{15}(P_1, P_2, Z)Z \end{cases} \quad (3.2.7)$$

où :

- $\phi_3(P_1)$ est le taux de croissance de la proie non nuisible,
- $g_{12}(P_1, P_2, Z)$ est la quantité de la proie non nuisible consommée par un prédateur pendant une unité temps,

3.2. MODÈLES NON STRUCTURÉS

- $\phi_4(P_2)$ représente le taux de croissance de la proie nuisible,
- $g_{13}(P_1, P_2, Z)$ est la quantité de la proie nuisible consommée par un prédateur pendant une unité temps,
- $g_{14}(P_1, P_2, Z)$ représente le taux de conversion de la proie non nuisible en prédateur,
- $g_{15}(P_1, P_2, Z)$ représente le taux de mortalité du prédateur dû à la libération d'une substance nuisible par la proie.

3.2.1.5 Le modèle proie-compétiteur-prédateur en présence d'une substance nuisible avec subdivision de la Proie

Pour la construction de ce modèle, notons P_1 la densité de proie non nuisible, P_2 la densité de proie nuisible, Z la densité du compétiteur et F celle du prédateur. Alors la dynamique du modèle proie-compétiteur-prédateur en présence d'une substance nuisible avec subdivision de la proie est :

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dP_1}{dt} = \phi_5(P_1) - g_{16}(P_1, P_2, Z, F)P_1 - g_{17}(P_1, P_2, Z, F)P_1 \\ \frac{dP_2}{dt} = \phi_6(P_2) - g_{18}(P_1, P_2, Z, F)P_2 - g_{19}(P_1, P_2, Z, F)P_2 \\ \frac{dZ}{dt} = g_{20}(P_1, P_2, Z, F)Z - g_{21}(P_1, P_2, Z, F)Z - g_{22}(P_1, P_2, Z, F) \\ \frac{dF}{dt} = g_{23}(P_1, P_2, Z, F)F - g_{24}(P_1, P_2, Z, F)F \end{array} \right. \quad (3.2.8)$$

où :

- $\phi_5(P_1)$ désigne le taux de croissance de la population de la proie non nuisible,
- $g_{16}(P_1, P_2, Z, F)$ est la quantité de la proie non nuisible consommée par un compétiteur pendant une unité temps,
- $g_{17}(P_1, P_2, Z, F)$ est la quantité de la proie non nuisible consommée par un prédateur pendant une unité temps,
- $\phi_6(P_2)$ est le taux de croissance de la population de la proie nuisible,
- $g_{18}(P_1, P_2, Z, F)$ est la quantité de la proie nuisible consommée par un compétiteur pendant une unité temps,
- $g_{19}(P_1, P_2, Z, F)$ est la quantité de la proie nuisible consommée par un prédateur pendant une unité temps,
- $g_{20}(P_1, P_2, Z, F)$ est le taux de conversion de la proie non nuisible en compétiteur,
- $g_{21}(P_1, P_2, Z, F)$ représente le taux de mortalité du compétiteur dû à la libération d'une substance nuisible par la proie,
- $g_{22}(P_1, P_2, Z, F)$ est la quantité du compétiteur consommée par un prédateur pendant une unité temps,
- $g_{23}(P_1, P_2, Z, F)$ représente le taux de conversion de la proie et du compétiteur en prédateur,
- $g_{24}(P_1, P_2, Z, F)$ est le taux de mortalité de la population du prédateur.

3.2. MODÈLES NON STRUCTURÉS

Après avoir établi les modèles généralistes, nous allons faire des applications de ces modèles généralistes à des problèmes existants dans la suite de nos modèles.

3.2.2 Le modèle phytoplancton-zooplancton-poisson en présence de toxine avec subdivision du Phytoplancton (P_1, P_2, Z, F)

3.2.2.1 Le modèle phytoplancton-zooplancton en présence de toxine (P, Z)

Nous appliquerons le modèle généraliste du système (3.2.5) à la dynamique d'une population de phytoplancton noté P et zooplancton noté Z en présence de toxine, où le phytoplancton est la proie, le zooplancton le prédateur, la toxine est la substance nuisible. En restant dans la logique des travaux de **Abderrahim El Abdellaoui**, [1] nous désignons par :

- $g_2(P, Z) = Z\mu_p$,
- $g_3(P, Z) = r_z P - \mu_{z_1} - \mu_{z_2}$,
- $\phi_1(P) = r_p P \left(1 - \frac{P}{K_p}\right)$ qui représente la densité de la population du phytoplancton choisit de type logistique à densité dépendante,
- $g_4(P, Z) = \frac{\theta_p P}{\gamma + P}$ la réponse fonctionnelle de type **Holling II**.

où :

- r_p est le taux de croissance intrinsèque de la population du phytoplancton,
- μ_p est la quantité du phytoplancton consommé par un zooplancton pendant une unité temps,
- K_p représente la capacité d'accueil maximale de la population du phytoplancton,
- r_z est la quantité du phytoplancton converti en zooplancton,
- μ_{z_1} est le taux de mortalité naturel du zooplancton,
- μ_{z_2} désigne le taux de mortalité extérieur du zooplancton,
- θ_p est la toxine libérée par le phytoplancton,
- γ désigne la constante de saturation.

Alors on a la dynamique du modèle est donnée par le système suivant :

$$\begin{cases} \frac{dP}{dt} = r_p P \left(1 - \frac{P}{K_p}\right) - \mu_p Z P, & P(0) = P_0 > 0 \\ \frac{dZ}{dt} = r_z P Z - \mu_{z_1} Z - \mu_{z_2} Z - \frac{\theta_p P Z}{\gamma + P}, & Z(0) = Z_0 > 0 \end{cases} \quad (3.2.9)$$

3.2.2.2 Le Modèle phytoplancton-zooplancton-poisson en présence de toxine (P, Z, F)

Considérons la dynamique de la population du phytoplancton noté P , la population du zooplancton noté Z et celle du poisson noté F .

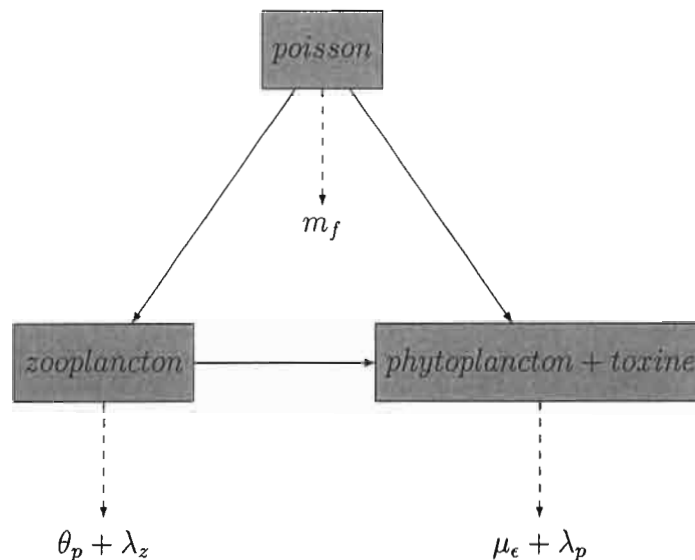


FIGURE 3.3 – Modèle poisson-zooplancton-phytoplancton+toxine

Le poisson est le prédateur, le zooplancton est le compétiteur et le phytoplancton est la proie.

En application du modèle généraliste (3.2.6), et restant dans la dynamique des travaux de **Wendkouni OUEDRAOGO**, [5, 7, 8] nous désignons par

$$g_5(P, Z, F) = \mu_\epsilon P, \quad g_6(P, Z, F) = \frac{\alpha \lambda_p F}{\alpha P + Z}, \quad g_7(P, Z, F) = r_z \left(1 - \frac{\mu_\epsilon Z}{P}\right), \quad g_8(P, Z, F) = \frac{\theta_p P}{\gamma + P},$$

$$g_9(P, Z, F) = \frac{\lambda_z F}{\alpha P + Z}, \quad g_{10}(P, Z, F) = r_f \left(1 - \frac{\lambda_p \lambda_F}{\lambda_z P + \lambda_p Z}\right), \quad g_{11}(P, Z, F) = m_f,$$

et

$$\phi_2(P) = r_p \left(1 - \frac{P}{K_p}\right).$$

de type logistique à densité dépendante, avec

- la quantité $\frac{P}{u_\epsilon}$ désignant la capacité d'accueil du zooplancton c'est-à-dire le nombre maximal de zooplancton pouvant survivre.
- $\frac{P}{\lambda_p} + \frac{Z}{\lambda_z} = \frac{\lambda_z P + \lambda_p Z}{\lambda_p \lambda_z}$, la capacité d'accueil maximal du poisson,
- $\frac{\lambda_p \alpha P F}{\alpha P + Z}$ et $\frac{\lambda_z Z F}{\alpha P + Z}$ désignent respectivement le terme de prédation pour le phytoplancton et le terme de prédation pour le zooplancton.

En effet, les termes de prédation du poisson dépendent de la proportion $\frac{P}{P+Z}$ du phytoplancton et $\frac{Z}{P+Z}$ du zooplancton par rapport à la proportion total de la proie. Mais si nous tenons compte de la préférence du poisson par rapport à ces proies, on fera l'hypothèse que le poisson chassera, α fois un phytoplancton qu'un zooplancton.

En supposant que :

- r_p est le taux de croissance intrinsèque du phytoplancton,
- μ_ϵ désigne le taux phytoplancton consommé par unité de temps par un zooplancton,

3.2. MODÈLES NON STRUCTURÉS

- λ_p est le taux de phytoplancton consommé par unité de temps par le poisson,
- r_z est le taux de croissance intrinsèque du zooplancton,
- λ_z représente le taux de zooplancton consommé par unité de temps par le poisson,
- m_f est le taux de mortalité extérieur du poisson.

alors, on a le système suivant :

$$\begin{cases} \frac{dP}{dt} = r_p P \left(1 - \frac{P}{K_p}\right) - \mu_c P Z - \frac{\lambda_p \alpha P F}{\alpha P + Z}, & P(0) = P_0 > 0 \\ \frac{dZ}{dt} = r_z Z \left(1 - \frac{\mu_c Z}{P}\right) - \frac{\theta_p P Z}{\gamma + P} - \frac{\lambda_z Z F}{\alpha P + Z}, & Z(0) = Z_0 > 0 \\ \frac{dF}{dt} = r_f F \left(1 - \frac{\lambda_p \lambda_z F}{\lambda_z P + \lambda_p Z}\right) - m_f F, & F(0) = F_0 > 0 \end{cases} \quad (3.2.10)$$

qui représente la dynamique du modèle (P, Z, F) en présence de toxine.

3.2.2.3 Le modèle phytoplancton-zooplancton en présence de toxine avec subdivision du phytoplancton (P_1, P_2, Z)

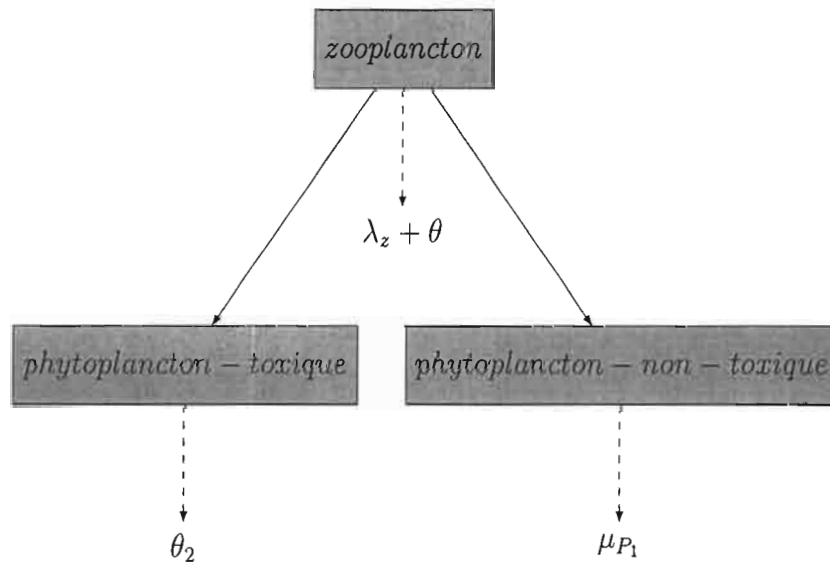


FIGURE 3.4 – Modèle Zooplancton-Phytoplancton toxique-Phytoplancton non toxique

Pour adapter le modèle généraliste (3.2.7) au modèle Phytoplancton-Zooplancton en présence de toxine avec subdivision du phytoplancton, en phytoplancton non toxique noté P_1 , en phytoplancton toxique est noté P_2 et en zooplancton noté Z , nous choisissons les quantités suivantes :

- $\phi_3(P_1) = r_{p_1} P_1 \left(1 - \frac{P_1}{K_1}\right)$,
- $g_{12}(P_1, P_2, Z) = \mu_{p_1} Z$,

3.2. MODÈLES NON STRUCTURÉS

$$\begin{aligned}
 - \phi_4(P_2) &= r_{p_2} P_2 \left(1 - \frac{P_2}{K_2}\right), \\
 - g_{13}(P_1, P_2, Z) &= \frac{\theta_2 P_2}{\gamma + P_2}, \\
 - g_{14}(P_1, P_2, Z) &= \beta_z P_1 - \mu_1 - \mu_2, \\
 - g_{15}(P_1, P_2, Z) &= \frac{\theta P_2}{\gamma + P_2}.
 \end{aligned}$$

avec $\frac{P_2 Z}{\gamma + P_2}$ la réponse fonctionnelle type **Holling II**.

où :

- K_1 et K_2 désigne respectivement la capacité d'accueil maximale du phytoplancton non toxique et du phytoplancton toxique,
- r_{p_1} est le taux de croissance du phytoplancton non toxique,
- r_{p_2} est le taux de croissance du phytoplancton toxique,
- r_z est le taux de croissance du zooplancton,
- μ_{p_1} est la quantité du phytoplancton non toxique consommée par unité de temps par un zooplancton,
- θ_2 représente le taux de toxine libéré par le phytoplancton toxique,
- β_z représente le taux de phytoplancton non toxique converti en zooplancton,
- μ_1 est la mortalité naturelle du zooplancton,
- μ_2 représente la mortalité extérieure du zooplancton,
- θ est le taux de toxine consommé par le zooplancton.

Ainsi on a le système suivant :

$$\begin{cases}
 \frac{dP_1}{dt} = r_{p_1} P_1 \left(1 - \frac{P_1}{K_1}\right) - \mu_{p_1} P_1 Z, & P_1(0) > 0 \\
 \frac{dP_2}{dt} = r_{p_2} P_2 \left(1 - \frac{P_2}{K_2}\right) - \frac{\theta_2 P_2 Z}{\gamma + P_2}, & P_2(0) > 0 \\
 \frac{dZ}{dt} = \beta_z P_1 Z - \mu_1 Z - \mu_2 Z - \frac{\theta P_2 Z}{\gamma + P_2}, & Z(0) = Z_0 > 0
 \end{cases} \quad (3.2.11)$$

Maintenant, nous allons introduire la population du poisson au système phytoplancton scindé et zooplancton en présence de toxine.

3.2.2.4 Le modèle phytoplancton-zooplancton-poisson en présence de toxine avec subdivision du phytoplancton (P_1, P_2, Z, F)

A présent nous allons subdiviser la population de phytoplancton et nous considérons Le système phytoplancton-zooplancton-poisson en présence de toxine avec subdivision du phytoplancton. En appliquant le modèle généraliste (3.2.8), au système Phytoplancton-Zooplancton-poisson en présence de toxine avec subdivision du phytoplancton, nous designons par :

$$- \phi_5(P_1) = r_{p_1} P_1 \left(1 - \frac{P_1}{K_1}\right), g_{16}(P_1, P_2, Z, F) = \mu_{\epsilon_1} Z, g_{17}(P_1, P_2, Z, F) = \frac{\lambda_{p_1} \alpha_0 F}{\alpha_0 P_1 + \alpha_0 P_2 + Z},$$

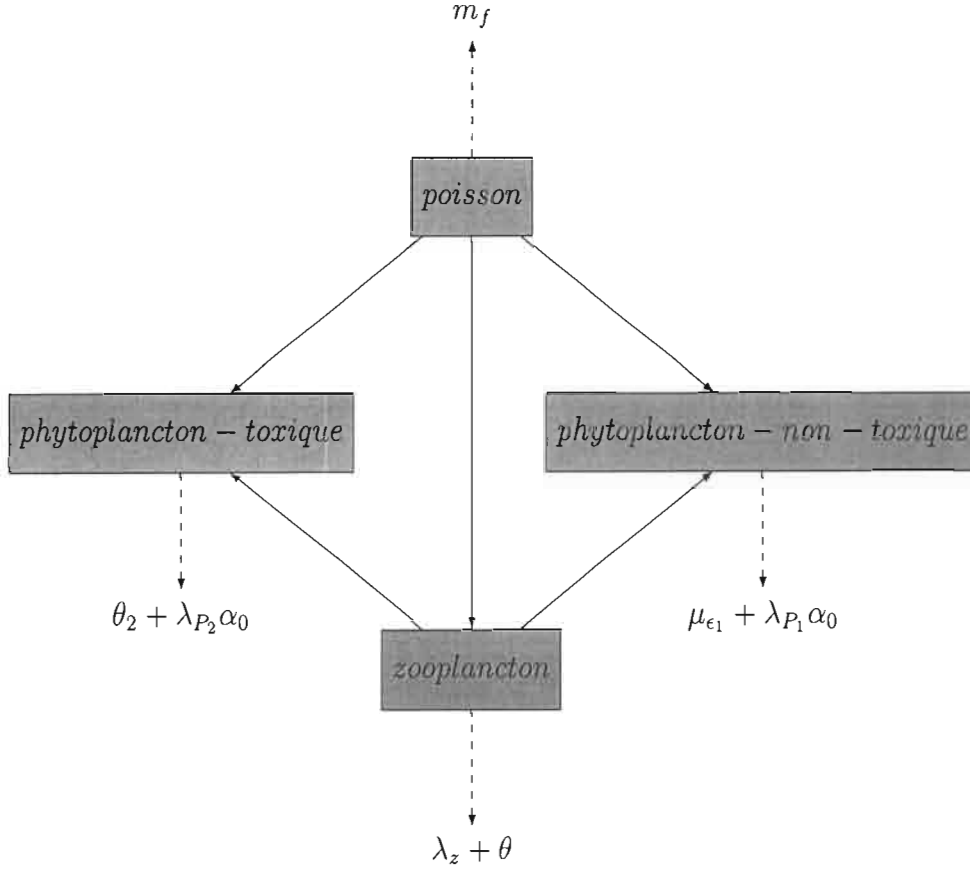


FIGURE 3.5 – Modèle [zooplancton- phytoplancton toxique] et [poisson- phytoplancton toxique non toxique]

$$\begin{aligned}
 - \phi_6(P_2) &= r_{p_2} P_2 \left(1 - \frac{P_2}{K_2}\right), g_{18}(P_1, P_2, Z, F) = \frac{\theta_2 Z}{\gamma + P_2}, g_{19}(P_1, P_2, Z, F) = \frac{\lambda_{p_2} \alpha_0 F}{\alpha_0 P_1 + \alpha_0 P_2 + Z}, \\
 - g_{20}(P_1, P_2, Z, F) &= r_z \left(1 - \frac{\mu_\epsilon Z}{P_1 + P_2}\right), g_{21}(P_1, P_2, Z, F) = \frac{\theta P_2}{\gamma + P_2}, g_{22}(P_1, P_2, Z, F) = \\
 &\frac{\lambda_z F}{\alpha_0 P_1 + \alpha_0 P_2 + Z}, \\
 - g_{23}(P_1, P_2, Z, F) &= r_f \left(1 - \frac{\lambda_{p_1} \lambda_{p_2} \lambda_z F}{\lambda_{p_2} \lambda_z P_1 + \lambda_{p_1} \lambda_z P_2 + \lambda_{p_1} \lambda_{p_2} Z}\right), g_{24}(P_1, P_2, Z, F) = m_f.
 \end{aligned}$$

Maintenant, nous faisons l'hypothèse que le poisson chasse α_0 fois la population de phytoplancton que celle du zooplancton. Ainsi on a :

$$\begin{aligned}
 - \frac{\lambda_{p_1} \alpha_0 P_1 F}{\alpha_0 P_1 + \alpha_0 P_2 + Z}, \frac{\lambda_{p_2} \alpha_0 P_2 F}{\alpha_0 P_1 + \alpha_0 P_2 + Z} \text{ et } \frac{\lambda_z Z F}{\alpha_0 P_1 + \alpha_0 P_2 + Z} \text{ représentant respectivement} \\
 \text{la prédation pour le phytoplancton non toxique, la prédation pour le phyto-} \\
 \text{plancton toxique et celle du zooplancton,} \\
 - \text{Les quantités } \frac{P_1}{\mu_{\epsilon_1}} + \frac{P_2}{\mu_{\epsilon_2}} = \frac{\mu_{\epsilon_2} P_1 + \mu_{\epsilon_1} P_2}{\mu_{\epsilon_1} \mu_{\epsilon_2}} \text{ et } \frac{P_1}{\lambda_{p_1}} + \frac{P_2}{\lambda_{p_2}} + \frac{Z}{\lambda_z} = \frac{\lambda_{p_2} \lambda_z P_1 + \lambda_{p_1} \lambda_z P_2 + \lambda_{p_1} \lambda_{p_2} Z}{\lambda_{p_1} \lambda_{p_2} \lambda_z}
 \end{aligned}$$

désignant respectivement la capacité d'accueil maximal du zooplancton et la capa-

3.2. MODÈLES NON STRUCTURÉS

cit  d'accueil maximal du poisson,

et

- K_1 et K_2 d signe respectivement la capacit  d'accueil maximale du phytoplancton non toxique et du phytoplancton toxique,
- r_{p_1} et r_{p_2} d signent respectivement le taux de croissance du phytoplancton non toxique et du phytoplancton toxique,
- r_f et r_z repr sentent respectivement le taux de croissance du poisson, et le taux de croissance du zooplancton,
- μ_{p_1} est la quantit  du phytoplancton non toxique consomm e par unit  de temps par un zooplancton,
- θ_2 repr sente le taux de toxine lib r e par le phytoplancton toxique, zooplancton ,
- α_0 repr sente le taux pr f rence du phytoplancton par le poisson,
- μ_1 est la mortalit  naturelle du zooplancton
- μ_2 repr sente la mortalit  ext rieure du zooplancton,
- θ est le taux de toxine consomm e par le zooplancton.
- γ est la constante de saturation.
- μ_{ϵ_1} est la quantit  du phytoplancton non toxique consomm e par un zooplancton pendant une unit  temps,
- λ_{p_1} est la quantit  du phytoplancton non toxique consomm e par un poisson pendant une unit  temps,
- λ_{p_2} la quantit  de phytoplancton toxique consomm e par unit  de temps par un poisson.
- λ_z la quantit  du zooplancton consomm e par unit  de temps par un poisson.
- m_f est la mortalit  ext rieur du poisson.

et on a le syst me suivant :

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dP_1}{dt} = r_{p_1} P_1 \left(1 - \frac{P_1}{K_1} \right) - \mu_{\epsilon_1} P_1 Z - \frac{\lambda_{p_1} \alpha_0 P_1 F}{\alpha_0 P_1 + \alpha_0 P_2 + Z}, \quad P_1(0) > 0 \\ \frac{dP_2}{dt} = r_{p_2} P_2 \left(1 - \frac{P_2}{K_2} \right) - \frac{\theta_2 P_2 Z}{\gamma + P_2} - \frac{\lambda_{p_2} \alpha_0 P_2 F}{\alpha_0 P_1 + \alpha_0 P_2 + Z}, \quad P_2(0) > 0 \\ \frac{dZ}{dt} = r_z Z \left(1 - \frac{\mu_{\epsilon_1} \mu_{\epsilon_2} Z}{\mu_{\epsilon_2} P_1 + \mu_{\epsilon_1} P_2} \right) - \frac{\theta P_2 Z}{\gamma + P_2} - \frac{\lambda_z Z F}{\alpha_0 P_1 + \alpha_0 P_2 + Z}, \quad Z(0) = Z_0 > 0 \\ \frac{dF}{dt} = r_f F \left(1 - \frac{\lambda_{p_1} \lambda_{p_2} \lambda_z F}{\lambda_{p_2} \lambda_z P_1 + \lambda_{p_1} \lambda_z P_2 + \lambda_{p_1} \lambda_{p_2} Z} \right) - m_f F, \quad F(0) = F_0 > 0 \end{array} \right. \quad (3.2.12)$$

qui repr sente la dynamique du syst me (P_1, P_2, Z, F)

3.3 Modèle avec structuration spatiale

3.3.1 Le modèle proie-compétiteur-prédateur en présence d'une substance nuisible avec subdivision de la Proie

Ici nous prenons en compte la dimension spatiale en supposant que la population de la proie, des prédateurs et celle des compétiteurs, peuvent se mouvoir dans un espace dont nous définirons les limites. Nous présenterons les modèles par des systèmes d'équations de type réaction diffusion qui exprime la conservation des densités de proies, de prédateurs et de compétiteurs. C'est un type de modèle spatio-temporel couramment utilisé en écologie ou en biologie.

3.3.1.1 Le modèle proie-prédateur en présence de substance nuisible

Nous allons présenter d'abord le modèle du système proie-prédateur en présence de substance nuisible avec une structure spatiale et obtenir les autres modèles en procédant par le même raisonnement. Ainsi, on a le modèle de réaction-diffusion suivant :

$$\begin{cases} \partial_t P - \operatorname{div}(dp(x)\nabla P) = \phi_1(P) - g_2(P, Z)P, \\ \partial_t Z - \operatorname{div}(dz(x)\nabla Z) = g_3(P, Z)Z - g_4(P, Z)Z, \end{cases} \quad (3.3.13)$$

où Ω est le domaine spatiale dans lequel se trouve la population de proie et de prédateur. On suppose que Ω est borné et que les conditions au bord de Ω sont du type **Neumann** $\frac{\partial P}{\partial \nu} = \frac{\partial Z}{\partial \nu} = 0$, $P(0, x) = P_0(x) > 0$, $x \in \Omega$, $Z(0, x) = Z_0(x) > 0$, $x \in \Omega \subset \mathbb{R}^n$.

3.3.1.2 Le modèle proie-compétiteur-prédateur en présence de substance nuisible

Dans la même dynamique, nous allons écrire le modèle proie-prédateur-compétiteur en présence de substance nuisible en modèle de type réaction-diffusion de la manière suivante :

$$\begin{cases} \partial_t P - \operatorname{div}(dp(x)\nabla P) = \phi_2(P) - g_5(P, Z, F)P - g_6(P, Z, F)P \\ \partial_t Z - \operatorname{div}(dz(x)\nabla Z) = g_7(P, Z, F)Z - g_8(P, Z, F)Z - g_9(P, Z, F)Z \\ \partial_t F - \operatorname{div}(df(x)\nabla F) = g_{10}(P, Z, F)F - g_{11}(P, Z, F)F \end{cases} \quad (3.3.14)$$

où Ω est le domaine spatiale dans lequel se trouve la populations de proie, de prédateur et de compétiteur.

On suppose que Ω est borné et que les conditions au bord de Ω sont du type **Neumann** $\frac{\partial P}{\partial \nu} = \frac{\partial Z}{\partial \nu} = \frac{\partial F}{\partial \nu} = 0$, $P(0, x) = P_0(x) > 0$, $x \in \Omega$, $Z(0, x) = Z_0(x) > 0$, $F(0, x) = F_0(x) > 0$, $x \in \Omega \subset \mathbb{R}^n$.

3.3. MODÈLE AVEC STRUCTURATION SPATIALE

3.3.1.3 Le modèle Proie-Prédateur en présence de substance nuisible avec subdivision de la proie

Dans cette même optique, le système proie-prédateur en présence de substance nuisible avec subdivision de la proie s'écrit :

$$\begin{cases} \partial_t P_1 - \operatorname{div}(dp_1(x)\nabla P_1) = \phi_3(P_1) - g_{12}(P_1, P_2, Z)P_1 \\ \partial_t P_2 - \operatorname{div}(dp_2(x)\nabla P_2) = \phi_4(P_2) - g_{13}(P_1, P_2, Z)P_2 \\ \partial_t Z - \operatorname{div}(dz(x)\nabla Z) = g_{14}(P_1, P_2, Z)Z - g_{15}(P_1, P_2, Z)Z \end{cases} \quad (3.3.15)$$

où Ω est le domaine spatiale dans lequel se trouve la populations de proie, de prédateur et de compétiteur.

On suppose que Ω est borné et que les conditions au bord de Ω sont du type **Neumann** $\frac{\partial P_1}{\partial \nu} = \frac{\partial P_2}{\partial \nu} = \frac{\partial Z}{\partial \nu} = 0$, $Q(x, 0) = Q_0(x) > 0$ pour $Q = P_1, P_2, Z, x \in \Omega$.

3.3.1.4 Le modèle Proie-Compétiteur-Prédateur en présence d'une substance nuisible avec subdivision de la Proie (P_1, P_2, Z, F)

Finalement, nous allons écrire le modèle proie-prédateur-compétiteur en présence de toxine avec subdivision de la proie en modèle de type réaction-diffusion de la manière suivante :

$$\begin{cases} \partial_t P_1 - \operatorname{div}(dp_1(x)\nabla P_1) = \phi_5(P_1) - g_{16}(P_1, P_2, Z, F)P_1 - g_{17}(P_1, P_2, Z, F)P_1 \\ \partial_t P_2 - \operatorname{div}(dp_2(x)\nabla P_2) = \phi_6(P_2) - g_{18}(P_1, P_2, Z, F)P_2 - g_{19}(P_1, P_2, Z, F)P_2 \\ \partial_t Z - \operatorname{div}(dz(x)\nabla Z) = g_{20}(P_1, P_2, Z, F)Z - g_{21}(P_1, P_2, Z, F)Z - g_{22}(P_1, P_2, Z, F) \\ \partial_t F - \operatorname{div}(df(x)\nabla F) = g_{23}(P_1, P_2, Z, F)F - g_{24}(P_1, P_2, Z, F)F \end{cases} \quad (3.3.16)$$

où Ω est le domaine spatiale dans lequel se trouve la populations de proie, de prédateur et de compétiteur.

On suppose que Ω est borné et que les conditions au bord de Ω sont du type **Neumann** $\frac{\partial P_1}{\partial \nu} = \frac{\partial P_2}{\partial \nu} = \frac{\partial Z}{\partial \nu} = \frac{\partial F}{\partial \nu} = 0$, $Q(x, 0) = Q_0(x) > 0$ pour $Q = P_1, P_2, Z, F, x \in \Omega$.

modèle Phytoplancton-Zooplancton -poisson en présence de toxine avec subdivision de la proie (P_1, P_2, Z, F)

Les modèles de diffusion sont un choix simple et raisonnable pour modéliser la dispersion des différentes populations sur un domaine spatiale que nous noterons Ω , [5, 7, 8, 23]. Pour ce faire, nous allons modifier les modèles non structurés présentés précédemment en

3.3. MODÈLE AVEC STRUCTURATION SPATIALE

modèle de type réaction-diffusion. Dans ces modèles, les paramètres démographiques dépendront de la variable spatiale x dans l'esprit des travaux de **Ainseba et Al** dans [3]. Soit Ω le domaine spatiale d'étude, on suppose que tous les coefficients démographiques définis dans la section précédente dépendent maintenant de la variable spatiale x .

3.3.2.1 Le modèle phytoplancton-zooplancton en présence de toxine (P, Z)

Nous allons présenter d'abord le modèle du système phytoplancton-zooplancton en présence de toxine avec une structure spatiale et obtenir les autres modèles en raisonnant de la même manière. Ainsi, on a le modèle de réaction-diffusion suivant :

$$\begin{cases} \partial_t P - \operatorname{div}(dp(x)\nabla P) = r_p(x)P \left(1 - \frac{P}{K_p(x)}\right) - \mu_p(x)ZP \\ \partial_t Z - \operatorname{div}(dz(x)\nabla Z) = r_z(x)PZ - \mu_{z_1}(x)Z - \mu_{z_2}(x)Z - \frac{\theta_p(x)PZ}{\gamma(x,t) + P} \end{cases} \quad (3.3.17)$$

avec les conditions au bord Ω du type **Neumann**.

$dq(x)\nabla Q(x,t) \cdot \nu(x) = 0$, $x \in \partial\Omega$, $t > 0$ pour $Q = P$ et Z où ν est le vecteur unité normale à $\partial\Omega$ sur Ω et les conditions initiales positives et bornées.

$Q(x,0) = Q_0(x) > 0$ pour $Q = P, Z$, $x \in \Omega$.

Remarque. 3.3.1 *Le choix des conditions de flux nul au bord du domaine correspond à l'hypothèse d'un milieu fermé c'est-à-dire que les populations du milieu marin sont isolés.*

3.3.2.2 Le modèle phytoplancton-zooplancton-Poisson en présence de toxine (P, Z, F)

Dans cette même optique, le système phytoplancton-zooplancton-Poisson en présence de toxine s'écrit :

$$\begin{cases} \partial_t P - \operatorname{div}(dp(x)\nabla P) = r_p(x)P \left(1 - \frac{P}{K_p(x)}\right) - \mu_c(x)PZ - \frac{\lambda_p(x)\alpha(x)PF}{\alpha(x)P + Z} \\ \partial_t Z - \operatorname{div}(dz(x)\nabla Z) = r_z(x)Z \left(1 - \frac{\mu_c(x)Z}{P}\right) - \frac{\theta_p(x)PZ}{\gamma(x,t) + P} - \frac{\lambda_z(x)ZF}{\alpha(x)P + Z} \\ \partial_t F - \operatorname{div}(df(x)\nabla F) = r_f(x)F \left(1 - \frac{\lambda_p(x)\lambda_z(x)F}{\lambda_z(x)P + \lambda_p(x)Z}\right) - m_f(x)F \end{cases} \quad (3.3.18)$$

avec les conditions au bord de Ω du type **Neumann**.

$dq(x)\nabla Q(x,t) \cdot \nu(x) = 0$, $x \in \partial\Omega$, $t > 0$ pour $Q = P, Z$ et F où ν est le vecteur unité normale à $\partial\Omega$ sur Ω et les conditions initiales positives et bornées.

$Q(x,0) = Q_0(x) > 0$ pour $Q = P, Z, F$, $x \in \Omega$.

3.3.2.3 Le modèle phytoplancton-zooplancton avec subdivision de phytoplancton (P_1, P_2, Z)

Dans ces mêmes conditions, le système phytoplancton-zooplancton en présence de toxine avec une subdivision de la population de phytoplancton s'écrit :

$$\begin{cases} \partial_t P_1 - \operatorname{div}(dr_{p_1}(x)P_1) = r_{p_1}(x)P_1 \left(1 - \frac{P_1}{K_1(x)}\right) - \mu_{p_1}(x)P_1Z \\ \partial_t P_2 - \operatorname{div}(dr_{p_2}(x)P_2) = r_{p_2}(x)P_2 \left(1 - \frac{P_2}{K_2(x)}\right) - \frac{\theta_2(x)P_2Z}{\gamma(x,t) + P_2} \\ \partial_t Z - \operatorname{div}(dr_z(x)P_1) = \beta_z(x)P_1Z - \mu_1(x)Z - \mu_2(x)Z - \frac{\theta(x)P_2Z}{\gamma(x,t) + P_2} \end{cases} \quad (3.3.19)$$

avec les conditions au bord Ω du type **Neumann**.

$dq(x)\nabla Q(x,t)\cdot\nu(x) = 0$, $x \in \partial\Omega$, $t > 0$ pour $Q = P_1, P_2, Z$ où ν est le vecteur unité normale à $\partial\Omega$ sur Ω et les conditions initiales positives et bornées.

$Q(x,0) = Q_0(x) > 0$ pour $Q = P_1, P_2, Z$, $x \in \Omega$.

3.3.2.4 Modèle phytoplancton-zooplancton-Poisson avec subdivision du phytoplancton (P_1, P_2, Z, F)

Finalement, dans le cadre spatiale, le système de réaction-diffusion associé au modèle (P_1, P_2, Z, F) s'écrit de la façon suivante :

$$\begin{cases} \partial_t P_1 - \operatorname{div}(dp_1(x)\nabla P_1) = r_{p_1}(x)P_1 \left(1 - \frac{P_1}{K_1(x)}\right) - \mu_{\epsilon_1}(x)P_1Z - \frac{\lambda_{p_1}(x)\alpha_0(x)P_1F}{\alpha_0(x)P_1 + \alpha_0(x)P_2 + Z} \\ \partial_t P_2 - \operatorname{div}(dp_2(x)\nabla P_2) = r_{p_2}(x)P_2 \left(1 - \frac{P_2}{K_2(x)}\right) - \frac{\theta_2(x)P_2Z}{\gamma(x,t) + P_2} \\ - \frac{\lambda_{p_2}(x)\alpha_0(x)P_2F}{\alpha_0(x)P_1 + \alpha_0(x)P_2 + Z} \\ \partial_t Z - \operatorname{div}(dz(x)\nabla Z) = r_z(x)Z \left(1 - \frac{\mu_{\epsilon_1}(x)\mu_{\epsilon_2}(x)Z}{\mu_{\epsilon_2}(x)P_1 + \mu_{\epsilon_1}(x)P_2}\right) - \frac{\theta(x)P_2Z}{\gamma(x,t) + P_2} \\ - \frac{\lambda_z(x)ZF}{\alpha_0(x)P_1 + \alpha_0(x)P_2 + Z} \\ \partial_t F - \operatorname{div}(df(x)\nabla F) = r_f(x)F \left(1 - \frac{\lambda_{p_1}(x)\lambda_{p_2}(x)\lambda_z(x)F}{\lambda_{p_2}(x)\lambda_z(x)P_1 + \lambda_{p_1}(x)\lambda_z(x)P_2 + \lambda_{p_1}(x)\lambda_{p_2}(x)Z}\right) \\ - m_f(x)F \end{cases} \quad (3.3.20)$$

3.3. MODÈLE AVEC STRUCTURATION SPATIALE

avec les conditions au bord Ω du type **Neumann**.

$dq(x)\nabla Q(x,t).\nu(x) = 0, x \in \partial\Omega, t > 0$ pour $Q = P_1, P_2, Z$ et F où ν est le vecteur unité normale à $\partial\Omega$ sur Ω et les conditions initiales positives et bornées.

$Q(x, 0) = Q_0(x) > 0$ pour $Q = P_1, P_2, Z, F, x \in \Omega$.

Chapitre 4

Analyse mathématique

Notre travail dans cette partie, portera sur l'analyse mathématique des modèles pratiques.

Sommaire

4.1	Modèles non structurés	41
4.1.1	Étude du modèle Phytoplancton-Zooplancton avec subdivision du Phytoplancton $(\mathbf{P}_1, \mathbf{P}_2, \mathbf{Z})$	41
4.1.2	L'étude du modèle phytoplancton-zooplancton-poisson en présence de toxine avec subdivision du phytoplancton $(\mathbf{P}_1, \mathbf{P}_2, \mathbf{Z}, \mathbf{F})$	46
4.2	Modèles structurés	63
4.2.1	Etude du modèle phytoplancton-zooplancton-poisson avec subdivision du phytoplancton $(\mathbf{P}_1, \mathbf{P}_2, \mathbf{Z}, \mathbf{F})$	63
4.2.2	Méthode numérique du modèle phytoplancton-zooplancton-poisson avec subdivision du phytoplancton $(\mathbf{P}_1, \mathbf{P}_2, \mathbf{Z}, \mathbf{F})$	65

4.1 Modèles non structurés

4.1.1 Étude du modèle Phytoplancton-Zooplancton avec subdivision du Phytoplancton (P_1, P_2, Z)

4.1.1.1 Transformation du système (3.2.11)

Considérons maintenant le système défini par :

$$\begin{cases} \frac{dP_1}{dt} = r_{p_1} P_1 \left(1 - \frac{P_1}{K_1}\right) - \mu_{p_1} P_1 Z, & P_1(0) > 0 \\ \frac{dP_2}{dt} = r_{p_2} P_2 \left(1 - \frac{P_2}{K_2}\right) - \frac{\theta_2 P_2 Z}{\gamma + P_2}, & P_2(0) > 0 \\ \frac{dZ}{dt} = \beta_z P_1 Z - \mu_1 Z - \mu_2 Z - \frac{\theta P_2 Z}{\gamma + P_2}, & Z(0) = Z_0 > 0 \end{cases} \quad (4.1.1)$$

Pour l'étude globale de ce système, nous allons faire une mise en forme adimensionnel des équations du modèle dans les soucis de simplicité et sans perte de généralité en calculant les variables sur la valeur de la capacité d'accueil.

Pour ce faire, posons :

$$K_1 = K_2 = K, \quad \mu = \mu_1 + \mu_2, \quad P_1 = \frac{P_1}{K}, \quad P_2 = \frac{P_2}{K}.$$

Puis en utilisant le temps adimensionnel, $\tau = u_{P_1} K t$, nous avons les équations adimensionnées suivantes :

$$\begin{cases} \frac{dP_1}{d\tau} = a P_1 (1 - P_1) - P_1 Z = \pi_1(P_1, P_2, Z) \\ \frac{dP_2}{d\tau} = b P_2 (1 - P_2) - \frac{c P_2 Z}{1 + P_2 d} = \pi_2(P_1, P_2, Z) \\ \frac{dZ}{d\tau} = e P_1 Z - f Z - \frac{g P_2 Z}{1 + P_2 d} = \pi_3(P_1, P_2, Z) \end{cases} \quad (4.1.2)$$

où

$$a = \frac{r_{P_1}}{u_{P_1} K}, \quad b = \frac{r_{P_2}}{u_{P_1} K}, \quad c = \frac{\theta_2}{u_{P_1} \gamma}, \quad d = \frac{K}{\gamma}, \quad e = \frac{\beta_z}{\mu_{P_1}}, \quad f = \frac{\mu}{K \mu_{P_1}}, \quad g = \frac{\theta}{\mu_{P_1} \gamma}.$$

4.1.1.2 Existence et unicité locale

Dans cette partie, nous allons vérifier l'existence, l'unicité locale de solution du système (4.1.2). comme nous devrions tenir compte de la positivité de ces solutions, nous allons

4.1. MODÈLES NON STRUCTURÉS

également énoncer un résultat qui assure la conservation de la positivité de nos solutions.

Proposition. 4.1.1 *Le système (4.1.2) admet une unique solution maximale $(P_1(\tau), P_2(\tau), Z(\tau))$ définie sur un intervalle $[0, T_{max}[$. De plus l'ensemble $\{P_1 \geq 0, P_2 \geq 0, Z \geq 0\}$ est positivement invariant pour le système (4.1.2).*

Preuve : En effet,

- Le théorème de **Cauchy – Lipschitz**, [10] assure l'existence et l'unicité de solution locale du système (4.1.2),
- Montrons maintenant que l'ensemble $\{P_1, P_2, Z\}$ est positivement invariant pour le système :

$$\begin{cases} \pi_1(0, P_2, Z) = 0, \text{ pour } P_2 \geq 0, Z \geq 0 \\ \pi_2(P_1, 0, Z) = 0, \text{ pour } P_1 \geq 0, Z \geq 0 \\ \pi_3(P_1, P_2, 0) = 0, \text{ pour } P_1 \geq 0, P_2 \geq 0 \end{cases} \quad (4.1.3)$$

Par conséquent, on en déduit que l'ensemble $\{P_1 \geq 0, P_2 \geq 0, Z \geq 0\}$ est positivement invariant pour le système (4.1.2). On a ainsi montré l'existence de solution locale du système.

4.1.1.3 Analyse de la stabilité

Pour étudier la stabilité des états d'équilibres du système, nous allons déterminer ces différents états et ensuite nous verrons leurs stabilités.

Les états d'équilibres du système (4.1.2) sont donnés dans la proposition suivante :

Proposition. 4.1.2 *Les états d'équilibre sont les suivants :*

- l'équilibre triviale du plancton $E_0 = (0, 0, 0)$
- l'équilibre triviale du phytoplancton toxique et du zooplancton $E_1 = (1, 0, 0)$
- l'équilibre semi-triviale du phytoplancton $E_2 = (0, 1, 1)$
- l'équilibre semi-triviale du Zooplancton $E_3 = (1, 1, 0)$
- l'équilibre semi-triviale du phytoplancton toxique $E_4 = \left(\frac{f}{e}, 0, a(1 - \frac{f}{e})\right)$ admissible si et seulement si $\beta_Z K > \mu$
- l'équilibre positive $E^* = (P_1^*, P_2^*, Z^*)$
avec

$$Z^* = a(1 - P^*), \quad P_2^* = \left(\frac{eP_1^* - f}{g + fd - eP_1^*d}\right)$$

4.1. MODÈLES NON STRUCTURÉS

Où P_1^* satisfaisant la relation :

$$AP_1^{*3} + BP_1^{*2} + CP_1^* + D = 0, \quad A = cae^2d^2, \quad B = -cae^2d^2 - 2ca(g + fd)ed, \\ C = -bge(1 + d) + 2ca(g + fd)ed + ca(g + fd)^2, \quad D = bg(g + fd + f) - ca(g + fd)^2$$

Preuve : En effet, lorsque nous considérons le système

$$\begin{cases} aP_1(1 - P_1) - P_1Z = 0 \\ bP_2(1 - P_2) - \frac{cP_2Z}{1 + P_2d} = 0 \\ eP_1Z - fZ - \frac{gP_2Z}{1 + P_2d} = 0 \end{cases} \quad (4.1.4)$$

alors on a les solutions suivantes :

- Si $P_1 = P_2 = 0$ alors on obtient que $Z = 0$. Par suite, on a l'équilibre E_0 .
- En procédant de la même manière, on obtient les points d'équilibres E_1, E_2, E_3
- En faisant maintenant $P_1 = \frac{f}{e}, P_2 = 0$ alors, on obtient $Z = a \left(1 - \frac{f}{e}\right)$ qui est admissible si et seulement si $a \left(1 - \frac{f}{e}\right) > 0$. Par suite, $\beta_z K > \mu$.
- Soit maintenant $E^*(P_1^*, P_2^*, Z^*)$ l'équilibre positive, alors chaque équation du système s'annule en ces points. Ainsi de l'équation $aP_1^*(1 - P_1^*) - P_1^*Z^* = 0$, on obtient que $Z^* = a(1 - P_1^*)$. En remplaçant cette valeur dans les deux dernières équations, on trouve $P_2^* = \left(\frac{eP_1^* - f}{g + fd - eP_1^*d}\right)$ avec P_1^* satisfaisant la relation :
 $AP_1^{*3} + BP_1^{*2} + CP_1^* + D = 0, \quad A = cae^2d^2, \quad B = -cae^2d^2 - 2ca(g + fd)ed, \\ C = -bge(1 + d) + 2ca(g + fd)ed + ca(g + fd)^2, \quad D = bg(g + fd + f) - ca(g + fd)^2$

Lemme. 4.1.1 *L'équilibre positive E^* existe si et seulement si $T_1 < \theta_2 < T_2, M_1 < P_1^* < M_2$ avec :*

$$T_1 = \frac{r_{P_2}\theta\beta_z(\gamma + K)\mu_{P_1}\gamma}{(2\beta_zK + \theta + \mu)r_{P_1}(\theta + \mu)}, \quad T_2 = \frac{r_{P_2}\theta r_{P_1}\mu_{P_1}\gamma(K\theta + \mu K + \mu\gamma)}{Kr_{P_1}(\theta + \mu)^2},$$

et

$$M_1 = \frac{f}{e}, \quad M_2 = \max \left\{ 1, \frac{g}{ed} + \frac{f}{e} \right\}$$

Nous allons à présent regarder la stabilité des états d'équilibre ci-dessus.

Proposition. 4.1.3 :

1. L'état $E_0 = (0, 0, 0)$ est un point selle,

4.1. MODÈLES NON STRUCTURÉS

2. Les états $E_1 = (1, 0, 0)$, $E_2 = (0, 1, 0)$ et $E_3 = (1, 1, 0)$ sont des points selles instables,

3. L'état

$$E_4 = \left(\frac{f}{e}, 0, a\left(1 - \frac{f}{e}\right) \right)$$

est instable si

$$\frac{\mu_{P_1} \beta_Z \gamma K r_{P_2}}{r_{P_1} (\beta_Z K - \mu)} > \theta_2.$$

Preuve : En effet,

1. Les coordonnées du point d'équilibre E_0 étant tous nuls, alors l'état $E_0 = (0, 0, 0)$ est un point selle.
2. Les points d'équilibre E_1 , E_2 et E_3 sont constitués des coordonnées nulles et positives alors les états $E_1 = (1, 0, 0)$, $E_2 = (0, 1, 0)$ et $E_3 = (1, 1, 0)$ sont des points selles instables.
3. Notons maintenant

$$J(P_1, P_2, Z) = \begin{pmatrix} a - 2aP_1 - Z & 0 & -P_1 \\ 0 & b - 2aP_2 - \frac{cZ}{(1 + P_2d)^2} & -\frac{cP_2}{1 + P_2d} \\ eZ & -\frac{gZ}{(1 + P_2d)^2} & eP_1 - f - \frac{gP_2}{1 + P_2d} \end{pmatrix}$$

la matrice **Jacobienne** du système (4.1.2). Alors

$$J(E_4) = \begin{pmatrix} -\frac{af}{e} & 0 & -\frac{f}{e} \\ 0 & b - ac\left(1 - \frac{f}{e}\right) & 0 \\ ae\left(1 - \frac{f}{e}\right) & -ag\left(1 - \frac{f}{e}\right) & 0 \end{pmatrix}$$

et le polynôme caractéristique $J(E_4)$ est donné par :

$$\Upsilon_{J(E_4)}(X) = \left[b - ac\left(1 - \frac{f}{e}\right) - X \right] \left[X^2 + \frac{af}{e}X + af\left(1 - \frac{f}{e}\right) \right].$$

Par suite $E_4 = \left(\frac{f}{e}, 0, a\left(1 - \frac{f}{e}\right) \right)$ est instable si $b - ac\left(1 - \frac{f}{e}\right) > 0 \implies \frac{\theta_2}{\mu_{P_1} \gamma} < \frac{r_{P_2} \beta_Z}{\mu_{P_1}^2 K} \frac{\mu_{P_1}^2 K^2}{r_{P_1} (K \beta_Z - \mu)}$. En remplaçant a , b , c , f et e par leurs expressions, on obtient

4.1. MODÈLES NON STRUCTURÉS

$E_4 = \left(\frac{f}{e}, 0, a(1 - \frac{f}{e}) \right)$ est instable si

$$\frac{\mu_{P_1} \beta_Z \gamma K r_{P_2}}{r_{P_1} (\beta_Z K - \mu)} > \theta_2.$$

Théorème. 4.1.1 *Toutes les trois espèces persistent si*

$$\theta < \frac{\gamma(\beta_Z K - 2\mu)}{K} \quad (4.1.5)$$

Preuve

Considérons la matrice variationnelle du système (4.1.2) donnée par :

$$M^* = \begin{pmatrix} -aP_1^* & 0 & P_1^* \\ 0 & -bP_2^* - \frac{cZ^*}{(1+P_2^*d)^2} + \frac{cZ^*}{1+P_2^*d} & -\frac{cP_2^*}{1+P_2^*d} \\ eZ^* & \frac{-gZ^*}{(1+P_2^*d)^2} & 0 \end{pmatrix}$$

d'après l'analyse de la stabilité de l'équilibre positive E^* , on a

$$\theta < \frac{\gamma(\beta_Z K - 2\mu)}{K}$$

et on rappelle que les propriétés de stabilité de E^* dépendent du phytoplancton toxique. Posons $X_0 = P_1^*$ et par la suite, on obtient les inégalités suivantes en X_0 ,

$$\min \left[\frac{be}{a^2}d, \frac{fd + gd + fd^2 - g}{ed(d+1)}, \frac{M - \sqrt{M^2 - 4LN}}{2L} \right] < X_0 < \frac{M + \sqrt{M^2 - 4LN}}{2L} \quad (4.1.6)$$

Pour l'équilibre positive

$$E^* = (P_1^*, P_2^*, Z^*),$$

l'équation caractéristique est :

$$X^3 + A_1(X_0)X^2 + A_2(X_0)X + A_3(X_0) = 0$$

avec

$$-A_1(X_0) = aP_1^* + bP_2^* - \frac{cZ^*P_2^*d}{(1+P_2^*d)^2}.$$

4.1. MODÈLES NON STRUCTURÉS

$$\begin{aligned}
 - A_2(X_0) &= aP_1^* \left(bP_2^* - \frac{cZ^*P_2^*d}{(1+P_2^*d)^2} \right) - \frac{gcZ^*P_2^*}{(1+P_2^*d)^3} + P_1^*eZ^* \\
 - A_3(X_0) &= P_1^*eZ^* \left(bP_2^* - \frac{cZ^*P_2^*d}{(1+P_2^*d)^2} \right) - \frac{aP_1^*gcZ^*P_2^*}{(1+P_2^*d)^3} .
 \end{aligned}$$

Posons $B_1(X_0) = bP_2^* - \frac{cZ^*P_2^*d}{(1+P_2^*d)^2}$, et de l'égalité $b(1-P_2^*) = \frac{cZ^*}{1+P_2^*d}$, $eP_1^* - f = \frac{gP_2^*}{1+P_2^*d}$

On obtient

$$\begin{aligned}
 - A_1(X_0) &= aX_0 + B_1(X_0) \\
 - A_2(X_0) &= aX_0B_1(X_0) - \frac{cgZ^*P_2^*}{(1+P_2^*d)^3} + P_1^*eZ^* \\
 - A_3(X_0) &= \frac{abX_0(eX_0 - f)}{(1+P_2^*d)(g+fd-edX_0)^2} (-LX_0^2 + MN - N)
 \end{aligned}$$

Où

$$L = 2de^2(d+1), \quad M = ed(3g+3f+3fd+e+ed),$$

$$N = (g+fd)^2 + f(g+fd) - eg + efd + edg + efd^2.$$

Si $d > 1$, on a $L > 0$, $M > 0$, $N > 0$. De même, on a $A_1(X_0) > 0$, $A_3(X_0) > 0$ si les conditions (4.1.5) et (4.1.6) sont vérifiées.

Posons maintenant

$$\delta^2(X_0) = A_1(X_0)A_2(X_0) - A_3(X_0) = B_1(X_0)X_0 \left[a^2X_0 - \frac{be}{d} \right] + aX_0A_1^2(X_0) + aX_0^2eZ^* + \frac{gA_1^2(X_0)bf}{d}$$

. Si les conditions (4.1.5) et (4.1.6) sont vérifiées, alors $\delta^2(X_0) > 0$. Ainsi, d'après le critère de **Routh – Hurwitz** E^* est localement asymptotiquement stable.

4.1.2 L'étude du modèle phytoplancton-zooplancton-poisson en présence de toxine avec subdivision du phytoplancton (P_1, P_2, Z, F)

En rappel il s'agit du système :

$$\left\{ \begin{aligned}
 \frac{dP_1}{dt} &= r_{p_1}P_1 \left(1 - \frac{P_1}{K_1} \right) - \mu_{\epsilon_1}P_1Z - \frac{\lambda_{p_1}\alpha_0P_1F}{\alpha_0P_1 + \alpha_0P_2 + Z}, & P_1(0) > 0 \\
 \frac{dP_2}{dt} &= r_{p_2}P_2 \left(1 - \frac{P_2}{K_2} \right) - \frac{\theta_2P_2Z}{\gamma + P_2} - \frac{\lambda_{p_2}\alpha_0P_2F}{\alpha_0P_1 + \alpha_0P_2 + Z}, & P_2(0) > 0 \\
 \frac{dZ}{dt} &= r_zZ \left(1 - \frac{\mu_{\epsilon_1}\mu_{\epsilon_2}Z}{\mu_{\epsilon_2}P_1 + \mu_{\epsilon_1}P_2} \right) - \frac{\theta_2P_2Z}{\gamma + P_2} - \frac{\lambda_zZF}{\alpha_0P_1 + \alpha_0P_2 + Z}, & Z(0) = Z_0 > 0 \\
 \frac{dF}{dt} &= r_fF \left(1 - \frac{\lambda_{p_1}\lambda_{p_2}\lambda_zF}{\lambda_{p_2}\lambda_zP_1 + \lambda_{p_1}\lambda_zP_2 + \lambda_{p_1}\lambda_{p_2}Z} \right) - m_fF, & F(0) = F_0 > 0
 \end{aligned} \right. \quad (4.1.7)$$

4.1. MODÈLES NON STRUCTURÉS

4.1.2.1 Étude globale

Pour l'étude globale de ce modèle, nous allons transformer le système de sorte à obtenir un système différentiel non-linéaire régulier et ce, indépendamment des paramètres démographiques.

En effet, posons :

$\hat{P}_1 = \alpha_0 P_1$, $\hat{P}_2 = \alpha_0 P_2$, $Q_1 = \frac{P_1 + Z}{P_1 + P_2 + Z}$ (La proportion du phytoplancton non toxique et du zooplancton dans la population totale de ressource), $Q_2 = \frac{P_2 + Z}{P_1 + P_2 + Z}$ (La proportion du phytoplancton toxique et du zooplancton dans la population totale de ressource), $Q_3 = \frac{F}{P_1 + P_2 + Z}$ (le ratio poisson/ressource totale) et $H = P_1 + P_2 + Z$ (la ressource totale)

Notre objectif est de ramener le système (4.1.7) sous la forme suivante :

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dH}{dt} = G_1(H, Q_1, Q_2, Q_3) \\ \frac{dQ_1}{dt} = G_2(H, Q_1, Q_2, Q_3) \\ \frac{dQ_2}{dt} = G_3(H, Q_1, Q_2, Q_3) \\ \frac{dQ_3}{dt} = G_4(H, Q_1, Q_2, Q_3) \end{array} \right. \quad (4.1.8)$$

Nous faisons l'hypothèse que $0 \leq Q_1 < 1$ et $0 \leq Q_2 \leq 1$.

On a :

$$\begin{aligned} \frac{dH}{dt} = \frac{dP_1}{dt} + \frac{dP_2}{dt} + \frac{dZ}{dt} = r_{p_1} P_1 \left(1 - \frac{P_1}{K_1}\right) - \mu_{\epsilon_1} P_1 Z - \frac{\lambda_{p_1} \alpha_0 P_1 F}{\alpha_0 P_1 + \alpha_0 P_2 + Z} + r_{p_2} P_2 \left(1 - \frac{P_2}{K_2}\right) \\ - \frac{\theta_2 P_2 Z}{\gamma + P_2} - \frac{\lambda_{p_2} \alpha_0 P_2 F}{\alpha_0 P_1 + \alpha_0 P_2 + Z} + r_z Z \left(1 - \frac{\mu_{\epsilon_1} \mu_{\epsilon_2} Z}{\mu_{\epsilon_2} P_1 + \mu_{\epsilon_1} P_2}\right) - \frac{\theta P_2 Z}{\gamma + P_2} - \frac{\lambda_z Z F}{\alpha_0 P_1 + \alpha_0 P_2 + Z} \end{aligned}$$

En développant et en remplaçant H , Q_1 , Q_2 , Q_3 par leurs valeurs, il vient que :

$$\begin{aligned} \frac{dH}{dt} = \left[(r_{P_2}(1-Q_1) - \frac{r_{P_2}}{K_2}(1-Q_1)^2 H) + (r_{P_1}(1-Q_2) - \frac{r_{P_1}}{K_1}(1-Q_2)^2 H) + (Q_1+Q_2-1)(-\mu_{\epsilon_1}(1-Q_2)H) \right. \\ \left. - \frac{(\theta_2 + \theta)(1-Q_1)H}{\gamma + (1-Q_1)H} + r_z \left(1 - \frac{\mu_{\epsilon_1} \mu_{\epsilon_2} (Q_1 + Q_2 - 1)}{\mu_{\epsilon_2} (1-Q_2) + \mu_{\epsilon_1} (1-Q_1)}\right) \right. \\ \left. - ((\lambda_z - \lambda_{P_1})Q_2 + (\lambda_z - \lambda_{P_2})Q_1 + \lambda_{P_1} + \lambda_{P_2} - \lambda_Z)Q_3 \right] H. \end{aligned}$$

De façon analogue, on a :

4.1. MODÈLES NON STRUCTURÉS

$$\begin{aligned}
\frac{dQ_1}{dt} = & (1 - Q_1) \left[\mu_{\epsilon_1}(1 - Q_2)H - r_z \left(1 - \frac{\mu_{\epsilon_1}\mu_{\epsilon_2}(Q_1 + Q_2 - 1)}{\mu_{\epsilon_2}(1 - Q_2) + \mu_{\epsilon_1}(1 - Q_1)} \right) - \frac{\theta(Q_1 + Q_2 - 1)H}{\gamma + (1 - Q_1)H} \right. \\
& + \lambda_z(1 - Q_1)Q_3 + r_{P_1} \frac{(1 - Q_2)}{1 - Q_1} \left(1 - \frac{(1 - Q_2)H}{K_2} \right) - \frac{Q_2(1 - Q_2)\mu_{\epsilon_1}H}{(1 - Q_1)} \\
& - \frac{\lambda_{P_1}Q_3}{(1 - Q_1)} + \frac{r_Z Q_3}{(1 - Q_1)} \left(1 - \frac{\mu_{\epsilon_1}\mu_{\epsilon_2}(Q_1 + Q_2 - 1)}{\mu_{\epsilon_2}(1 - Q_2) + \mu_{\epsilon_1}(1 - Q_1)} \right) \\
& \left. - \frac{\lambda_Z Q_3}{(1 - Q_1)} \right] - \left[(r_{P_2}(1 - Q_1) - \frac{r_{P_2}}{K_2}(1 - Q_1)^2 H) + (r_{P_1}(1 - Q_2) \right. \\
& \left. - \frac{r_{P_1}}{K_1}(1 - Q_2)^2 H) + (Q_1 + Q_2 - 1)(-\mu_{\epsilon_1}(1 - Q_2)H - \frac{(\theta_2 + \theta)(1 - Q_1)H}{\gamma + (1 - Q_1)H}) \right. \\
& \left. + r_z \left(1 - \frac{\mu_{\epsilon_1}\mu_{\epsilon_2}(Q_1 + Q_2 - 1)}{\mu_{\epsilon_2}(1 - Q_2) + \mu_{\epsilon_1}(1 - Q_1)} \right) - ((\lambda_z - \lambda_{P_1})Q_2 + (\lambda_z - \lambda_{P_2})Q_1 + \lambda_{P_1} + \lambda_{P_2} - \lambda_Z) Q_3 \right] Q_1.
\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
\frac{dQ_2}{dt} = & (1 - Q_2) \left[\lambda_Z Q_3 + \frac{(\theta + \theta_2)H}{\gamma + (1 - Q_1)H} - r_z \left(1 - \frac{\mu_{\epsilon_1}\mu_{\epsilon_2}(Q_1 + Q_2 - 1)}{\mu_{\epsilon_2}(1 - Q_2) + \mu_{\epsilon_1}(1 - Q_1)} \right) \right] \\
& + Q_1 \left[r_Z \left(1 - \frac{\mu_{\epsilon_1}\mu_{\epsilon_2}(Q_1 + Q_2 - 1)}{\mu_{\epsilon_2}(1 - Q_2) + \mu_{\epsilon_1}(1 - Q_1)} \right) - \lambda_Z Q_3 - \frac{(\theta + \theta_2)H}{\gamma + (1 - Q_1)H} \right] \\
& + (1 - Q_1) \left[r_{P_2} \left(1 - \frac{(1 - Q_1)H}{K_2} \right) - \lambda_{P_2} Q_3 \right] \\
& - \left[(r_{P_2}(1 - Q_1) - \frac{r_{P_2}}{K_2}(1 - Q_1)^2 H) + (r_{P_1}(1 - Q_2) - \frac{r_{P_1}}{K_1}(1 - Q_2)^2 H) \right. \\
& \left. + (Q_1 + Q_2 - 1) \left(-\mu_{\epsilon_1}(1 - Q_2)H - \frac{(\theta_2 + \theta)(1 - Q_1)H}{\gamma + (1 - Q_1)H} + r_z \left(1 - \frac{\mu_{\epsilon_1}\mu_{\epsilon_2}(Q_1 + Q_2 - 1)}{\mu_{\epsilon_2}(1 - Q_2) + \mu_{\epsilon_1}(1 - Q_1)} \right) \right) \right. \\
& \left. - ((\lambda_z - \lambda_{P_1})Q_2 + (\lambda_z - \lambda_{P_2})Q_1 + \lambda_{P_1} + \lambda_{P_2} - \lambda_Z) Q_3 \right] Q_2,
\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
\frac{dQ_3}{dt} = & r_f \left(1 - \frac{\lambda_{P_1}\lambda_{P_2}\lambda_Z Q_3}{\lambda_{P_2}\lambda_Z(1 - Q_2) + \lambda_1\lambda_Z(1 - Q_1) + \lambda_{P_1}\lambda_{P_2}(Q_1 + Q_2) - 1} \right) Q_3 - m_f Q_3 \\
& - \left[(r_{P_2}(1 - Q_1) - \frac{r_{P_2}}{K_2}(1 - Q_1)^2 H) + (r_{P_1}(1 - Q_2) - \frac{r_{P_1}}{K_1}(1 - Q_2)^2 H) \right. \\
& \left. + (Q_1 + Q_2 - 1)(-\mu_{\epsilon_1}(1 - Q_2)H - \frac{(\theta_2 + \theta)(1 - Q_1)H}{\gamma + (1 - Q_1)H} + r_z \left(1 - \frac{\mu_{\epsilon_1}\mu_{\epsilon_2}(Q_1 + Q_2 - 1)}{\mu_{\epsilon_2}(1 - Q_2) + \mu_{\epsilon_1}(1 - Q_1)} \right) \right. \\
& \left. - ((\lambda_z - \lambda_{P_1})Q_2 + (\lambda_z - \lambda_{P_2})Q_1 + \lambda_{P_1} + \lambda_{P_2} - \lambda_Z) Q_3 \right] Q_3.
\end{aligned}$$

4.1. MODÈLES NON STRUCTURÉS

En posant :

$$\left\{ \begin{array}{l} F_1(Q_1, H) = (r_{P_2}(1 - Q_1) - \frac{r_{P_2}}{K_2}(1 - Q_1)^2 H) \\ F_2(Q_2, H) = (r_{P_1}(1 - Q_2) - \frac{r_{P_1}}{K_1}(1 - Q_2)^2 H) \\ F_3(Q_1, Q_2, H) = (Q_1 + Q_2 - 1)(-\mu_{\epsilon_1}(1 - Q_2)H) \\ - \frac{(\theta_2 + \theta)(1 - Q_1)H}{\gamma + (1 - Q_1)H} + r_z \left(1 - \frac{\mu_{\epsilon_1}\mu_{\epsilon_2}(Q_1 + Q_2 - 1)}{\mu_{\epsilon_2}(1 - Q_2) + \mu_{\epsilon_1}(1 - Q_1)} \right) \\ F_4(Q_1, Q_2, Q_3, H) = ((\lambda_z - \lambda_{P_1})Q_2 + (\lambda_z - \lambda_{P_2})Q_1 + \lambda_{P_1} + \lambda_{P_2} - \lambda_z)Q_3 \end{array} \right. \quad (4.1.9)$$

On obtient

$$\frac{dH}{dt} = \left[F_1(Q_1, H) + F_2(Q_2, H) + F_3(Q_1, Q_2, H) - F_4(Q_1, Q_2, Q_3, H) \right] H.$$

posons maintenant

$$\left\{ \begin{array}{l} (1 - Q_1)V_1(Q_1, Q_2, Q_3, H) = (1 - Q_1) \left[\mu_{\epsilon_1}(1 - Q_2)H - r_z \left(1 - \frac{\mu_{\epsilon_1}\mu_{\epsilon_2}(Q_1 + Q_2 - 1)}{\mu_{\epsilon_2}(1 - Q_2) + \mu_{\epsilon_1}(1 - Q_1)} \right) \right. \\ \left. - \frac{\theta(Q_1 + Q_2 - 1)H}{\gamma + (1 - Q_1)H} \right. \\ \left. + \lambda_z(1 - Q_1)Q_3 + r_{P_1} \frac{(1 - Q_2)}{1 - Q_1} \left(1 - \frac{(1 - Q_2)H}{K_2} \right) \right. \\ \left. - \frac{Q_2(1 - Q_2)\mu_{\epsilon_1}H}{(1 - Q_1)} - \frac{\lambda_{P_1}Q_3}{(1 - Q_1)} \right. \\ \left. + \frac{r_z Q_3}{(1 - Q_1)} \left(1 - \frac{\mu_{\epsilon_1}\mu_{\epsilon_2}(Q_1 + Q_2 - 1)}{\mu_{\epsilon_2}(1 - Q_2) + \mu_{\epsilon_1}(1 - Q_1)} \right) - \frac{\lambda_z Q_3}{(1 - Q_1)} \right] \\ Q_1 V_2(Q_1, Q_2, Q_3, H) = [F_1(Q_1, H) + F_2(Q_2, H) + F_3(Q_1, Q_2, H) - F_4(Q_1, Q_2, Q_3, H)] Q_1 \end{array} \right. \quad (4.1.10)$$

Alors, on obtient :

$$\frac{dQ_1}{dt} = (1 - Q_1)V_1(Q_1, Q_2, Q_3, H) - Q_1 V_2(Q_1, Q_2, Q_3, H)$$

4.1. MODÈLES NON STRUCTURÉS

En outre, en posant

$$\left\{ \begin{array}{l} (1 - Q_1)L_1(Q_1, Q_2, Q_3, H) = (1 - Q_2) \left[\lambda_Z Q_3 + \frac{(\theta + \theta_2)H}{\gamma + (1 - Q_1)H} \right. \\ \left. - r_Z \left(1 - \frac{\mu_{\epsilon_1} \mu_{\epsilon_2} (Q_1 + Q_2 - 1)}{\mu_{\epsilon_2} (1 - Q_2) + \mu_{\epsilon_1} (1 - Q_1)} \right) \right] \\ Q_1 L_2(Q_1, Q_2, Q_3, H) = Q_1 \left[r_Z \left(1 - \frac{\mu_{\epsilon_1} \mu_{\epsilon_2} (Q_1 + Q_2 - 1)}{\mu_{\epsilon_2} (1 - Q_2) + \mu_{\epsilon_1} (1 - Q_1)} \right) - \lambda_Z Q_3 \right. \\ \left. - \frac{(\theta + \theta_2)H}{\gamma + (1 - Q_1)H} \right] (1 - Q_1) L_3(Q_1, Q_2, Q_3, H) = (1 - Q_1) \left[r_{P_2} \left(1 - \frac{(1 - Q_1)H}{K_2} \right) - \lambda_{P_2} Q_3 \right] \\ Q_2 L_4(Q_1, Q_2, Q_3, H) = Q_2 \left[F_1(Q_1, H) + F_2(Q_2, H) + F_3(Q_1, Q_2, H) - F_4(Q_1, Q_2, Q_3, H) \right] \end{array} \right. \quad (4.1.11)$$

Alors, on a :

$$\frac{dQ_2}{dt} = \left[(1 - Q_2)L_1(Q_1, Q_2, Q_3, H) + Q_1 L_2(Q_1, Q_2, Q_3, H) + (1 - Q_1)L_3(Q_1, Q_2, Q_3, H) - Q_2 L_4(Q_1, Q_2, Q_3, H) \right]$$

Finalement, en posant :

$$\left\{ \begin{array}{l} Q_3 V_3(Q_1, Q_2, Q_3) = r_f \left(1 - \frac{\lambda_{P_1} \lambda_{P_2} \lambda_Z Q_3}{\lambda_{P_2} \lambda_Z (1 - Q_2) + \lambda_1 \lambda_Z (1 - Q_1) + \lambda_{P_1} \lambda_{P_2} (Q_1 + Q_2) - 1} \right) Q_3 - m_f Q_3 \\ Q_3 V_4(Q_1, Q_2, Q_3) = Q_3 \left[F_1(Q_1, H) + F_2(Q_2, H) + F_3(Q_1, Q_2, H) - F_4(Q_1, Q_2, Q_3, H) \right] \end{array} \right. \quad (4.1.12)$$

Et, on obtient :

$$\frac{dQ_3}{dt} = \left[Q_3 V_3(Q_1, Q_2, Q_3) - Q_3 V_4(Q_1, Q_2, Q_3) \right]$$

Par suite, le système (4.1.7) s'écrit de la façon suivante :

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dH}{dt} = G_1(H, Q_1, Q_2, Q_3) \\ \frac{dQ_1}{dt} = G_2(H, Q_1, Q_2, Q_3) \\ \frac{dQ_2}{dt} = G_3(H, Q_1, Q_2, Q_3) \\ \frac{dQ_3}{dt} = G_4(H, Q_1, Q_2, Q_3) \end{array} \right. \quad (4.1.13)$$

4.1. MODÈLES NON STRUCTURÉS

Le système (4.1.7) admet une solution si et seulement si le système (4.1.8) admet une solution. En effet les résultats que nous allons obtenir sont transposable au système (4.1.7) en utilisant

$$P_1 = (1 - Q_2)H, \quad P_2 = (1 - Q_1)H, \quad F = Q_3H \quad \text{et} \quad Z = (Q_1 + Q_2 - 1)H.$$

Pour l'étude du système (4.1.8), nous allons vérifier d'abord l'existence et l'unicité locale des solutions. Mais nous devons tenir compte de la positivité de ces solutions. Ce qui nous amène à énoncer un résultat important qui nous assure la conservation de la positivité.

4.1.2.2 Existence et unicité de la solution locale

Proposition. 4.1.4 *Le système (4.1.8) admet une unique solution maximale $(H(t), Q_1(t), Q_2(t), Q_3(t))$ définie sur un intervalle $[0, T_{max}]$. De plus, l'ensemble $\{H \geq 0, 0 \leq Q_1 < 1, 0 \leq Q_2 \leq 1, Q_3 \geq 0\}$ est positivement invariant pour le système (4.1.8).*

Preuve : En effet,

- Le théorème de **Cauchy – Lipschitz** assure l'existence et unicité du système (4.1.8).
- Montrons que l'ensemble $\{H \geq 0, 0 \leq Q_1 < 1, 0 \leq Q_2 \leq 1, Q_3 \geq 0\}$ est positivement invariant pour le système (4.1.8).

En considérant le système (4.1.8), on a :

$$\left\{ \begin{array}{l} G_1(0, Q_1, Q_2, Q_3) = 0, \quad 0 \leq Q_1 < 1, \quad 0 \leq Q_2 \leq 1 \quad \text{et} \quad Q_3 \geq 0 \\ G_2(0, 0, Q_2, 0) = -r_Z < 0, \quad 0 \leq Q_2 \leq 1 \\ G_3(0, 0, 1, 0) = \lambda_{P_1} - \lambda_Z \geq 0 \\ G_4(H, Q_1, Q_2, 0) = 0, \quad H \geq 0, \quad 0 \leq Q_1 < 1 \quad \text{et} \quad 0 \leq Q_2 \leq 1 \end{array} \right. \quad (4.1.14)$$

Par conséquent, on en déduit que l'ensemble $\{H \geq 0, 0 \leq Q_1 < 1, 0 \leq Q_2 \leq 1, Q_3 \geq 0\}$ est positivement invariant pour le système (4.1.8).

On a ainsi montré l'existence d'une solution locale du système (4.1.8). Mais lorsque $T_{max} = +\infty$, le problème (4.1.8) admet-il une solution globale ?

Remarque. 4.1.1 *La solution du système (4.1.8) est globale signifie qu'il y a existence des quatre populations (Phytoplancton non toxique, Phytoplancton toxique, Zooplancton et Poisson) sur un intervalle $[0, +\infty[$. Par contre si la solution n'est pas globale, cela signifie qu'au moins une des quatre populations va disparaître un moment donné.*

Pour l'étude de l'existence globale, nous sommes amené à trouver des conditions sur lesquelles les variables H, Q_1, Q_2 et Q_3 seront bornées afin de pouvoir appliquer le théorème

4.1. MODÈLES NON STRUCTURÉS

de Cauchy – Lipschitz. De la même manière, nous allons montrer que dans certaines conditions, on a Q_3 qui s'explode en temps fini et par la suite, nous verrons les conditions sur lesquelles l'une au moins des quatre populations va s'éteindre. Nous énonçons les hypothèses suivantes :

Hypothèse 1

$$r_f \left(1 - \frac{\lambda_{P_1} \lambda_{P_2} \lambda_z Q_3}{\lambda_{P_2} \lambda_z (1 - Q_2) + \lambda_{P_1} \lambda_z (1 - Q_1) + \lambda_{P_1} \lambda_{P_2} (Q_1 + Q_2 - 1)} \right) - m_f > 0$$

Hypothèse 2

$$(\lambda_z - \lambda_{P_1})Q_2 + (\lambda_z - \lambda_{P_2})Q_1 > \lambda_z - \lambda_{P_1} - \lambda_{P_2}.$$

4.1.2.3 Existence et unicité de solution globale

Nous allons regarder maintenant l'existence et l'unicité de solution globale du système (4.1.8). Pour ce faire, nous allons énoncer la proposition suivante.

Proposition. 4.1.5 *La variable d'état Q_3 du système explose en temps fini si l'hypothèse 1 est vérifiée et l'hypothèse 2 n'est pas vérifiée. C'est-à-dire qu'il existe $T_{max} < +\infty$ tel que $Q_3(t) \rightarrow +\infty$ quand $t \rightarrow +\infty$. Le problème de Cauchy (4.1.8) admet une solution globale en temps $H > 0$, $0 < Q_1 < 1$, $0 < Q_2 < 1$ et $Q_3 > 0$ c'est-à-dire $T_{max} = +\infty$ sous l'hypothèse 2.*

Preuve : On a $V_3 > 0$ si $r_f \left(1 - \frac{\lambda_{P_1} \lambda_{P_2} \lambda_z Q_3}{\lambda_{P_2} \lambda_z (1 - Q_2) + \lambda_{P_1} \lambda_z (1 - Q_1) + \lambda_{P_1} \lambda_{P_2} (Q_1 + Q_2 - 1)} \right) - m_f > 0$ pour $0 \leq Q_1 < 1$, $0 \leq Q_2 \leq 1$

De même $V_4 < 0$ si F_1, F_2, F_3 sont strictement négatives et F_4 est strictement positive c'est-à-dire

$$Q_1 + Q_2 < 1 < \frac{\mu_{\epsilon_1} \mu_{\epsilon_2} (Q_1 + Q_2 - 1)}{\mu_2 (1 - Q_2) + \mu_{\epsilon_1} (1 - Q_1)} \text{ et } H \leq \min \left(\frac{K_2}{1 - Q_1}, \frac{K_1}{1 - Q_2} \right)$$

avec Q_1 et Q_2 vérifiant

$$(\lambda_z - \lambda_{P_1})Q_2 + (\lambda_z - \lambda_{P_2})Q_1 < \lambda_z - \lambda_{P_1} - \lambda_{P_2}.$$

Dans ces conditions, on a $Q_3 \rightarrow +\infty$ quand $t \rightarrow T_{max}$ ($T_{max} < +\infty$), c'est-à-dire que Q_3 explose en temps fini lorsque l'hypothèse 1 est vérifiée et l'hypothèse 2 n'est pas vérifiée. Inversement, toujours sous les conditions $0 \leq Q_1 < 1$, $0 \leq Q_2 \leq 1$ et

$r_f \left(1 - \frac{\lambda_{P_1} \lambda_{P_2} \lambda_z Q_3}{\lambda_{P_2} \lambda_z (1 - Q_2) + \lambda_{P_1} \lambda_z (1 - Q_1) + \lambda_{P_1} \lambda_{P_2} (Q_1 + Q_2 - 1)} \right) - m_f > 0$. Nous allons maintenant trouver la condition sur laquelle $V_4 > 0$. $V_4 > 0$ signifie que F_1, F_2, F_3 sont strictement positives et F_4 est strictement négative c'est-à-dire

$$Q_1 + Q_2 > 1 > \frac{\mu_{\epsilon_1} \mu_{\epsilon_2} (Q_1 + Q_2 - 1)}{\mu_2 (1 - Q_2) + \mu_{\epsilon_1} (1 - Q_1)} \text{ et } H > \max \left(\frac{K_2}{1 - Q_1}, \frac{K_1}{1 - Q_2} \right)$$

4.1. MODÈLES NON STRUCTURÉS

avec Q_1 et Q_2 vérifiant

$$(\lambda_z - \lambda_{P_1})Q_2 + (\lambda_z - \lambda_{P_2})Q_1 > \lambda_z - \lambda_{P_1} - \lambda_{P_2}.$$

Regardons maintenant la deuxième équation du problème (4.1.12), on procède de la même manière, on voit que $Q_3(t)$ ne peut pas tendre vers l'infini quand $t \rightarrow T_{max}$ ($T_{max} < +\infty$) avec la condition

$$r_f \left(1 - \frac{\lambda_{P_1} \lambda_{P_2} \lambda_z Q_3}{\lambda_{P_2} \lambda_z (1 - Q_2) + \lambda_{P_1} \lambda_z (1 - Q_1) + \lambda_{P_1} \lambda_{P_2} (Q_1 + Q_2 - 1)} \right) - m_f > 0$$

De plus $F_1 \leq 0$ et $F_2 \leq 0$ entraîne que H est bornée. Par conséquent, on a existence de solution globale en temps du système (4.1.8) lorsque $0 \leq Q_1 < 1$, $0 \leq Q_2 \leq 1$

On en déduit alors le corollaire suivant :

Corollaire. 4.1.1 *on a :*

- Si l'hypothèse 1 est vérifiée et l'hypothèse 2 n'est pas vérifiée, nous avons une extinction d'au moins une des quatre population.
- Sous l'hypothèse 2 nous avons l'existence des quatre populations.

4.1.2.4 Analyse de la stabilité des équilibres

Pour étudier la stabilité des états d'équilibres, du système 4.1.7, nous allons déterminer ses différents états et ensuite nous verrons leurs stabilités.

4.1.2.4.1 Equilibres semi-triviaux

En ce qui concerne la détermination des différents états stationnaires semi- triviaux, nous énonçons le résultat suivant.

Proposition. 4.1.6 *Les états semi-triviaux du système (4.1.7) sont les suivants :*

$$(E_1) : P_1 = K_1, P_2 = K_2, Z = 0, F = 0$$

$$(E_2) : P_1 = 0, P_2 = K_2, Z = 0, F = 0$$

$$(E_3) : P_1 = K_1, P_2 = 0, Z = 0, F = 0$$

$$(E_4) : P_1 = 0, P_2 = (r_{P_2} r_f + m_f - r_f) \frac{K_2}{r_{P_2} r_f}, Z = 0, F = (1 - \frac{m_f}{r_f})(r_{P_2} r_f + m_f - r_f) \frac{K_2}{r_{P_2} r_f \lambda_{P_2}}$$

Cet état est admissible si et seulement si $r_{P_2} > 1 - \frac{m_f}{r_f}$ et $r_f > m_f$

$$(E_5) : P_1 = \frac{K_1 r_{P_1}}{K_1 + r_{P_1}}, P_2 = 0, Z = \frac{K_1 r_{P_1}}{\mu_{\epsilon_1} K_1 + \mu_{\epsilon_1} r_{P_1}}, F = 0$$

$$(E_6) : P_1 = (r_{P_1} r_f + m_f - r_f) \frac{K_1}{r_{P_1} r_f}, P_2 = 0, Z = 0, F = (1 - \frac{m_f}{r_f})(r_{P_1} r_f + m_f - r_f) \frac{K_1}{r_{P_1} r_f \lambda_{P_1}}$$

Cet état est admissible si et seulement si $r_{P_1} > 1 - \frac{m_f}{r_f}$ et $r_f > m_f$

4.1. MODÈLES NON STRUCTURÉS

Preuve :

Nous cherchons les états d'équilibre à composantes positives ou nulles. Pour cela, nous allons résoudre le système suivant :

$$\begin{cases} r_{p_1}P_1 \left(1 - \frac{P_1}{K_1}\right) - \mu_{\epsilon_1}P_1Z - \frac{\lambda_{p_1}\alpha_0P_1F}{\alpha_0P_1 + \alpha_0P_2 + Z} = 0 \\ r_{p_2}P_2 \left(1 - \frac{P_2}{K_2}\right) - \frac{\theta_2P_2Z}{\gamma + P_2} - \frac{\lambda_{p_2}\alpha_0P_2F}{\alpha_0P_1 + \alpha_0P_2 + Z} = 0 \\ r_zZ \left(1 - \frac{\mu_{\epsilon_1}\mu_{\epsilon_2}Z}{\mu_{\epsilon_2}P_1 + \mu_{\epsilon_1}P_2}\right) - \frac{\theta P_2Z}{\gamma + P_2} - \frac{\lambda_zZF}{\alpha_0P_1 + \alpha_0P_2 + Z} = 0 \\ r_fF \left(1 - \frac{\lambda_{p_1}\lambda_{p_2}\lambda_zF}{\lambda_{p_2}\lambda_zP_1 + \lambda_{p_1}\lambda_zP_2 + \lambda_{p_1}\lambda_{p_2}Z}\right) - m_fF = 0 \end{cases} \quad (4.1.15)$$

Mais les singularités en $P_1 = P_2 = 0$ font que l'état $(0, 0, 0, 0)$ n'est pas admissible.

- Si $Z = 0, F = 0$, alors on obtient que $P_1 = K_1$ et $P_2 = K_2$,
- Si $P_1 = 0, Z = 0, F = 0$, alors $P_2 = K_2$,
- Si $P_2 = 0, Z = 0, F = 0$, alors on obtient que $P_1 = K_1$.

Considérons à présent des états à deux composantes respectivement nulles, alors on a :

- Si $P_1 = 0, Z = 0$, alors P_2 et F vérifient l'équation $r_{P_2}P_2 \left(1 - \frac{P_2}{K_2}\right) - \lambda_{P_2}F = 0$ et $r_fF \left(1 - \frac{\lambda_{P_2}F}{P_2}\right) - m_fF = 0$. Comme, on cherche $P_2 \neq 0$, on tire la valeur de F dans la seconde équation qui nous donne $F = \frac{P_2}{\lambda_{P_2}} \left(1 - \frac{m_f}{r_f}\right)$. En remplaçant cette expression dans la première équation, on obtient $P_2 = (r_{P_2}r_f + m_f - r_f) \frac{K_2}{r_{P_2}r_f}$ et par suite $F = \left(1 - \frac{m_f}{r_f}\right) (r_{P_1}r_f + m_f - r_f) \frac{K_1}{r_{P_1}r_f\lambda_{P_1}}$ admissible si et seulement si $r_{P_1} > 1 - \frac{m_f}{r_f}$ et $r_f > m_f$
- Si $P_2 = 0, F = 0$, alors P_1 et Z vérifient $r_{P_1}P_1 \left(1 - \frac{P_1}{K_1}\right) - \mu_{\epsilon_1}P_1Z = 0$ et $r_zZ \left(1 - \frac{\mu_{\epsilon_1}Z}{P_1}\right) = 0$. En tirant P_1 dans la première équation, on a $r_{p_1} - \frac{r_{p_1}P}{K_1} - \mu_{\epsilon_1}Z = 0$. Remplaçons maintenant la valeur de P_1 dans la deuxième équation. Nous obtenons que $Z = \frac{K_1r_{P_1}}{\mu_1K_1 + \mu_1r_{P_1}}$ et par suite $P_1 = \frac{K_1r_{P_1}}{K_1 + r_{P_1}}$
- Si $P_2 = 0, Z = 0$, alors P_1 et F vérifient $r_{P_1}P_1 \left(1 - \frac{P_1}{K_1}\right) - \lambda_{P_1}F = 0$ et $r_f \left(1 - \frac{\lambda_{P_1}\lambda_{P_2}\lambda_zF}{\lambda_{P_2}\lambda_zP_1}\right) - m_f = 0$. De l'équation $r_f \left(1 - \frac{\lambda_{P_1}\lambda_{P_2}\lambda_zF}{\lambda_{P_2}\lambda_zP_1}\right) - m_f = 0$ on trouve $F = \frac{P_1}{\lambda_{P_1}} \left(1 - \frac{m_f}{r_f}\right)$.

4.1. MODÈLES NON STRUCTURÉS

En remplaçant cette valeur de F dans l'autre équation, on trouve $P_1 = (r_{P_1}r_f + m_f - r_f)\frac{K_1}{r_{P_1}r_f}$ et finalement $F = (1 - \frac{m_f}{r_f})(r_{P_1}r_f + m_f - r_f)\frac{K_1}{r_{P_1}r_f\lambda_{P_1}}$ admissible si et seulement si $r_{P_1} > 1 - \frac{m_f}{r_f}$ et $r_f > m_f$.

4.1.2.4.2 Stabilité des équilibres semi-triviaux

Pour l'étude de la stabilité de ces états, nos résultats sont obtenus par application du théorème de **Lyapunov**.

Proposition. 4.1.7 *On a :*

- Les états $E_1, E_2, \text{ et } E_3$ sont toujours instables.
- L'état E_4 est localement asymptotiquement stable si et seulement si $r_{P_2} - \frac{\lambda_{P_1}}{\lambda_{P_2}} \left(1 - \frac{m_f}{r_f}\right) < 0, r_Z - \frac{\theta K_2(r_{P_2}r_f + m_f - r_f)}{\gamma r_{P_2}r_f + (r_{P_2}r_f + m_f - r_f)} - \frac{\lambda_Z}{\alpha_0 r_{P_2}} \left(1 - \frac{m_f}{r_f}\right) < 0, -3r_{P_2} + r_f - m_f > 0$ et $\left(-3r_{P_2} - 2\frac{m_f}{r_f}\right) \left(r_f - m_f + 2\frac{m_f}{r_f}\right) + 2 \left(r_f - m_f + 4\frac{m_f}{r_f} + 3r_{P_2}\right) > 4$;
- E_5 est localement asymptotiquement stable si et seulement si $r_{P_2} - \frac{\theta_2 K_1 r_{P_1}}{\gamma(\mu_{\epsilon_1} K_1 + \mu_{\epsilon_1} r_{P_1})} < 0, r_f - m_f < 0, r_{P_1} - r_Z - \left(\frac{K_1 r_{P_1}}{K_1 + r_{P_1}} + 2\frac{r_{P_1}}{K_1}\right) < 0$ et $r_Z r_{P_1} \left(2\frac{K_1}{K_1 + r_{P_1}} + \frac{2}{K_1} - 1\right) > 0$.
- L'état E_6 est localement asymptotiquement stable si et seulement si $r_{P_2} - \frac{\lambda_{P_2}}{\lambda_{P_1}} \left(1 - \frac{m_f}{r_f}\right) < 0, r_Z - \frac{\lambda_Z}{\lambda_{P_1}} \left(1 - \frac{m_f}{r_f}\right) < 0, -r_{P_1} + r_f - m_f < 0$ et $2 \left(r_{P_1} + r_f - m_f + 4\frac{m_f}{r_f}\right) - \left(r_{P_1} + 2\frac{m_f}{r_f}\right) \left(r_f - m_f + 2\frac{m_f}{r_f}\right) + \frac{\lambda_{P_1} m_f \left(1 - \frac{m_f}{r_f}\right)}{r_{P_1} r_f K_1 (r_{P_1} r_f + m_f - r_f)} > 4$.

Preuve :

Notons $J(P_1, P_2, Z, F)$ la matrice **Jacobienne** du système (4.1.7) au point (P_1, P_2, Z, F) .

Alors, on a :

$$J(P_1, P_2, Z, F) = \begin{pmatrix} M_{11} & M_{12} & M_{13} & M_{14} \\ M_{21} & M_{22} & M_{23} & M_{24} \\ M_{31} & M_{32} & M_{33} & M_{34} \\ M_{41} & M_{42} & M_{43} & M_{44} \end{pmatrix}$$

où :

$$- M_{11} = \frac{\partial \left(\frac{dP_1}{dt}\right)}{\partial P_1} (P_1, P_2, Z, F) = r_{P_1} - 2\frac{r_{P_1}}{K_1} P_1 - \mu_{\epsilon_1} Z - \frac{(\alpha_0 P_2 + Z)\lambda_{P_1} F}{(\alpha_0 P_1 + \alpha_0 P_2 + Z)^2}.$$

$$\begin{aligned}
 -M_{12} &= \frac{\partial \left(\frac{dP_1}{dt} \right)}{\partial P_2} (P_1, P_2, Z, F) = \frac{\lambda_{P_1} \alpha_0^2 P_1 F}{(\alpha_0 P_1 + \alpha_0 P_2 + Z)^2}. \\
 -M_{13} &= \frac{\partial \left(\frac{dP_1}{dt} \right)}{\partial Z} (P_1, P_2, Z, F) = -\mu_{\epsilon_1} P_1 + \frac{\lambda_{P_1} \alpha_0 P_1 F}{(\alpha_0 P_1 + \alpha_0 P_2 + Z)^2} \\
 -M_{14} &= \frac{\partial \left(\frac{dP_1}{dt} \right)}{\partial F} (P_1, P_2, Z, F) = -\frac{\lambda_{P_1} \alpha_0 P_1}{(\alpha_0 P_1 + \alpha_0 P_2 + Z)}. \\
 -M_{21} &= \frac{\partial \left(\frac{dP_2}{dt} \right)}{\partial P_1} (P_1, P_2, Z, F) = \frac{\lambda_{P_2} \alpha_0^2 P_2 F}{(\alpha_0 P_1 + \alpha_0 P_2 + Z)^2}. \\
 -M_{22} &= \frac{\partial \left(\frac{dP_2}{dt} \right)}{\partial P_2} (P_1, P_2, Z, F) = r_{P_2} - 2 \frac{r_{P_2}}{K_2} P_2 - \frac{\theta_2 \gamma Z}{(\gamma + P_2)^2} - \frac{(\alpha_0 P_1 + Z) \lambda_{P_2} \alpha_0 F}{(\alpha_0 P_1 + \alpha_0 P_2 + Z)^2}. \\
 -M_{23} &= \frac{\partial \left(\frac{dP_2}{dt} \right)}{\partial Z} (P_1, P_2, Z, F) = \frac{-\theta_2 P_2}{\gamma + P_2} + \frac{\lambda_{P_2} \alpha_0 P_2 F}{(\alpha_0 P_1 + \alpha_0 P_2 + Z)^2}. \\
 -M_{24} &= \frac{\partial \left(\frac{dP_2}{dt} \right)}{\partial F} (P_1, P_2, Z, F) = -\frac{\lambda_{P_2} \alpha_0 P_2}{(\alpha_0 P_1 + \alpha_0 P_2 + Z)}. \\
 -M_{31} &= \frac{\partial \left(\frac{dZ}{dt} \right)}{\partial P_1} (P_1, P_2, Z, F) = \frac{r_Z \mu_{\epsilon_1} \mu_{\epsilon_2}^2 Z^2}{(\mu_{\epsilon_2} P_1 + \mu_{\epsilon_1} P_2)^2} + \frac{\lambda_Z \alpha_0}{(\alpha_0 P_1 + \alpha_0 P_2 + Z)^2} ZF. \\
 -M_{32} &= \frac{\partial \left(\frac{dZ}{dt} \right)}{\partial P_2} (P_1, P_2, Z, F) = \frac{r_Z \mu_{\epsilon_1}^2 \mu_{\epsilon_2} Z^2}{(\alpha_0 P_1 + \alpha_0 P_2 + Z)^2} - \frac{\theta \gamma Z}{(\gamma + P_2)^2} + \frac{\lambda_Z \alpha_0}{(\alpha_0 P_1 + \alpha_0 P_2 + Z)^2} ZF. \\
 -M_{33} &= \frac{\partial \left(\frac{dZ}{dt} \right)}{\partial Z} (P_1, P_2, Z, F) = r_F - 2 \frac{r_Z \mu_{\epsilon_1} \mu_{\epsilon_2} Z}{\mu_{\epsilon_2} P_1 + \mu_{\epsilon_1} P_2} - \frac{\theta P_2}{(\gamma + P_2)} - \frac{(P_1 + P_2) \lambda_Z \alpha_0 ZF}{(\alpha_0 P_1 + \alpha_0 P_2 + Z)^2}. \\
 -M_{34} &= \frac{\partial \left(\frac{dZ}{dt} \right)}{\partial F} (P_1, P_2, Z, F) = -\frac{\lambda_Z Z}{\alpha_0 P_1 + \alpha_0 P_2 + Z}. \\
 -M_{41} &= \frac{\partial \left(\frac{dF}{dt} \right)}{\partial P_1} (P_1, P_2, Z, F) = \frac{m_f \lambda_{P_1} \lambda_{P_2}^2 \lambda_Z^2 F}{(\lambda_{P_2} \lambda_Z P_1 + \lambda_{P_1} \lambda_Z P_2 + \lambda_{P_1} \lambda_{P_2} Z)^2} \\
 -M_{42} &= \frac{\partial \left(\frac{dF}{dt} \right)}{\partial P_2} (P_1, P_2, Z, F) = \frac{m_f \lambda_{P_1}^2 \lambda_{P_2} \lambda_Z^2 F^2}{(\lambda_{P_2} \lambda_Z P_1 + \lambda_{P_1} \lambda_Z P_2 + \lambda_{P_1} \lambda_{P_2} Z)^2} \\
 -M_{43} &= \frac{\partial \left(\frac{dF}{dt} \right)}{\partial Z} (P_1, P_2, Z, F) = \frac{m_f \lambda_{P_1}^2 \lambda_{P_2}^2 \lambda_Z F^2}{(\lambda_{P_2} \lambda_Z P_1 + \lambda_{P_1} \lambda_Z P_2 + \lambda_{P_1} \lambda_{P_2} Z)^2}
 \end{aligned}$$

4.1. MODÈLES NON STRUCTURÉS

$$- M_{44} = \frac{\partial \left(\frac{dF}{dt} \right)}{\partial F}(P_1, P_2, Z, F) = r_f - m_f - 2 \frac{\lambda_{P_1} \lambda_{P_2} \lambda_Z F}{\lambda_{P_2} \lambda_Z P_1 + \lambda_{P_1} \lambda_Z P_2 + \lambda_{P_1} \lambda_{P_2} Z}$$

Pour savoir si un état est stable ou pas, nous allons regarder l'ensemble des valeurs propres de la matrice **Jacobienne** en ces différents états que nous noterons $spectre(J)$. Lorsque toutes les valeurs propres de la matrice **Jacobienne** en un point sont de même signe et non nulles c'est à dire que si $spectre(J) \subset \mathbb{R}_+^*$ ou $spectre(J) \subset \mathbb{R}_-^*$, nous dirons que l'état est asymptotiquement stable et dans le cas contraire on dira que l'état est instable.

- La matrice **Jacobienne** pour l'état (E_1) s'écrit de la façon suivante :

$$J(E_1) = \begin{pmatrix} -r_{P_1} & 0 & -\mu_{\epsilon_1} K_1 & -\frac{\lambda_{P_1} \alpha_0 K_1}{\alpha_0 K_1 + \alpha_0 K_2} \\ 0 & -r_{P_2} & -\frac{\theta_2 K_2}{\gamma + K_2} & -\frac{\lambda_{P_2} \alpha_0 K_2}{\alpha_0 K_1 + \alpha_0 K_2} \\ 0 & 0 & r_Z - \frac{\theta K_2}{\gamma + K_2} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & r_f - m_f \end{pmatrix}$$

On a donc

$$spectre(J(E_1)) = \left\{ -r_{P_1}, -r_{P_2}, r_Z - \frac{\theta K_2}{\gamma + K_2}, r_f - m_f \right\}.$$

Il s'en suit que l'état $(K_1, K_2, 0, 0)$ est instable puisque $r_f - m_f > 0$ (le taux de croissance de la population de poisson est supérieur au taux de mortalité du poisson) et $-r_{P_1} < 0$, $-r_{P_2} < 0$

- Pour ce qui concerne l'état E_2 , on a :

$$J(E_2) = \begin{pmatrix} r_{P_1} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & -r_{P_2} & -\frac{\theta_2 K_2}{\gamma + K_2} & -\lambda_{P_2} \\ 0 & 0 & r_Z - \frac{\theta K_2}{\gamma + K_2} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & r_f - m_f \end{pmatrix}$$

La matrice $J(E_2)$ est également triangulaire supérieure. On a

$$spectre(J(E_2)) = \left\{ r_{P_1}, -r_{P_2}, r_Z - \frac{\theta K_2}{\gamma + K_2}, r_f - m_f \right\}$$

Comme $r_{P_1} > 0$, $-r_{P_2} < 0$ alors, on en déduit l'instabilité de l'état E_2 .

- En considérant la matrice **Jacobienne** au point E_3 , on a :

4.1. MODÈLES NON STRUCTURÉS

$$J(E_3) = \begin{pmatrix} -r_{P_1} & 0 & 0 & -\mu_{\epsilon_1} \\ 0 & r_{P_2} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & r_f - m_f \end{pmatrix}$$

La matrice $J(E_2)$ est également triangulaire supérieure. On a

$$\text{spectre}(J(E_3)) = \{-r_{P_1}, -r_{P_2}, 0, r_f - m_f\}$$

Comme $r_{P_1} > 0$, $-r_{P_2} < 0$ alors, on en déduit l'instabilité de l'état E_3

- Pour l'état (E_4), on a :

$$J(E_4) = \begin{pmatrix} A_{11} & A_{12} & A_{13} & A_{14} \\ A_{21} & A_{22} & A_{23} & A_{24} \\ A_{31} & A_{32} & A_{33} & A_{34} \\ A_{41} & A_{42} & A_{43} & A_{44} \end{pmatrix}$$

où :

- $A_{11} = r_{P_2} - \frac{\lambda_{P_1}}{\lambda_{P_2}} \left(1 - \frac{m_f}{r_f}\right)$.
- $A_{12} = A_{13} = A_{14} = A_{31} = A_{34} = A_{32} = 0$.
- $A_{21} = 1 - \frac{m_f}{r_f}$.
- $A_{22} = -r_{P_2} - \frac{2}{r_f}(r_{P_2}r_f + m_f - r_f)$.
- $A_{23} = -\frac{\theta_2 K_2 (r_{P_2}r_f + m_f - r_f)}{\gamma r_{P_2}r_f + (r_{P_2}r_f + m_f - r_f)}$.
- $A_{24} = -\lambda_{P_2}$.
- $A_{33} = r_Z - \frac{\theta K_2 (r_{P_2}r_f + m_f - r_f)}{\gamma r_{P_2}r_f + (r_{P_2}r_f + m_f - r_f)} - \frac{\lambda_Z}{\alpha_0 r_{P_2}} \left(1 - \frac{m_f}{r_f}\right)$.
- $A_{41} = \frac{m_f r_{P_2} r_f}{\lambda_{P_1} K_2 \lambda_{P_2} (r_{P_2} r_f + m_f - r_f)} \frac{1 - \frac{m_f}{r_f}}{r_f}$.
- $A_{42} = \frac{m_f}{\lambda_{P_2}} \left(1 - \frac{m_f}{r_f}\right)^2$.
- $A_{43} = \frac{m_f}{\lambda_Z} \left(1 - \frac{m_f}{r_f}\right)^2$.
- $A_{44} = r_f - m_f - 2 \left(1 - \frac{m_f}{r_f}\right)$.

4.1. MODÈLES NON STRUCTURÉS

Le polynôme caractéristique de la matrice $J(E_4)$ est donné par :

$$\Upsilon_{J(E_4)}(X) = (A_{11} - X)(A_{33} - X)(X^2 - (A_{22} + A_{44})X + A_{22}A_{44} - A_{24}A_{42})$$

Par suite, les valeurs propre de $J(E_4)$ sont données par :

$\gamma_1 = A_{11}$, $\gamma_2 = A_{33}$, $\gamma_3 + \gamma_4 = A_{22}A_{44} - A_{24}A_{42}$ et $\gamma_3\gamma_4 = A_{22} + A_{44}$. Donc l'états (E_4) est localement asymptotiquement stable si et seulement si

$$\gamma_1 < 0, \quad \gamma_2 < 0, \quad \gamma_3 + \gamma_4 < 0 \quad \text{et} \quad \gamma_3\gamma_4 > 0,$$

c'est-à-dire que

$$r_{P_2} - \frac{\lambda_{P_1}}{\lambda_{P_2}} \left(1 - \frac{m_f}{r_f}\right) < 0, \quad r_Z - \frac{\theta K_2(r_{P_2}r_f + m_f - r_f)}{\gamma r_{P_2}r_f + (r_{P_2}r_f + m_f - r_f)} - \frac{\lambda_Z}{\alpha_0 r_{P_2}} \left(1 - \frac{m_f}{r_f}\right) < 0, \quad -3r_{P_2} + r_f - m_f > 0$$

et

$$\left(-3r_{P_2} - 2\frac{m_f}{r_f}\right) \left(r_f - m_f + 2\frac{m_f}{r_f}\right) + 2 \left(r_f - m_f + 4\frac{m_f}{r_f} + 3r_{P_2}\right) > 4$$

- Pour l'état (E_5) , on a :

$$J(E_5) = \begin{pmatrix} B_{11} & B_{12} & B_{13} & B_{14} \\ B_{21} & B_{22} & B_{23} & B_{24} \\ B_{31} & B_{32} & B_{33} & B_{34} \\ B_{41} & B_{42} & B_{43} & B_{44} \end{pmatrix}$$

où :

- $B_{11} = r_{P_1} - \left(\frac{K_1 r_{P_1}}{K_1 + r_{P_1}} + 2\frac{r_{P_1}}{K_1}\right)$.
- $B_{13} = -\frac{\mu_{\epsilon_1} K_1 r_{P_1}}{K_1 + r_{P_1}}$.
- $B_{14} = -\frac{\lambda_{P_1} \alpha_0 \mu_{\epsilon_1} K_1 r_{P_1}}{\mu_{\epsilon_1} \alpha_0 K_1 r_{P_1} + K_1 r_{P_1}}$.
- $B_{21} = B_{23} = B_{24} = B_{41} = B_{42} = B_{43} = B_{12} = 0$.
- $B_{22} = r_{P_2} - \frac{\theta_2 K_1 r_{P_1}}{\gamma(\mu_{\epsilon_1} K_1 + \mu_{\epsilon_1} r_{P_1})}$.
- $B_{31} = \frac{r_Z}{\mu_{\epsilon_1}}$.
- $B_{32} = \frac{r_Z}{\mu_{\epsilon_2}} - \frac{\theta K_1 r_{P_1}}{\gamma(\mu_{\epsilon_1} K_1 + \mu_{\epsilon_1} r_{P_1})}$.
- $B_{33} = -r_Z$.
- $B_{34} = -\frac{\lambda_Z K_1 r_{P_1}}{\mu_{\epsilon_1}(\alpha_0 K_1 r_{P_1} + K_1 + r_{P_1})}$.
- $B_{44} = r_f - m_f$.

4.1. MODÈLES NON STRUCTURÉS

Le polynôme caractéristique de la matrice $J(E_5)$ est donné par :

$$\Upsilon_{J(E_5)}(X) = (B_{22} - X)(B_{44} - X)[X^2 - (B_{11} + B_{33})X + B_{11}B_{33} - B_{13}B_{31}]$$

. Par suite, les valeurs propres de $J(E_5)$ sont

$$\gamma_1 = r_{P_2} - \frac{\theta_2 K_1 r_{P_1}}{\gamma(\mu_{\epsilon_1} K_1 + \mu_{\epsilon_1} r_{P_1})}, \gamma_2 = r_f - m_f, \gamma_3 + \gamma_4 = r_{P_1} - r_Z - \left(\frac{K_1 r_{P_1}}{K_1 + r_{P_1}} + 2 \frac{r_{P_1}}{K_1} \right) \text{ et}$$

$$\gamma_3 \gamma_4 = r_Z r_{P_1} \left(2 \frac{K_1}{K_1 + r_{P_1}} + \frac{2}{K_1} - 1 \right)$$

Donc l'état (E_5) est localement asymptotiquement stable si et seulement si $\gamma_1 < 0$, $\gamma_2 < 0$,

$\gamma_3 + \gamma_4 < 0$ et $\gamma_3 \gamma_4 > 0$ c'est à dire $r_{P_2} - \frac{\theta_2 K_1 r_{P_1}}{\gamma(\mu_{\epsilon_1} K_1 + \mu_{\epsilon_1} r_{P_1})} < 0$, $r_f - m_f < 0$, $r_{P_1} - r_Z -$

$$\left(\frac{K_1 r_{P_1}}{K_1 + r_{P_1}} + 2 \frac{r_{P_1}}{K_1} \right) < 0 \text{ et } r_Z r_{P_1} \left(2 \frac{K_1}{K_1 + r_{P_1}} + \frac{2}{K_1} - 1 \right) > 0.$$

- Pour l'état (E_6) , on a :

$$J(E_6) = \begin{pmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} & C_{14} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} & C_{24} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} & C_{34} \\ C_{41} & C_{42} & C_{43} & C_{44} \end{pmatrix}$$

où :

$$- C_{11} = r_{P_1} - \frac{2}{r_f} (r_{P_1} r_f + m_f - r_f).$$

$$- C_{12} = 1 - \frac{m_f}{r_f}.$$

$$- C_{13} = -\frac{\mu_{\epsilon_1} K_1}{r_{P_1} r_f} (r_{P_1} r_f + m_f - r_f) + 1 - \frac{m_f}{r_f}.$$

$$- C_{14} = -\lambda_{P_1}.$$

$$- C_{21} = C_{23} = C_{24} = C_{31} = C_{32} = C_{34} = 0.$$

$$- C_{22} = r_{P_2} - \frac{\lambda_{P_2}}{\lambda_{P_1}} \left(1 - \frac{m_f}{r_f} \right).$$

$$- C_{33} = r_Z - \frac{\lambda_Z}{\lambda_{P_1}} \left(1 - \frac{m_f}{r_f} \right).$$

$$- C_{41} = \frac{m_f \left(1 - \frac{m_f}{r_f} \right)}{r_{P_1} r_f K_1 (r_{P_1} r_f + m_f - r_f)}.$$

$$- C_{42} = \frac{m_f}{\lambda_{P_2}} \left(1 - \frac{m_f}{r_f} \right).$$

$$- C_{43} = \frac{m_f}{\lambda_Z} \left(1 - \frac{m_f}{r_f} \right).$$

$$- C_{44} = r_f - m_f - 2 \left(1 - \frac{m_f}{r_f} \right).$$

4.1. MODÈLES NON STRUCTURÉS

Le polynôme caractéristique de la matrice $J(E_6)$ est donné par :

$$\Upsilon_{J(E_6)}(X) = (C_{22} - X)(C_{33} - X)[X^2 - (C_{11} + C_{44})X + C_{11}C_{44} - C_{14}C_{41}]$$

. Ainsi les valeurs propres de $J(E_6)$ sont $\gamma_1 = r_{P_2} - \frac{\lambda_{P_2}}{\lambda_{P_1}}(1 - \frac{m_f}{r_f})$, $\gamma_2 = r_Z - \frac{\lambda_Z}{\lambda_{P_1}}(1 - \frac{m_f}{r_f})$,
 $\gamma_3 + \gamma_4 = -r_{P_1} + r_f - m_f$ et

$$\gamma_3\gamma_4 = 2(r_{P_1} + r_f - m_f + 4\frac{m_f}{r_f}) - (r_{P_1} + 2\frac{m_f}{r_f})(r_f - m_f + 2\frac{m_f}{r_f}) + \frac{\lambda_{P_1}m_f(1 - \frac{m_f}{r_f})}{r_{P_1}r_fK_1(r_{P_1}r_f + m_f - r_f)} - 4.$$

Donc (E_6) est localement et asymptotiquement stable si et seulement si $\gamma_1 < 0$, $\gamma_2 < 0$,
 $\gamma_3 + \gamma_4 < 0$ et $\gamma_3\gamma_4 > 0$, c'est à dire $r_{P_2} - \frac{\lambda_{P_2}}{\lambda_{P_1}}(1 - \frac{m_f}{r_f}) < 0$, $r_Z - \frac{\lambda_Z}{\lambda_{P_1}}(1 - \frac{m_f}{r_f}) < 0$,
 $-r_{P_1} + r_f - m_f < 0$ et

$$2\left(r_{P_1} + r_f - m_f + 4\frac{m_f}{r_f}\right) - \left(r_{P_1} + 2\frac{m_f}{r_f}\right)\left(r_f - m_f + 2\frac{m_f}{r_f}\right) + \frac{\lambda_{P_1}m_f\left(1 - \frac{m_f}{r_f}\right)}{r_{P_1}r_fK_1\left(r_{P_1}r_f + m_f - r_f\right)} > 4.$$

Pour l'instant, nous nous sommes focalisés sur les états d'équilibres semi-triviaux, mais lorsque l'état d'équilibre n'est pas trivial c'est à dire si $(P_1, P_2, Z, F) \neq (0, 0, 0, 0)$, quelles seront les conditions sur les paramètres démographiques pour l'existence de ces états? Pour répondre à cette question, nous allons regarder les états persistants.

4.1.2.5 Equilibre strictement positive

Pour l'étude de l'équilibre strictement positive, nous allons faire une mise en forme adimensionnelle des équations du système (4.1.7).

En effet, considérons le système (4.1.7) suivant :

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dP_1}{dt} = r_{p_1}P_1\left(1 - \frac{P_1}{K_1}\right) - \mu_{\epsilon_1}P_1Z - \frac{\lambda_{p_1}\alpha_0P_1F}{\alpha_0P_1 + \alpha_0P_2 + Z}, \quad P_1(0) > 0 \\ \frac{dP_2}{dt} = r_{p_2}P_2\left(1 - \frac{P_2}{K_2}\right) - \frac{\theta_2P_2Z}{\gamma + P_2} - \frac{\lambda_{p_2}\alpha_0P_2F}{\alpha_0P_1 + \alpha_0P_2 + Z}, \quad P_2(0) > 0 \\ \frac{dZ}{dt} = r_zZ\left(1 - \frac{\mu_{\epsilon_1}\mu_{\epsilon_2}Z}{\mu_{\epsilon_2}P_1 + \mu_{\epsilon_1}P_2}\right) - \frac{\theta P_2Z}{\gamma + P_2} - \frac{\lambda_zZF}{\alpha_0P_1 + \alpha_0P_2 + Z}, \quad Z(0) = Z_0 > 0 \\ \frac{dF}{dt} = r_fF\left(1 - \frac{\lambda_{p_1}\lambda_{p_2}\lambda_zF}{\lambda_{p_2}\lambda_zP_1 + \lambda_{p_1}\lambda_zP_2 + \lambda_{p_1}\lambda_{p_2}Z}\right) - m_fF \quad F(0) = F_0 > 0 \end{array} \right. \quad (4.1.16)$$

En posant les paramètres adimensionnels $\tau = \mu_{\epsilon_1}Kt$, $K_1 = K_2 = K$, $P_1 = \frac{P_1}{K}$,

$$P_2 = \frac{P_2}{K}, \quad Z = \frac{\mu_{\epsilon_1}\mu_{\epsilon_2}Z}{\mu_{\epsilon_2}P_1 + \mu_{\epsilon_1}P_2} \quad \text{et} \quad F = \frac{\lambda_{P_1}\lambda_{P_2}\lambda_ZF}{\lambda_{P_1}\lambda_ZP_1 + \lambda_{P_1}\lambda_ZP_2 + \lambda_{P_1}\lambda_{P_2}Z}.$$

on obtient le système suivant :

4.1. MODÈLES NON STRUCTURÉS

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dP_1}{d\tau} = aP_1(1 - P_1) - P_1Z - \frac{v_1P_1F}{P_1 + P_2 + sZ} \\ \frac{dP_2}{d\tau} = bP_2(1 - P_2) - \frac{-cP_2Z}{1 + dP_2} - \frac{lP_2F}{P_1 + P_2 + sZ} \\ \frac{dZ}{d\tau} = eZ(1 - Z) - \frac{v_2P_2Z}{1 + dP_2} - \frac{-nZF}{P_1 + P_2 + sZ} \\ \frac{dF}{d\tau} = gF(1 - F) - fF \end{array} \right. \quad (4.1.17)$$

Avec

$$a = \frac{r_{P_1}}{\mu_{\epsilon_1}K}, \quad v_1 = \frac{\lambda_{P_1}}{\mu_{\epsilon_1}K}, \quad s = \frac{1}{\alpha_0}, \quad b = \frac{r_{P_2}}{\mu_{\epsilon_1}K}, \quad c = \frac{\theta_2}{\mu_{\epsilon_1}K\gamma}, \quad d = \frac{K}{\gamma}, \quad l = \frac{\lambda_{P_2}}{\mu_{\epsilon_1}K}, \quad v_2 = \frac{\theta}{\mu_{\epsilon_2}K\gamma}, \quad n = \frac{\lambda_Z}{\mu_{\epsilon_1}\alpha_0K}, \quad g = \frac{r_f}{\mu_{\epsilon_1}K} \quad \text{et} \quad f = \frac{m_f}{\mu_{\epsilon_1}K}.$$

Soit maintenant $E^*(P_1^*, P_2^*, Z^*, F^*)$, le point d'équilibre strictement positive. Alors la matrice variationnelle au point d'équilibre E^* est :

$$M^* = \begin{pmatrix} D_{11} & D_{12} & D_{13} & D_{14} \\ D_{21} & D_{22} & D_{23} & D_{24} \\ D_{31} & D_{32} & D_{33} & D_{34} \\ D_{41} & D_{42} & D_{43} & D_{44} \end{pmatrix}$$

où

$$\begin{aligned} - D_{11} &= -aP_1^* \quad \text{et} \quad D_{12} = \frac{V_1P_1^*F^*}{(P_1^* + P_2^* + sZ^*)^2}. \\ - D_{13} &= -P_1^* + \frac{sv_1P_1^*F^*}{(P_1^* + P_2^* + sZ^*)^2} \quad \text{et} \quad D_{14} = aP_1^* - a + Z^*. \\ - D_{21} &= 0 \quad \text{et} \quad D_{22} = -bP_2^* + \frac{cdZ^*P_2^*}{(1 + dP_2^*)^2} + \frac{lF^*P_2^*}{(P_1^* + P_2^* + sZ^*)^2} \\ - D_{23} &= \frac{-cP_2^*}{1 + dP_2^*} - \frac{lsP_2^*F^*}{(P_1^* + P_2^* + sZ^*)^2} \quad \text{et} \quad D_{24} = -b + bP_2^* + \frac{cZ^*}{1 + dP_2^*} \\ - D_{31} &= 0 \quad \text{et} \quad D_{32} = \frac{-v_2Z^*}{(1 + dP_2^*)^2} + \frac{nZ^*F^*}{(P_1^* + P_2^* + sZ^*)^2} \\ - D_{33} &= -eZ^* + \frac{v_2dP_2^*}{(1 + dP_2^*)^2} + \frac{nsZ^*F^*}{(P_1^* + P_2^* + sZ^*)^2} \quad \text{et} \quad D_{34} = eZ^* - e + \frac{v_2P_2}{1 + dP_2^*} \\ - D_{41} &= 0, \quad D_{42} = 0, \quad D_{43} = 0 \quad \text{et} \quad D_{44} = -gF^* \end{aligned}$$

Le polynôme caractéristique de la matrice M^* est donné par :

$$P(X) = (X^2 - (D_{11} + D_{44})X + D_{11}D_{44})(X^2 - (D_{22} + D_{33})X + D_{22}D_{33} - D_{23}D_{32}).$$

Posons maintenant

$$\begin{aligned} - a_1 &= -(D_{11} + D_{44}) = \frac{r_{P_1}P_1^* + r_fF^*}{\mu_{\epsilon_1}K}, \quad a_0 = D_{11}D_{44} = \frac{r_{P_1}r_fP_1^*F^*}{(\mu_{\epsilon_1}K)^2}, \quad b_1 = -(D_{22} + \\ D_{33}) &= bP_2^* + eZ^* - \frac{(cZ^* + v_2)dP_2^*}{(1 + dP_2^*)^2} - \frac{(lP_2^* + nsZ^*)F^*}{(P_1^* + P_2^* + sZ^*)^2} \end{aligned}$$

4.2. MODÈLES STRUCTURÉS

$$- b_0 = D_{22}D_{33} - D_{23}D_{32} = ebP_2^*Z^* + \frac{(cd^2v_2Z^* - bv_2d - cdv_2Z^*)P_2^* - (ecdZ^* - cv_2)P_2^*Z^*}{(1 + dP_2^*)^2}$$

$$\frac{(el + nsb)Z^*P_2^*F^*}{(P_1^* + P_2^* + sZ^*)^2} + \frac{(nscdZ^* + nc + ncdP_2^* - slv_2)P_2^*Z^*F^* + lv_2dP_2^{*2}F^*}{(1 + dP_2^*)^2(P_1^* + P_2^* + sZ^*)^2} + 2\frac{nslZ^*P_2^*F^*}{(P_1^* + P_2^* + sZ^*)^4}$$

alors, on obtient :

$$P(X) = (X^2 + a_1X + a_0)(X^2 + b_1X + b_0) \quad (4.1.18)$$

Proposition. 4.1.8 *Le polynôme (4.1.18) possède au moins deux racines strictement positives si et seulement si l'une des conditions suivantes est vérifiée :*

- i) $-\text{signe}(a_0) = \text{signe}(a_1)$ est positive et $-\text{signe}(b_0) = \text{signe}(b_1)$ est positive,
- ii) $a_1^2 = 4a_0$, $\text{signe}(a_0) = -\text{signe}(a_1)$ est positive et $b_1^2 = 4b_0$,
 $\text{signe}(b_0) = -\text{signe}(b_1)$ est positive,
- iii) $\text{signe}(a_1)$ est négative, $a_0 = 0$ et $\text{signe}(b_1)$ est négative et $b_0 = 0$.

Preuve : Nous allons considérer d'abord le cas $a_0 \neq 0$ et $a_1 \neq 0$ et $b_0 \neq 0$ et $b_1 \neq 0$.

Nous avons une condition nécessaire sur les discriminants du polynôme c'est-à-dire

$$\Delta_1 = a_1^2 - 4a_0 \geq 0 \text{ et } \Delta_2 = b_1^2 - 4b_0 \geq 0$$

i) Lorsque nous avons $\Delta_1 > 0$ et $\Delta_2 > 0$ on a :

- quatre racines $\chi_1 > 0$, $\chi_2 > 0$ et $\chi_3 > 0$ et $\chi_4 > 0$ si et seulement si $a_0 > 0$,
 $a_1 < 0$ et $b_0 > 0$ et $b_1 < 0$ c'est-à-dire $-\text{signe}(a_0) = \text{signe}(a_1)$ est positive et
 $-\text{signe}(b_0) = \text{signe}(b_1)$ est positive,

- au moins deux racines strictement positives $\chi_0 > 0$ et $\chi_5 > 0$ si et seulement si
 $a_0 < 0$ et $a_1 > 0$ et $b_0 < 0$ et $b_1 > 0$ c'est-à-dire $-\text{signe}(a_0) = \text{signe}(a_1)$ positive et
 $-\text{signe}(b_0) = \text{signe}(b_1)$ positive,

ii) Si $\Delta_1 = 0$ et $\Delta_2 = 0$, nous avons deux solutions $\chi_0 = \frac{-a_1}{2} > 0$ et $\chi_1 = \frac{-b_1}{2} > 0$ si et
seulement si $-\text{signe}(a_0) = \text{signe}(a_1)$ positive et $-\text{signe}(b_0) = \text{signe}(b_1)$ positive,

- De plus si $a_0 \neq 0$ et $a_1 \neq 0$ et $b_0 \neq 0$ et $b_1 \neq 0$, alors on obtient au moins deux
racines $\chi_0 = \sqrt{-a_0} > 0$ et $\chi_1 = \sqrt{-b_0} > 0$ si et seulement si $\text{signe}(a_0)$ est négative
et $\text{signe}(b_0)$ est négative,

iii) Enfin si $a_0 = 0$ et $a_1 \neq 0$ et $b_0 = 0$ et $b_1 \neq 0$ alors on obtient au moins deux racines
 $\chi_0 = -a_1 > 0$ et $\chi_1 = -b_1 > 0$ si et seulement si $\text{signe}(a_1)$ est négative et $\text{signe}(b_1)$
est négative.

4.2 Modèles structurés

4.2.1 Etude du modèle phytoplancton-zooplancton-poisson avec subdivision du phytoplancton (P_1, P_2, Z, F)

Le modèle phytoplancton non toxique-phytoplancton toxique-zooplancton-Poisson en présence de toxine avec une structuration spatiale en rappel est donné par le système

4.2. MODÈLES STRUCTURÉS

suisant :

$$\left\{ \begin{array}{l} \partial_t P_1 - \operatorname{div}(dp_1(x)\nabla P_1) = r_{p_1}(x)P_1 \left(1 - \frac{P_1}{K_1(x)}\right) - \mu_{\epsilon_1}(x)P_1 Z - \frac{\lambda_{p_1}(x)\alpha_0(x)P_1 F}{\alpha_0(x)P_1 + \alpha_0(x)P_2 + Z} \\ \partial_t P_2 - \operatorname{div}(dp_2(x)\nabla P_2) = r_{p_2}(x)P_2 \left(1 - \frac{P_2}{K_2(x)}\right) - \frac{\theta_2(x)P_2 Z}{\gamma(x, t) + P_2} - \frac{\lambda_{p_2}(x)\alpha_0(x)P_2 F}{\alpha_0(x)P_1 + \alpha_0(x)P_2 + Z} \\ \partial_t Z - \operatorname{div}(dz(x)\nabla Z) = r_z(x)Z \left(1 - \frac{\mu_{\epsilon_1}(x)\mu_{\epsilon_2}(x)Z}{\mu_{\epsilon_2}(x)P_1 + \mu_{\epsilon_1}(x)P_2}\right) - \frac{\theta(x)P_2 Z}{\gamma(x, t) + P_2} \\ \frac{\lambda_z(x)ZF}{\alpha_0(x)P_1 + \alpha_0(x)P_2 + Z} \\ \partial_t F - \operatorname{div}(df(x)\nabla F) = r_f(x)F \left(1 - \frac{\lambda_{p_1}(x)\lambda_{p_2}(x)\lambda_z(x)F}{\lambda_{p_2(x)}\lambda_z(x)P_1 + \lambda_{p_1(x)}\lambda_z(x)P_2 + \lambda_{p_1(x)}\lambda_{p_2(x)}Z}\right) - m_f(x)F \end{array} \right. \quad (4.2.19)$$

avec les conditions aux bords Ω du type **Neumann**.

$dq(x)\nabla Q(x, t) \cdot \nu(x) = 0$, $x \in \partial\Omega$, $t > 0$ pour $Q = P_1, P_2, Z$ et F où ν est le vecteur unité normale à $\partial\Omega$ sur Ω et les conditions initiales positives et bornées.

$Q(x, 0) = Q_0(x) > 0$ pour $Q = P_1, P_2, Z, F$, $x \in \Omega$. Nous rappelons que le choix des conditions au bord de type **Neumann** est conditionné par l'hypothèse de population évoluant dans un milieu isolé.

Nous ferons les hypothèses suivantes :

Hypothèse 5 :

Les paramètres démographiques du système (4.2.19) sont constants en temps et strictement positifs.

Hypothèse 6 :

Les coefficients de diffusions du système (4.2.19) sont indépendants de la variable spatiale.

Remarque. 4.2.1 *L'hypothèse 5 signifie que nous considérons le cas d'une diffusion isotrope c'est-à-dire identiques dans toutes les directions et constante en temps.*

Soient $dp_1 = dp_1(x, y)$, $dp_2 = dp_2(x, y)$, $dz = dz(x, y)$ et $df = df(x, y)$ les coefficients de diffusion des populations P_1 , P_2 , Z et F . Sous l'hypothèse 5, le modèle de réaction-diffusion s'écrit :

$$\left\{ \begin{array}{l} \partial_t P_1 - \nabla \cdot (dp_1 \nabla P_1) = r_{p_1} P_1 \left(1 - \frac{P_1}{K_1}\right) - \mu_{\epsilon_1} P_1 Z - \frac{\lambda_{p_1} \alpha_0 P_1 F}{\alpha_0 P_1 + \alpha_0 P_2 + Z} \\ \partial_t P_2 - \nabla \cdot (dp_2 \nabla P_2) = r_{p_2} P_2 \left(1 - \frac{P_2}{K_2}\right) - \frac{\theta_2 P_2 Z}{\gamma + P_2} - \frac{\lambda_{p_2} \alpha_0 P_2 F}{\alpha_0 P_1 + \alpha_0 P_2 + Z} \\ \partial_t Z - \nabla \cdot (dz \nabla Z) = r_z Z \left(1 - \frac{\mu_{\epsilon_1} \mu_{\epsilon_2} Z}{\mu_{\epsilon_2} P_1 + \mu_{\epsilon_1} P_2}\right) - \frac{\theta P_2 Z}{\gamma + P_2} - \frac{\lambda_z Z F}{\alpha_0 P_1 + \alpha_0 P_2 + Z} \\ \partial_t F - \nabla \cdot (df \nabla F) = r_f F \left(1 - \frac{\lambda_{p_1} \lambda_{p_2} \lambda_z F}{\lambda_{p_2} \lambda_z P_1 + \lambda_{p_1} \lambda_z P_2 + \lambda_{p_1} \lambda_{p_2} Z}\right) - m_f F \end{array} \right. \quad (4.2.20)$$

Sous l'hypothèse 6 le système 4.2.19 s'écrit :

$$\left\{ \begin{array}{l} \partial_t P_1 - dp_1(\Delta P_1) = r_{p_1} P_1 \left(1 - \frac{P_1}{K_1}\right) - \mu_{\epsilon_1} P_1 Z - \frac{\lambda_{p_1} \alpha_0 P_1 F}{\alpha_0 P_1 + \alpha_0 P_2 + Z} \\ \partial_t P_2 - dp_2(\Delta P_2) = r_{p_2} P_2 \left(1 - \frac{P_2}{K_2}\right) - \frac{\theta_2 P_2 Z}{\gamma + P_2} - \frac{\lambda_{p_2} \alpha_0 P_2 F}{\alpha_0 P_1 + \alpha_0 P_2 + Z} \\ \partial_t Z - dz(\Delta Z) = r_z Z \left(1 - \frac{\mu_{\epsilon_1} \mu_{\epsilon_2} Z}{\mu_{\epsilon_2} P_1 + \mu_{\epsilon_1} P_2}\right) - \frac{\theta P_2 Z}{\gamma + P_2} - \frac{\lambda_z Z F}{\alpha_0 P_1 + \alpha_0 P_2 + Z} \\ \partial_t F - df(\Delta F) = r_f F \left(1 - \frac{\lambda_{p_1} \lambda_{p_2} \lambda_z F}{\lambda_{p_2} \lambda_z P_1 + \lambda_{p_1} \lambda_z P_2 + \lambda_{p_1} \lambda_{p_2} Z}\right) - m_f F \end{array} \right. \quad (4.2.21)$$

Dans la suite, nous présenterons la méthode numérique que nous utiliserons pour résoudre ce système.

4.2.2 Méthode numérique du modèle phytoplancton-zooplancton-poisson avec subdivision du phytoplancton (P_1, P_2, Z, F)

Nous considérons les hypothèses biologiques posées dans le chapitre précédent, c'est-à-dire une population de poissons chassant sur deux populations de proie. Toutes les espèces vivent dans un milieu fermé que nous allons présenter par la suite par le domaine $\Omega = [0, 1] \times [0, 1]$. Les modèles que nous utiliserons sont du type réaction-diffusion dans l'objectif de déterminer l'impact de la diffusion des populations sur la dynamique spatio-temporelle du système plancton-poisson en présence de toxine. Pour les modèles fortement structurés, l'opérateur différentiel spatial devient beaucoup plus complexe pour les systèmes de réaction-diffusion et cela augmente à la fois la complexité du problème numérique ainsi que le temps de calcul nécessaire pour nos simulations numériques. Nous rappelons que l'objectif visé ici est de valider les modèles avec une structuration spatiale.

4.2. MODÈLES STRUCTURÉS

Nous poursuivons l'étude mathématique engagée précédemment sur ces modèles en proposant une méthode numérique de type **Splitting** d'opérateurs. Nous allons montrer en quoi cette méthode numérique est particulièrement adapté à ce type de problème. Nous allons faire l'hypothèse des conditions initiales strictement positives pour les densités de population. Cette hypothèse est nécessaire dans ce sens où elle nous permet de valider le choix du modèle et de la méthode numérique.

4.2.2.1 Rappels d'algèbre linéaire

Définition. 4.2.1 Soit $M = (m_{ij})$ une matrice carrée d'ordre n , M est positive si $(m_{ij}) \geq 0$ pour $1 \leq i, j \leq n$.

Définition. 4.2.2 Soit $M = (m_{ij})$ une matrice carrée d'ordre n . On dira que M est une L -matrice si

- $(m_{ii}) > 0$ pour $1 \leq i \leq n$;
- $m_{ij} \leq 0$ pour $1 \leq i, j \leq n$ avec $i \neq j$.

Définition. 4.2.3 Soit $M = (m_{ij})$ une matrice carrée d'ordre n . M est une matrice à diagonale strictement dominante positive si $\forall i \in [1, n] (m_{ij}) \geq 0, |m_{ij}| > \sum_{j=1, j \neq i}^n |m_{ij}|$.

Proposition. 4.2.1 Si M est une matrice à diagonale dominante, alors M est inversible.

Théorème. 4.2.1 Soit M une L -matrice inversible. Alors les assertions suivantes sont équivalentes :

- i) M^{-1} est positive,
- ii) Il existe une matrice D diagonale positive et inversible telle que $D^{-1}MD$ est à diagonale strictement dominante.

Pour une preuve de ces résultats, voir dans [5, 15].

4.2.2.2 Discrétisation

Pour ce qui concerne la discrétisation de nos paramètres démographiques, la première étape consiste à discrétiser l'espace. Nous utiliserons un maillage rectangulaire régulier :

$$\begin{aligned}x_1 = 0, \quad x_N = 1, \quad x_i = x_1 + ih_x, \quad \forall i = 2, \dots, N \\ y_1 = 0, \quad y_N = 1, \quad y_i = y_1 + ih_y, \quad \forall i = 2, \dots, N\end{aligned}$$

avec

$$h_x = h_y = h = \frac{1}{N-1}$$

4.2. MODÈLES STRUCTURÉS

Après avoir discrétisé P_1 , P_2 , Z et F , nous allons numéroter à nouveau par colonnes et ainsi on obtient respectivement Q_i , \mathcal{Z} et \mathcal{F} avec $Q_i = \mathcal{P}$, $i = 1, 2$ quatre vecteurs colonnes de dimension N^2 . Nous faisons la même pour les paramètres r_{p_1} , r_{p_2} , λ_{p_1} , λ_{p_2} , λ_z , K_1 , K_2 ; μ_{ϵ_1} , μ_{ϵ_2} , r_f , γ , α_0 , θ , m_f et θ_2 , mais en conservant la même numérotation dans toute la suite. Ainsi le système (4.2.21) s'écrit :

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{d(\mathcal{P}_1)_i}{dt} - dp_1(A\mathcal{P}_1)_i = (r_{p_1})_i(\mathcal{P}_1)_i \left(1 - \frac{(\mathcal{P}_1)_i}{(K_1)_i} \right) - (\mu_{\epsilon_1})_i(\mathcal{P})_i \mathcal{Z}_i \frac{\lambda_{(P_1)_i} \alpha_0 (P_1)_i \mathcal{F}_i}{\alpha_0 (P_1)_i + \alpha_0 (P_2)_i + (\mathcal{Z})_i} \\ \frac{d(\mathcal{P}_2)_i}{dt} - dp_2(A\mathcal{P}_2)_i = (r_{p_2})_i(\mathcal{P}_2)_i \left(1 - \frac{(\mathcal{P}_2)_i}{(K_2)_i} \right) - \frac{(\theta_2)(\mathcal{P}_2)_i(\mathcal{Z})_i}{\gamma_i + (\mathcal{P}_2)_i} - \frac{(\lambda_{P_2})_i \alpha_0 (P_2)_i \mathcal{F}_i}{\alpha_0 (P_2)_i + \alpha_0 (P_2)_i + (\mathcal{Z})_i} \\ \frac{d(\mathcal{Z})_i}{dt} - dz(A\mathcal{Z})_i = (r_z)_i(\mathcal{Z})_i \left(1 - \frac{(\mu_{\epsilon_1})_i(\mu_{\epsilon_2})_i(\mathcal{Z})_i}{(\mu_{\epsilon_2})_i(P_1)_i + (\mu_{\epsilon_1})_i(P_2)_i} \right) - \frac{\theta(\mathcal{P}_2)_i(\mathcal{Z})_i}{\gamma_i + (\mathcal{P}_2)_i} - \frac{(\lambda_z)_i(\mathcal{Z})_i \mathcal{F}_i}{\alpha_0 (P_1)_i + \alpha_0 (P_2)_i + (\mathcal{Z})_i} \quad (4.2.22) \\ \frac{d(\mathcal{F})_i}{dt} - df(A\mathcal{F})_i = (r_f)_i(\mathcal{F})_i \left(1 - \frac{(\lambda_{p_1})_i(\lambda_{p_2})_i(\lambda_z)_i(\mathcal{F})_i}{(\lambda_{p_2})_i(\lambda_z)_i(P_1)_i + (\lambda_{p_1})_i(\lambda_z)_i(P_2)_i + (\lambda_{p_1})_i(\lambda_{p_2})_i(\mathcal{Z})_i} \right) \\ -(m_f)_i(\mathcal{F})_i \end{array} \right.$$

Avec A la matrice du **Laplacien** discrétisé, contenant les conditions de **Neumann**, [5]. Par soucis de simplicité d'écriture, nous écrivons à nouveau le système (4.2.23) sous la forme suivante :

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{d\mathcal{P}_1}{dt} - dp_1 A\mathcal{P}_1 = r_{p_1} \mathcal{P}_1 \left(1 - \frac{\mathcal{P}_1}{K_1} \right) - \mu_{\epsilon_1} \mathcal{P} \mathcal{Z} - \frac{\lambda_{P_1} \alpha_0 \mathcal{P}_1 \mathcal{F}}{\alpha_0 \mathcal{P}_1 + \alpha_0 \mathcal{P}_2 + \mathcal{Z}} \\ \frac{d\mathcal{P}_2}{dt} - dp_2 A\mathcal{P}_2 = r_{p_2} \mathcal{P}_2 \left(1 - \frac{\mathcal{P}_2}{K_2} \right) - \frac{\theta_2 \mathcal{P}_2 \mathcal{Z}}{\gamma + \mathcal{P}_2} - \frac{\lambda_{P_2} \alpha_0 \mathcal{P}_2 \mathcal{F}}{\alpha_0 \mathcal{P}_1 + \alpha_0 \mathcal{P}_2 + \mathcal{Z}} \\ \frac{d\mathcal{Z}}{dt} - dz A\mathcal{Z} = r_z \mathcal{Z} \left(1 - \frac{\mu_{\epsilon_1} \mu_{\epsilon_2} \mathcal{Z}}{\mu_{\epsilon_2} \mathcal{P}_1 + \mu_{\epsilon_1} \mathcal{P}_2} \right) - \frac{\theta \mathcal{P}_2 \mathcal{Z}}{\gamma + \mathcal{P}_2} - \frac{\lambda_z \mathcal{Z} \mathcal{F}}{\alpha_0 \mathcal{P}_1 + \alpha_0 \mathcal{P}_2 + \mathcal{Z}} \\ \frac{d\mathcal{F}}{dt} - df A\mathcal{F} = r_f \mathcal{F} \left(1 - \frac{\lambda_{p_1} \lambda_{p_2} \lambda_z \mathcal{F}}{\lambda_{p_2} \lambda_z \mathcal{P}_1 + \lambda_{p_1} \lambda_z \mathcal{P}_2 + \lambda_{p_1} \lambda_{p_2} \mathcal{Z}} \right) - m_f \mathcal{F} \end{array} \right. \quad (4.2.23)$$

où les seconds membres sont des fonctions vectorielles qui utilisent les opérations terme à terme.

4.2.2.3 Splitting

Pour résoudre le système (4.2.23), nous allons adopter la méthode des différences finies pour approcher les dérivées temporelles, [5]. Nous utilisons des approximations centrées en avant avec un pas constant h_t . X_i et $X_{i+\frac{1}{2}}$ représentent respectivement les valeurs approchées de la variable X au temps

$$t_i = t_0 + ih_t \quad \text{et} \quad t_{i+\frac{1}{2}} = t_i + \frac{h_t}{2}.$$

4.2. MODÈLES STRUCTURÉS

Nous faisons l'approximation suivante pour $\chi = \mathcal{P}_1, \mathcal{P}_2, \mathcal{Z}$ ou \mathcal{F} :

$$\frac{d\chi(t_n)}{dt} = \frac{\chi_{n+1} - \chi_n}{h_t} = \frac{\chi_{n+1} - \chi_{n+\frac{1}{2}}}{h_t} + \frac{\chi_{n+\frac{1}{2}} - \chi_n}{h_t}.$$

- Résolution de la partie linéaire de l'équation en \mathcal{P}_1

$$\frac{(\mathcal{P}_1)_{n+\frac{1}{2}} - (\mathcal{P}_1)_n}{h_t} - d_{p_1} A(\mathcal{P}_1)_{n+\frac{1}{2}} = 0$$

où encore, $\Phi_{P_1}(\mathcal{P}_1)_{n+\frac{1}{2}} = (\mathcal{P}_1)_n$ avec $\Phi_{P_1} = I - dp_1 h_t A$ et I représente la matrice identité de dimension N^2 .

- Résolution de la partie linéaire de l'équation en \mathcal{P}_2

$$\frac{(\mathcal{P}_2)_{n+\frac{1}{2}} - (\mathcal{P}_2)_n}{h_t} - d_{p_2} A(\mathcal{P}_2)_{n+\frac{1}{2}} = 0$$

où encore, $\Phi_{P_2}(\mathcal{P}_2)_{n+\frac{1}{2}} = (\mathcal{P}_2)_n$ avec $\Phi_{P_2} = I - dp_2 h_t A$ et I représente la matrice identité de dimension N^2 .

- Résolution de la partie linéaire de l'équation en \mathcal{Z}

$$\frac{(\mathcal{Z})_{n+\frac{1}{2}} - (\mathcal{Z})_n}{h_t} - d_Z A(\mathcal{Z})_{n+\frac{1}{2}} = 0$$

où encore, $\Phi_Z(\mathcal{Z})_{n+\frac{1}{2}} = (\mathcal{Z})_n$ avec $\Phi_Z = I - dp_1 h_t A$ et I représente la matrice identité de dimension N^2 .

- Résolution de la partie linéaire de l'équation en \mathcal{F}

$$\frac{(\mathcal{F})_{n+\frac{1}{2}} - (\mathcal{F})_n}{h_t} - d_f A(\mathcal{F})_{n+\frac{1}{2}} = 0$$

où encore, $\Phi_F(\mathcal{F})_{n+\frac{1}{2}} = (\mathcal{F})_n$ avec $\Phi_F = I - df h_t A$ et I représente la matrice identité de dimension N^2 .

Nous allons nous intéresser maintenant à la résolution des parties non-linéaires des équations précédentes :

- Résolution de la partie non-linéaire de l'équation en \mathcal{P}_1

$$\frac{(\mathcal{P}_1)_{n+\frac{1}{2}} - (\mathcal{P}_1)_n}{h_t} = r_{p_1}(\mathcal{P}_1)_{n+1} \left(1 - \frac{(\mathcal{P}_1)_{n+1}}{K_1}\right) - \mu_{\epsilon_1}(\mathcal{P})_{n+1} \mathcal{Z}_{n+1}$$

$\frac{\alpha_0(\mathcal{P}_1)_{n+1}}{\alpha_0(\mathcal{P}_1)_{n+\frac{1}{2}} + \alpha_0(\mathcal{P}_2)_{n+\frac{1}{2}} + (\mathcal{Z})_{n+\frac{1}{2}} + \delta_{P_1} \lambda_{P_1} \mathcal{F}_{n+\frac{1}{2}}}$ i.e $(\mathcal{P}_1)_{n+1}$ solution strictement positive de

$$\frac{r_{p_1} h_t}{K_1} (\mathcal{P}_1)_{n+1} + (1 - r_{p_1} h_t) \frac{\alpha_0 h_t \lambda_{p_1} \mathcal{F}_{n+\frac{1}{2}}}{\alpha_0(\mathcal{P}_1)_{n+\frac{1}{2}} + \alpha_0(\mathcal{P}_2)_{n+\frac{1}{2}} + \mathcal{Z}_{n+\frac{1}{2}} + \delta_{p_1}} + \mu_{\epsilon_1} h_t \mathcal{Z}_{n+1} (\mathcal{P}_1)_{n+1} -$$

$$(\mathcal{P}_1)_{n+\frac{1}{2}} = 0$$

4.2. MODÈLES STRUCTURÉS

- Résolution de la partie non-linéaire de l'équation en \mathcal{P}_2

$$\frac{(\mathcal{P}_2)_{n+\frac{1}{2}} - (\mathcal{P}_2)_n}{h_t} = r_{\mathcal{P}_2}(\mathcal{P}_2)_{n+1} \left(1 - \frac{(\mathcal{P}_2)_{n+1}}{K_2}\right) - \frac{\theta_2(\mathcal{P}_2)_{n+1}(\mathcal{Z})_{n+\frac{1}{2}}}{\gamma + (\mathcal{P}_2)_{n+\frac{1}{2}}}$$

$$- \frac{\alpha_0(\mathcal{P}_2)_{n+1}}{\alpha_0(\mathcal{P}_1)_{n+\frac{1}{2}} + \alpha_0(\mathcal{P}_2)_{n+\frac{1}{2}} + (\mathcal{Z})_{n+\frac{1}{2}} + \delta_{\mathcal{P}_2}} \lambda_{\mathcal{P}_2} \mathcal{F}_{n+\frac{1}{2}} \text{ i.e } (\mathcal{P}_2)_{n+1} \text{ solution strictement}$$

positive de

$$\frac{r_{\mathcal{P}_2} h_t}{K_2} (\mathcal{P}_2)_{n+1} + \left(1 - r_{\mathcal{P}_2} h_t + \frac{\theta_2 h_t (\mathcal{Z})_{n+\frac{1}{2}}}{\gamma + (\mathcal{P}_2)_{n+\frac{1}{2}}}\right) + \frac{\alpha_0 h_t \lambda_{\mathcal{P}_2} \mathcal{F}_{n+\frac{1}{2}}}{\alpha_0(\mathcal{P}_1)_{n+\frac{1}{2}} + \alpha_0(\mathcal{P}_2)_{n+\frac{1}{2}} + (\mathcal{Z})_{n+\frac{1}{2}} + \delta_{\mathcal{P}_2}} (\mathcal{P}_2)_{n+1} - (\mathcal{P}_2)_{n+\frac{1}{2}} = 0$$

- Résolution de la partie non-linéaire de l'équation en \mathcal{Z}

$$\frac{(\mathcal{Z})_{n+\frac{1}{2}} - (\mathcal{Z})_n}{h_t} = r_z(\mathcal{Z})_{n+1} \left(1 - \frac{\mu_{\epsilon_1} \mu_{\epsilon_2} (\mathcal{Z})_{n+1}}{\mu_{\epsilon_2}(\mathcal{P}_1)_{n+\frac{1}{2}} + \mu_{\epsilon_1}(\mathcal{P}_2)_{n+\frac{1}{2}}}\right) - \frac{\theta(\mathcal{Z})_{n+1}(\mathcal{P}_2)_{n+\frac{1}{2}}}{\gamma + (\mathcal{P}_2)_{n+\frac{1}{2}}}$$

$$- \frac{\lambda_z (\mathcal{Z})_{n+1}}{\alpha_0(\mathcal{P}_1)_{n+\frac{1}{2}} + \alpha_0(\mathcal{P}_2)_{n+\frac{1}{2}} + (\mathcal{Z})_{n+\frac{1}{2}} + \delta_z} \mathcal{F}_{n+\frac{1}{2}} \text{ i.e } (\mathcal{Z})_{n+1} \text{ solution strictement positive de}$$

$$\frac{\mu_{\epsilon_1} \mu_{\epsilon_2} r_z h_t}{\mu_{\epsilon_2}(\mathcal{P}_1)_{n+\frac{1}{2}} + \mu_{\epsilon_1}(\mathcal{P}_2)_{n+\frac{1}{2}}} (\mathcal{Z}^2)_{n+1} + \left(1 - r_z h_t + \frac{\theta h_t (\mathcal{P}_2)_{n+\frac{1}{2}}}{\gamma + (\mathcal{P}_2)_{n+\frac{1}{2}}}\right) + \frac{\lambda_z h_t (\mathcal{F})_{n+\frac{1}{2}}}{\alpha_0(\mathcal{P}_1)_{n+\frac{1}{2}} + \alpha_0(\mathcal{P}_2)_{n+\frac{1}{2}} + (\mathcal{Z})_{n+\frac{1}{2}} + \delta_z} - (\mathcal{Z})_{n+\frac{1}{2}} = 0$$

- Résolution de la partie non-linéaire de l'équation en \mathcal{F}

$$\frac{(\mathcal{F})_{n+\frac{1}{2}} - (\mathcal{F})_n}{h_t} = r_f(\mathcal{F})_{n+1} \left(1 - \frac{(\lambda_{\mathcal{P}_1})(\lambda_{\mathcal{P}_2})(\lambda_z)(\mathcal{F})_{n+1}}{(\lambda_{\mathcal{P}_2})(\lambda_z)(\mathcal{P}_1)_{n+\frac{1}{2}} + (\lambda_{\mathcal{P}_1})(\lambda_z)(\mathcal{P}_2)_{n+\frac{1}{2}} + (\lambda_{\mathcal{P}_1})(\lambda_{\mathcal{P}_2})(\mathcal{Z})_{n+\frac{1}{2}} + \delta_f}\right) - (m_f)(\mathcal{F})_{n+1}$$

i.e $(\mathcal{F})_{n+1}$ solution strictement positive de

$$\frac{(\lambda_{\mathcal{P}_1})(\lambda_{\mathcal{P}_2})(\lambda_z)}{(\lambda_{\mathcal{P}_2})(\lambda_z)(\mathcal{P}_1)_{n+\frac{1}{2}} + (\lambda_{\mathcal{P}_1})(\lambda_z)(\mathcal{P}_2)_{n+\frac{1}{2}} + (\lambda_{\mathcal{P}_1})(\lambda_{\mathcal{P}_2})(\mathcal{Z})_{n+\frac{1}{2}} + \delta_f} (\mathcal{F})_{n+1}^2 + (1 - r_f h_t + m_f)(\mathcal{F})_{n+1} - (\mathcal{F})_{n+\frac{1}{2}} = 0$$

les termes multiplicatifs

$$\frac{\alpha_0(\mathcal{P}_1)_{n+1}}{\alpha_0(\mathcal{P}_1)_{n+\frac{1}{2}} + \alpha_0(\mathcal{P}_2)_{n+\frac{1}{2}} + (\mathcal{Z})_{n+\frac{1}{2}} + \delta_{\mathcal{P}_1}}, \frac{\alpha_0(\mathcal{P}_2)_{n+1}}{\alpha_0(\mathcal{P}_1)_{n+\frac{1}{2}} + \alpha_0(\mathcal{P}_2)_{n+\frac{1}{2}} + (\mathcal{Z})_{n+\frac{1}{2}} + \delta_{\mathcal{P}_2}},$$

$$\frac{\lambda_z \mathcal{Z}_{n+1}}{\alpha_0(\mathcal{P}_1)_{n+\frac{1}{2}} + \alpha_0(\mathcal{P}_2)_{n+\frac{1}{2}} + (\mathcal{Z})_{n+\frac{1}{2}} + \delta_z} \text{ et } \frac{\lambda_{\mathcal{P}_1} \lambda_{\mathcal{P}_2} \lambda_z (\mathcal{F}_{n+1})_{n+1}}{\alpha_0(\mathcal{P}_1)_{n+\frac{1}{2}} + \alpha_0(\mathcal{P}_2)_{n+\frac{1}{2}} + (\mathcal{Z})_{n+\frac{1}{2}} + \delta_{\mathcal{P}_f}}$$

ajouté à ces étapes servent à garantir l'existence d'une racine strictement positive aux trinômes en

$$(\mathcal{P}_1)_{n+1}, (\mathcal{P}_2)_{n+1}, \mathcal{Z}_{n+1} \text{ et } \mathcal{F}_{n+1}$$

En effet, d'après l'hypothèse de stricte positivité de

$$(\mathcal{P}_1)_n, (\mathcal{P}_2)_n, \mathcal{Z}_n, \mathcal{F}_n, (\mathcal{P}_1)_{n+\frac{1}{2}}, (\mathcal{P}_2)_{n+\frac{1}{2}}, \mathcal{Z}_{n+\frac{1}{2}} \text{ et } \mathcal{F}_{n+\frac{1}{2}},$$

le discriminant est strictement positif. Nous avons donc deux racines réelles. De plus le terme constant est strictement négatif, on en déduit qu'une des deux racines du polynôme en $(\mathcal{P}_1)_{n+1}$ est strictement positive. En considérant les mêmes hypothèses ci-dessus et le résultats $(\mathcal{P}_1)_{n+1} > 0$, on obtient que $(\mathcal{P}_2)_{n+1} > 0$. De façon analogue, on montre que $\mathcal{Z}_{n+1} > 0$ et $\mathcal{F}_{n+1} > 0$.

En définitive, il nous revient de retenir que cette méthode nous permet de réduire la

4.2. MODÈLES STRUCTURÉS

résolution de la partie non-linéaire à une simple recherche de racine strictement positive d'un trinôme du second degré.

Pour ce qui concerne la conservation de la positivité de

$$(\mathcal{P}_1)_n, (\mathcal{P}_2)_n, \mathcal{Z}_n \text{ et } \mathcal{F}_n$$

nous avons le résultat suivant :

Proposition. 4.2.2 (Conservation de la positivité)

Si les densités initiales de populations sont strictement positives, ie $(P_1)_0(x) > 0$, $(P_2)_0(x) > 0$, $Z_0(x) > 0$ et $F_0(x) > 0$ pour tous $x \in \Omega$ ou encore $(\mathcal{P}_1)_i > \mathbb{1}$, $(\mathcal{P}_2)_i > \mathbb{1}$, $\mathcal{Z}_i > \mathbb{1}$ et $\mathcal{F}_i > \mathbb{1}$, alors la méthode de **Splitting** décrite dans la section précédente conserve la positivité.

Preuve : Nous allons montrer que dans le cas de densités initiales de populations strictement positive c'est-à-dire $(P_1)_0(x) > 0$, $(P_2)_0(x) > 0$, $Z_0(x) > 0$ et $F_0(x) > 0$ pour tous $x \in \Omega$ ou encore $(\mathcal{P}_1)_i > \mathbb{1}$, $(\mathcal{P}_2)_i > \mathbb{1}$, $\mathcal{Z}_i > \mathbb{1}$ et $\mathcal{F}_i > \mathbb{1}$, la méthode de **Splitting** décrite dans la section précédente conserve la positivité.

Raisonnons par récurrence : Sous l'hypothèse que $(\mathcal{P}_1)_i > \mathbb{1}$, $(\mathcal{P}_2)_i > \mathbb{1}$, $\mathcal{Z}_i > \mathbb{1}$ et $\mathcal{F}_i > \mathbb{1}$, nous allons montrer que $\forall n \in \mathbb{N}$, $(\mathcal{P}_1)_n > 0$, $(\mathcal{P}_2)_n > 0$, $\mathcal{Z}_n > 0$, $\mathcal{F}_n > 0$ avec $(\mathcal{P}_1)_n$, $(\mathcal{P}_2)_n$, \mathcal{Z}_n , \mathcal{F}_n obtenus après n itérations de notre méthode numérique. Pour ce faire, procédons par récurrence. Considérons alors la propriété S_n définie par :

$$(S_n) : \forall n \in \mathbb{N}, (\mathcal{P}_1)_n > 0, (\mathcal{P}_2)_n > 0, \mathcal{Z}_n > 0, \mathcal{F}_n > 0.$$

- Puisque les conditions initiale, $(\mathcal{P}_1)_0 > 0$, $(\mathcal{P}_2)_0 > 0$, $\mathcal{Z}_0 > 0$, $\mathcal{F}_0 > 0$ sont strictement positives, donc la propriété S_0 est vraie.
- Supposons que la propriété est vraie jusqu'à l'ordre n c'est-à-dire S_n est vraie .
- Montrons que la propriété est vraie à l'ordre $n + 1$.

Nous allons montrer que $(\mathcal{P}_1)_n > 0$. Nous faisons d'abord la remarque que la matrice $\Phi_{p_1} = I - d_{p_1} \Delta_t A$ est à diagonale strictement dominante et d'après la proposition précédente, la matrice Φ_{p_1} est inversible, par conséquent $(\mathcal{P}_1)_{n+\frac{1}{2}} = \Phi_{p_1}^{-1}(\mathcal{P}_1)_n$ existe et est unique. Ensuite comme Φ_{p_1} est une L -matrice, nous pouvons appliquer le théorème (4.2.1) à Φ_{p_1} avec $D = I$. Φ_{p_1} étant à diagonale strictement dominante, on en déduit que $\Phi_{p_1}^{-1}$ est positive. Par suite, on a $(\mathcal{P}_1)_{n+\frac{1}{2}} = \Phi_{p_1}^{-1}(\mathcal{P}_1)_n \geq 0$ car $(\mathcal{P}_1)_n \geq 0$.

Nous allons maintenant supposer qu'il existe i tel que $((\mathcal{P}_1)_{n+\frac{1}{2}})_i = 0$ alors on a $((\mathcal{P}_1)_{n+\frac{1}{2}})_i = ((\mathcal{P}_1)_{n-\frac{1}{2}})_i = \dots = ((\mathcal{P}_1)_0)_i$ et cela contredit le fait que $(\mathcal{P}_1)_0 > 0$ et on conclut que $(\mathcal{P}_1)_{n+\frac{1}{2}} > 0$.

De façon analogue, on montre que $(\mathcal{P}_2)_n > 0$, $\mathcal{Z}_n > 0$ et $\mathcal{F}_n > 0$.

Ainsi d'après le principe de récurrence, la méthode utilisée garantit la conservation de la positivité des répartitions des populations \mathcal{P}_1 , \mathcal{P}_2 , \mathcal{Z} et \mathcal{F} .

Chapitre 5

Résultats numériques

Les résultats numériques seront donnés pour les modèles faiblement structurés et les modèles possédant une structuration spatiale.

Sommaire

5.1 Modèles non structurés	71
5.1.1 Méthode numérique	72
5.1.2 Simulations numériques du modèle $(\mathbf{P}_1, \mathbf{P}_2, \mathbf{Z})$	73
5.1.3 Simulation numérique du modèle $(\mathbf{P}_1, \mathbf{P}_2, \mathbf{Z}, \mathbf{F})$	77
5.2 Modèle structuré	79
5.2.1 Répartition spatiale du système en dessous du seuil de libération de la toxine	80
5.2.2 Répartition spatiale du système sur la valeur du seuil de libération de la toxine	81
5.2.3 Répartition spatiale du système au dessus du seuil de libération de la toxine	83

5.1 Modèles non structurés

Dans cette partie, nous allons nous intéresser aux comportements des différentes populations intervenant dans nos modèles. L'objectif fondamental de cette section est de corroborer les résultats mathématiques établis lors de l'analyse mathématiques de ces modèles et aussi regarder l'effet de la toxine libérée par le phytoplancton toxique sur nos différentes populations. Nous allons montrer à travers nos expériences numériques qu'il peut avoir stabilité et existence d'équilibre de nos système si la toxine est libérée sous certaines quantité. Nos résultats numériques dans cette partie concernent deux modèles : le modèle phytoplancton non toxique-phytoplancton toxique-zooplancton (P_1, P_2, Z) et le modèle phytoplancton non toxique-phytoplancton toxique-zooplancton-poisson (P_1, P_2, Z, F) .

5.1.1 Méthode numérique

Notre étude numérique dans le cadre des modèles non structurés portera sur le modèle poisson-zooplankton-phytoplankton en présence de toxine avec subdivision du phytoplankton (P_1, P_2, Z, F). Il s'agit du système suivant :

$$\begin{cases} \frac{dP_1}{dt} = r_{p_1} P_1 \left(1 - \frac{P_1}{K_1}\right) - \mu_{\epsilon_1} P_1 Z - \frac{\lambda_{p_1} \alpha_0 P_1 F}{\alpha_0 P_1 + \alpha_0 P_2 + Z}, & P_1(0) > 0 \\ \frac{dP_2}{dt} = r_{p_2} P_2 \left(1 - \frac{P_2}{K_2}\right) - \frac{\theta_2 P_2 Z}{\gamma + P_2} - \frac{\lambda_{p_2} \alpha_0 P_2 F}{\alpha_0 P_1 + \alpha_0 P_2 + Z}, & P_2(0) > 0 \\ \frac{dZ}{dt} = r_z Z \left(1 - \frac{\mu_{\epsilon_1} \mu_{\epsilon_2} Z}{\mu_{\epsilon_2} P_1 + \mu_{\epsilon_1} P_2}\right) - \frac{\theta P_2 Z}{\gamma + P_2} - \frac{\lambda_z Z F}{\alpha_0 P_1 + \alpha_0 P_2 + Z}, & Z(0) = Z_0 > 0 \\ \frac{dF}{dt} = r_f F \left(1 - \frac{\lambda_{p_1} \lambda_{p_2} \lambda_z F}{\lambda_{p_2} \lambda_z P_1 + \lambda_{p_1} \lambda_z P_2 + \lambda_{p_1} \lambda_{p_2} Z}\right) - m_f F, & F(0) = F_0 > 0 \end{cases} \quad (5.1.1)$$

Nous remarquons que ce système est singulier en $P_1 = P_2 = 0$. Pour perturber numériquement nos résultats, nous allons ajouter un terme $\alpha > 0$ dans le système (5.1.2). Le système s'écrit donc sous la forme suivante :

$$\begin{cases} \frac{dP_1}{dt} = r_{p_1} P_1 \left(1 - \frac{P_1}{K_1}\right) - \mu_{\epsilon_1} P_1 Z - \frac{\lambda_{p_1} \alpha_0 P_1 F}{\alpha_0 P_1 + \alpha_0 P_2 + Z + \alpha}, & P_1(0) > 0 \\ \frac{dP_2}{dt} = r_{p_2} P_2 \left(1 - \frac{P_2}{K_2}\right) - \frac{\theta_2 P_2 Z}{\gamma + P_2} - \frac{\lambda_{p_2} \alpha_0 P_2 F}{\alpha_0 P_1 + \alpha_0 P_2 + Z + \alpha}, & P_2(0) > 0 \\ \frac{dZ}{dt} = r_z Z \left(1 - \frac{\mu_{\epsilon_1} \mu_{\epsilon_2} Z}{\mu_{\epsilon_2} P_1 + \mu_{\epsilon_1} P_2 + \alpha}\right) - \frac{\theta P_2 Z}{\gamma + P_2} - \frac{\lambda_z Z F}{\alpha_0 P_1 + \alpha_0 P_2 + Z + \alpha}, & Z(0) = Z_0 > 0 \\ \frac{dF}{dt} = r_f F \left(1 - \frac{\lambda_{p_1} \lambda_{p_2} \lambda_z F}{\lambda_{p_2} \lambda_z P_1 + \lambda_{p_1} \lambda_z P_2 + \lambda_{p_1} \lambda_{p_2} Z}\right) - m_f F, & F(0) = F_0 > 0 \end{cases} \quad (5.1.2)$$

Ceci nous permet d'éviter la singularité en $P_1 = P_2 = 0$.

Le schémas résultant d'une semi-discrétisation forme un système d'équations aux différentielles ordinaires (*ODEs*), donc nous allons avoir recours aux solveurs ou intégrateurs d'ODEs pour le résoudre. De nos jours, il existe plusieurs bibliothèques de solveurs dans les principaux langage de programmation tels que **FORTRAN** et **MATLAB**. Dans **MATLAB** par exemple, on peut citer entre autre ODE45, ODE23, ODE113, ODE15s, ODE23s, ODE23t, ODE23tb et ODE15i, [5]. Ces différents solveurs sont utilisés pour résoudre les systèmes d'ODEs (raides ou non raides) s'écrivant de la façon suivante :

$$\begin{cases} X' = f(t, X), \\ X(t_{min}) = X_{t_{min}} \end{cases} \quad (5.1.3)$$

pour tout

$$t_{min} \leq t \leq t_{max}.$$

Dans le cadre de nos simulations, nous avons choisi le solveur ODE45 car ce solveur convient parfaitement pour les problèmes raides et permet également de résoudre des ODEs avec une matrice de masse de la forme

$$\begin{cases} A(t, X)X' = g(t, X), \\ X(t_{min}) = X_{t_{min}} \end{cases} \quad (5.1.4)$$

5.1. MODÈLES NON STRUCTURÉS

pour tout

$$t_{min} \leq t \leq t_{max}.$$

5.1.2 Simulations numériques du modèle (P_1, P_2, Z)

Dans cette partie de nos résultats numériques, nous regardons la dynamique des trois espèces deux à deux : phytoplancton non toxique-zooplancton, phytoplancton toxique-zooplancton. Ensuite nous regardons le comportement de l'ensemble phytoplancton toxique-zooplancton-phytoplancton non toxique en fonction de la valeur de la toxine libérée $\theta = \theta_1$. Les paramètres utilisés sont donnés dans le tableau suivant :

Paramètres	r_{p1}	$\mu_{\epsilon 1}$	λ_{p1}	α_0	r_{p2}	λ_{p2}	r_z	$\mu_{\epsilon 2}$	r_f	β_z	μ_1	μ_2
Valeurs	1,9	0,8	0,2	0,45	1,12	0,02	2,3	0,35	2,7	0,6	0,5	0,3

Tableau 5.1 – Valeurs utilisées pour la simulation.

Paramètres	K_1	P_{10}	P_{20}	Z_0	F_0	K_2	γ
Valeurs	100.000	80.000	80.000	60.000	40.000	100.000	0.0005

Tableau 5.2 – Valeurs utilisées pour la simulation.

Pour nos simulations, nous avons utilisés $\alpha = 0,001$ comme paramètre de perturbation. Pour les valeurs utilisées dans le cadre de nos simulations, nous avons tenu compte des conditions d'existence d'équilibre et plus particulièrement les équilibres à composantes strictement positives. Toutes nos implémentations ont été effectués sur un **PC, processeur, AMD E-300 APU, 1.30 GHz, mémoire vive 4.00 Go**.

5.1.2.1 La dynamique du système (P_1, P_2, Z) sous la valeur seuil de la toxine

Pour cette simulation, nous considérons comme valeur de la toxine libérée $\theta = 0,234$. Les simulations numériques montrent qu'après une phase transitoire, un équilibre s'installe avec coexistence des trois populations. Les figures 5.1 et 5.2 montrent le comportement de la dynamique. Nous remarquons à travers cette figure l'existence d'un centre et cela confirme que la dynamique converge vers un point d'équilibre. Comme interprétation biologique, nous pouvons dire que si la toxine est libérée sous cette valeur, l'impact n'est pas significatif sur la population du zooplancton et même sur le phytoplancton non toxique.

5.1. MODÈLES NON STRUCTURÉS

Autrement dit l'effet ne perturbe pas la survie des autres espèce marines. Nous parlerons dans ce cas d'un phénomène de subsistance du zooplancton malgré la consommation du phytoplancton toxique.

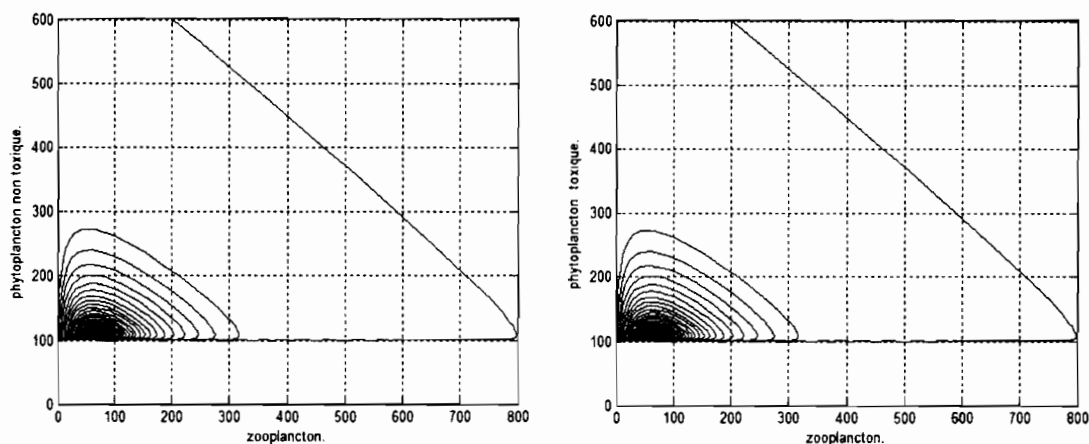


FIGURE 5.1 – Dynamique du système phytoplancton non toxique-phytoplancton toxique-zooplancton

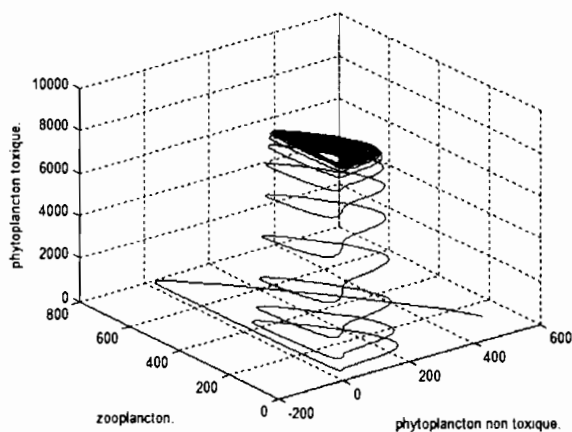


FIGURE 5.2 – Dynamique du système phytoplancton non toxique-phytoplancton toxique-zooplancton

Remarque. 5.1.1 *Ce résultat confirme les observations biologiques quand a la résistance du zooplancton face a la libération de la toxine par le phytoplancton dans le milieu aquatique.*

Nous continuons nos expériences numériques dans l'objectif de déterminer avec exactitude les conditions du blooms du phytoplancton toxique en augmentant la valeur de la toxine libérée.

5.1.2.2 La dynamique du système (P_1, P_2, Z) sur la valeur seuil de la toxine

Nous considérons comme valeur de la toxine libérée $\theta = 0,497$ pour cette simulation. Les simulations numériques montrent qu'après une phase transitoire, un équilibre s'installe avec coexistence des trois populations. Les figures 5.3 et 5.4 montrent le comportement de la dynamique. Nous remarquons à travers cette figure toujours l'existence d'un centre et cela confirme que la dynamique converge vers un point d'équilibre. Et par conséquent nous pouvons dire que la toxine n'influence pas significativement la dynamique du milieu. Comme interprétation biologique, nous pouvons dire que si la toxine est libérée sous cette valeur l'impact n'est pas significatif sur la population du zooplancton et même sur le phytoplancton non toxique. Autrement dit l'effet ne perturbe pas la survie des autres espèces marines. Nous parlerons toujours dans ce cas du phénomène de subsistance. Notre

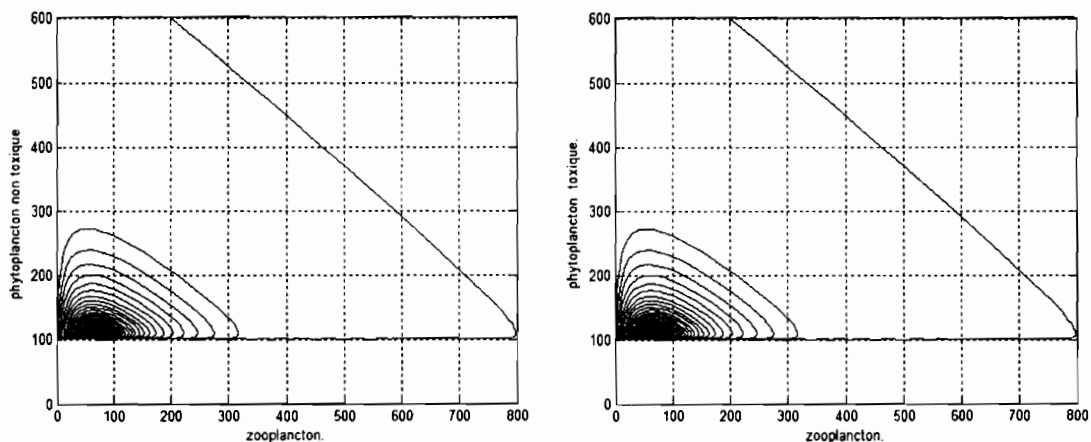


FIGURE 5.3 – Dynamique du système phytoplancton non toxique-phytoplancton toxique-zooplancton

objectif c'est de regarder le comportement de la dynamique au delà de la valeur du seuil de la toxine libérée.

5.1.2.3 La dynamique du système (P_1, P_2, Z) au delà du seuil de la toxine libérée

Nous poursuivons nos simulations numériques en considérant maintenant le système phytoplancton non toxique-phytoplancton toxique-zooplancton évoluant dans une zone où la toxine est libérée avec la valeur $\theta = 1,58$. Le but étant de montrer numériquement les effets néfastes de la toxine si la libération atteint cette valeur. Les simulations numériques montrent qu'après une phase transitoire, il n'existe pas de point d'équilibre au sein des populations. Les figures 5.5 et 5.6 montrent l'évolution de la dynamique des densités des

5.1. MODÈLES NON STRUCTURÉS

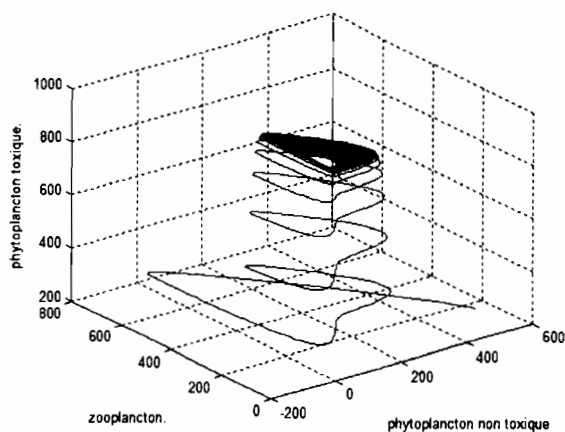


FIGURE 5.4 – Dynamique du système phytoplancton non toxique-phytoplancton toxique-zooplancton

populations. La non existence de point d'équilibre confirme le fait que la toxine joue un rôle néfaste sur la dynamique du système. Comme interprétation biologique, nous pouvons dire que la toxine atténue la reproduction du zooplancton et même contribue à la mortalité de cette espèce.

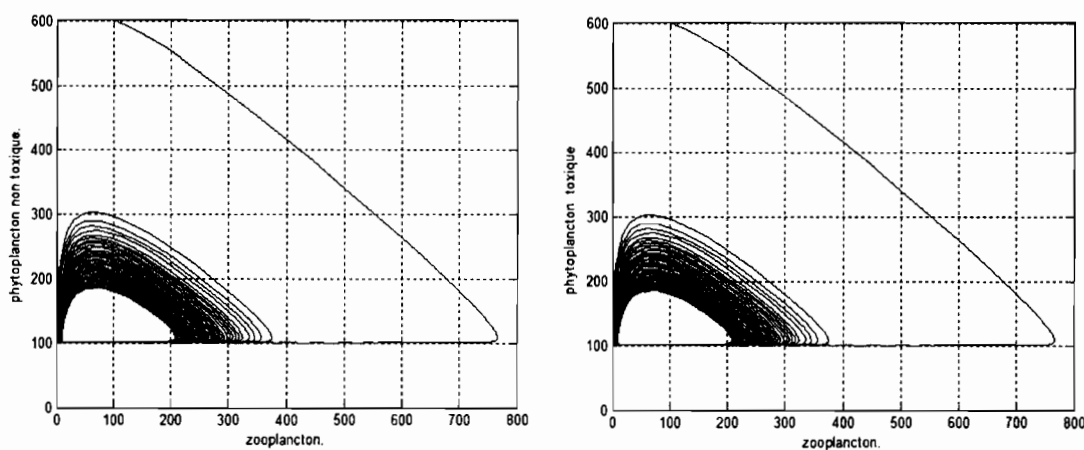


FIGURE 5.5 – Dynamique système phytoplancton non toxique-phytoplancton toxique-zooplancton

Remarque. 5.1.2 Lorsque nous sommes dans ces genre de situation on parle du **blooms** phytoplanctonique. Cette période correspond à la remonté des eaux froides.

Nous continuons nos expériences numériques, mais cette fois-ci en considérant le système poisson-zooplancton-phytoplancton non toxique-phytoplancton toxique. Il faut noter ici

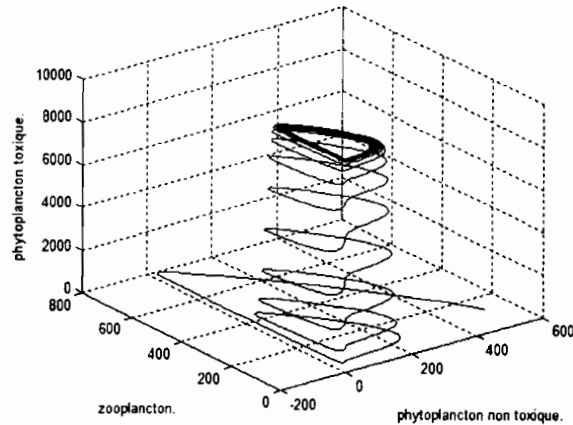


FIGURE 5.6 – Dynamique du système phytoplancton non toxique-phytoplancton toxique-zooplancton

que notre objectif est de confirmer les résultats mathématiques du modèle (3.2.12) et regarder les conditions sur le blooms du phytoplancton. Dans le but d’approfondir nos résultats, nous présentons une série de simulations numériques pour regarder la dynamique des quatre espèces dans son ensemble.

5.1.3 Simulation numérique du modèle (P_1, P_2, Z, F)

Dans cette sous section de notre étude numérique, nous présentons une série de simulations numériques obtenus lors de nos expériences numériques sur ce modèle. Nous voulons regarder le comportement de la dynamique de ces quatre populations en faisant varier la valeur de la toxine libérée par le phytoplancton toxique. Afin d’observer de manière explicite le comportement de notre dynamique, nous allons considérer le système poisson-phytoplancton non toxique-phytoplancton toxique d’une part et d’autre part le système zooplancton-phytoplancton non toxique-phytoplancton toxique.

5.1.3.1 Comportement de la dynamique pour en dessous du seuil de la toxine libérée

Nous considérons pour cette simulation, comme valeur de la toxine libérée $\theta = 0,247$. Les simulations numériques montrent qu’après une phase transitoire, un équilibre s’installe avec coexistence des trois populations. La figure 5.7 montre le comportement de la dynamique. Nous remarquons à travers cette figure l’existence d’un centre et cela confirme que la dynamique converge vers un point d’équilibre. Comme interprétation biologique, nous pouvons dire que si la toxine est libérée sous cette valeur l’impact n’est pas significatif sur la population du zooplancton et même sur le phytoplancton non toxique. Autrement dit, l’effet ne perturbe pas la survie des autres espèces marines. Nous parlerons

5.1. MODÈLES NON STRUCTURÉS

dans ce cas d'un phénomène de subsistance du zooplancton malgré la consommation du phytoplancton toxique.

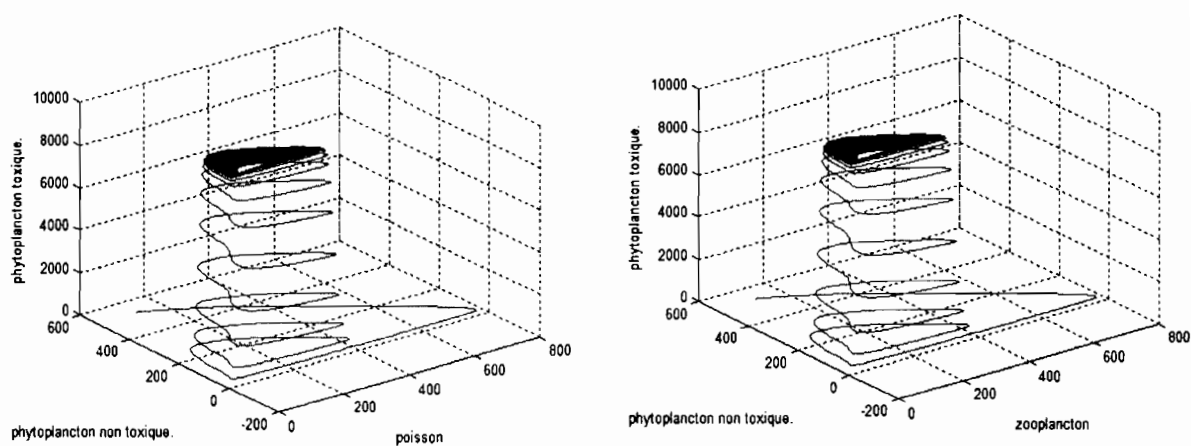


FIGURE 5.7 – Dynamique du système phytoplancton non toxique-phytoplancton toxique-zooplancton-poisson

5.1.3.2 La dynamique du système (P_1, P_2, Z, F) sur la valeur seuil de la toxine

Si on considère comme valeur de la toxine libérée $\theta = 0,497$, les simulations numériques montrent qu'après une phase transitoire, un équilibre s'installe avec coexistence des trois populations. La figure 5.8 montre le comportement de la dynamique. Nous remarquons à travers cette figure toujours l'existence d'un centre et cela confirme que la dynamique converge vers un point d'équilibre. Et voilà pourquoi nous pouvons dire que la toxine n'influence pas trop la dynamique du milieu. Comme interprétation biologique, nous pouvons dire que si la toxine est libérée sous cette valeur l'impact n'est pas significatif sur la population du poisson et du zooplancton. Autrement dit l'effet ne perturbe pas la survie des autres espèce marines. Nous parlerons dans ce cas d'un phénomène de subsistance de la population de poisson et du zooplancton. Nous poursuivons nos simulations numériques en considérant maintenant le système phytoplancton non toxique-phytoplancton toxique-zooplancton évoluant dans une zone où la toxine est libérée avec la valeur $\theta = 1,286$. Les simulations numériques montrent qu'après une phase transitoire, il n'existe de point d'équilibre au sein des populations. La figure 5.6 montre l'évolution de la dynamique des densités des populations. La non existence de point d'équilibre confirme le fait que la toxine joue un rôle néfaste sur la dynamique du système. Comme interprétation biologique, nous pouvons dire que la toxine atténue la reproduction des poissons et celle du zooplancton.

5.2. MODÈLE STRUCTURÉ

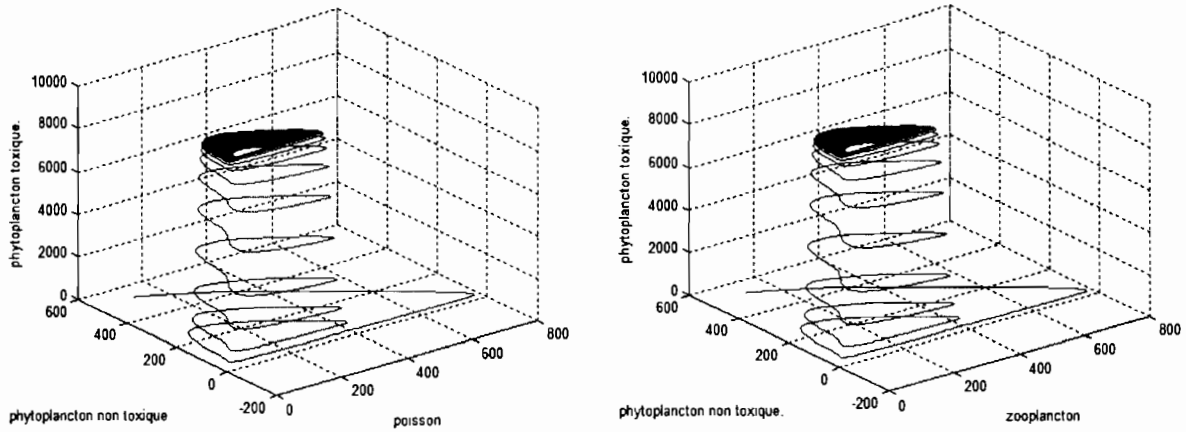


FIGURE 5.8 – Dynamique du système phytoplancton non toxique-phytoplancton toxique-zooplancton-poisson

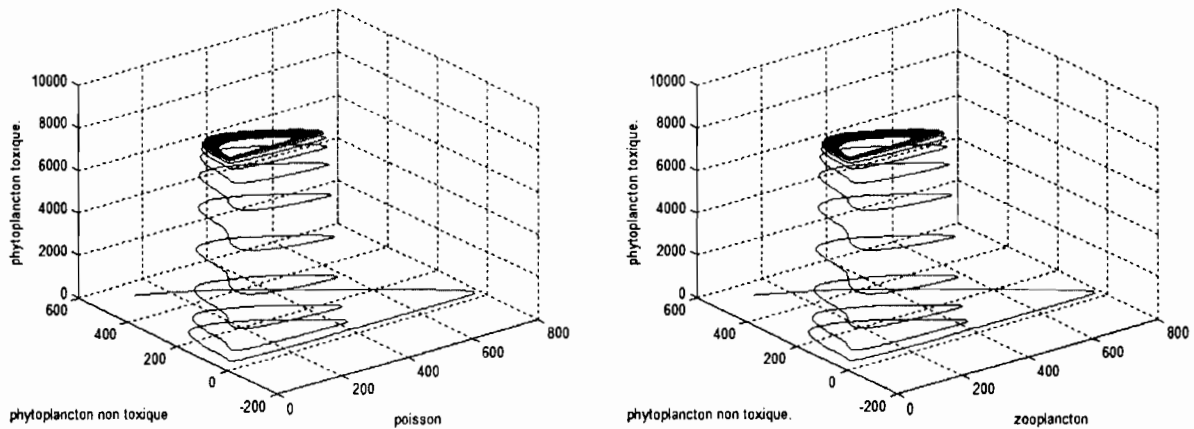


FIGURE 5.9 – Dynamique du système phytoplancton non toxique-phytoplancton toxique-zooplancton-poisson

5.2 Modèle structuré

Ici, nous nous intéressons à la simulation du modèle fortement structuré à quatre espèces (phytoplancton non toxique, phytoplancton toxique, zooplancton et le poisson). L'objectif est de regarder l'effet de la toxine sur le comportement des différentes populations en fonction de la quantité de toxine libérée par le phytoplancton toxique. Nous présentons dans cette section, une synthèse des résultats observés lors de nos simulations numériques pour le système (4.2.19) avec structuration spatiale. Notons ici que la méthode est la même que dans le cas non structuré, c'est à dire de regarder la diffusion de chaque population en faisant varier la valeur de la toxine libérée. Les coefficients de

diffusion utilisés sont donnés dans le tableau suivant

Paramètre	d_{p_1}	d_{p_2}	d_z	d_f
Valeur utilisée	0,001	0,001	0,001	0,001

Tableau 5.3 – Valeurs utilisées pour les coefficients de diffusion

Nous avons utilisés $\alpha = 0,001$ comme paramètre de perturbation au cours de nos expériences. Toutes nos implémentations ont été effectuées sur le logiciel **FreeFem++**. FreeFem++ est un logiciel permettant de résoudre numériquement des équations différentielles s'écrivant sous la forme simplifiée :

$$\partial_t Q_i - \text{div}(d(x)\Delta Q_i) = f_i$$

Il possède son propre langage de script, inspiré du C++, pour décrire le type de problème différentiel, les équations aux dérivées partielles avec des conditions initiales et aux limites. Il peut ainsi résoudre les problèmes dits multi-physiques, présentant des nonlinéarités, en bi comme en tri-dimensionnel, sur des maillages pouvant aller au million de noeuds (ordinateur de calcul standard) jusqu'à quelques milliards de noeuds (gros système multi-processeurs dédié au calcul). Dans le cadre de la mise en place de notre programme de simulation, une discrétisation en temps (schéma implicite d'Euler) a été utilisée avant d'appliquer une formulation variationnelle. Cette dernière est passée dans le logiciel de résolution d'EDP **FreeFem++** qui retourne les solutions faibles du système d'EDP. Ces solutions sont ensuite représentées dans le domaine $\Omega = [0; 1] \times [0; 1]$.

5.2.1 Répartition spatiale du système en dessous du seuil de libération de la toxine

Nous considérons tout d'abord que l'ensemble évolue dans une zone où la toxine est libérée avec la valeur de $\theta = 0,22$. Les figures 5.10, 5.11, 5.12, 5.13 montrent les répartitions spatiales des différentes populations. La figure 5.10 montre la répartition du phytoplancton non toxique. On constate une forte répartition de cette population et cela explique la stabilité du système malgré sa consommation par le zooplancton et les poissons. Cette situation montre que cette espèce survie.

La figure 5.11 montre la répartition du phytoplancton toxique. On constate une faible répartition de cette population. Comme la répartition est faible, cela explique la faible libération de la toxine par cette population compte tenu de leur nombre réduit.

La figure 5.12 montre la répartition du zooplancton. On constate une forte répartition de cette population et cela explique l'équilibre de la dynamique du système. Puisque la répartition est forte, nous pouvons dire que l'effet de la toxine est insignifiant quand aux processus de régénération de cette espèce (faible taux de mortalité due à la libération de

5.2. MODÈLE STRUCTURÉ

la toxine et la consommation par les poissons).

La figure 5.13 montre la répartition de la population de poissons. On constate une forte répartition de cette population et cela confirme l'existence d'état d'équilibre du système. Comme interprétation biologique, nous pouvons dire que la toxine n'a pas d'effets significatif quand aux processus de régénération de l'espèce (faible taux de mortalité due à la libération de la toxine).

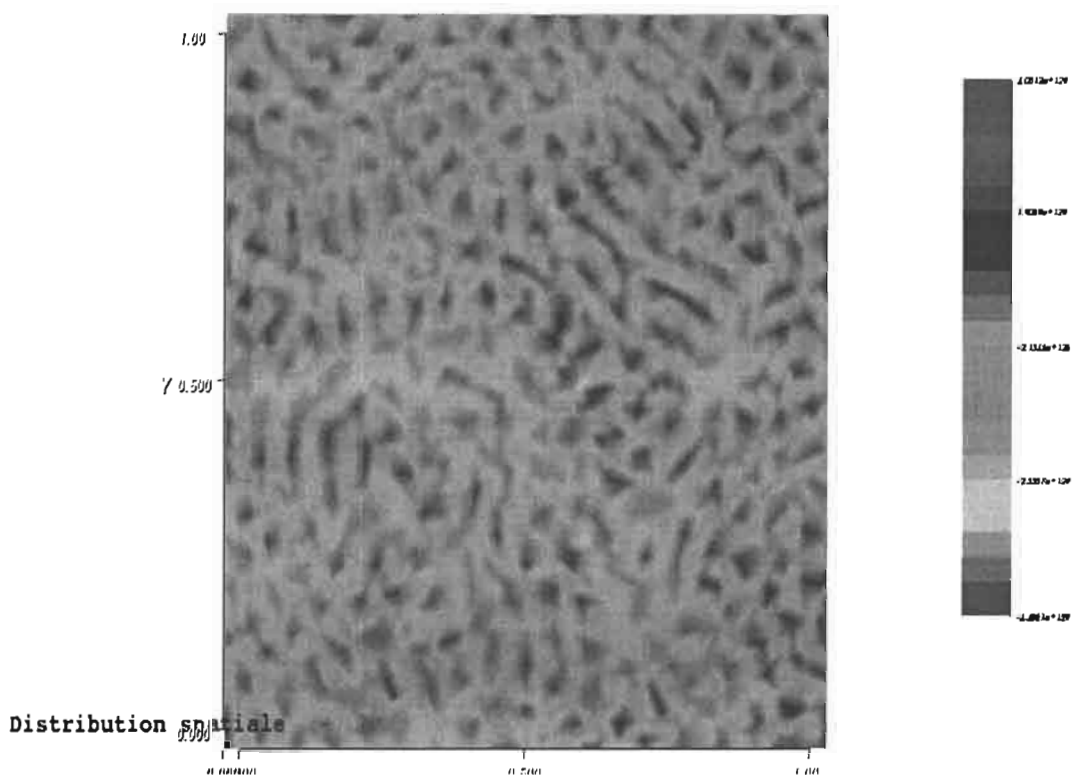


FIGURE 5.10 – Distribution spatiale du phytoplancton non toxique

5.2.2 Répartition spatiale du système sur la valeur du seuil de libération de la toxine

Nous poursuivons nos simulations numériques en considérant cette fois-ci que l'ensemble évolue dans une zone où la toxine est libérée avec la valeur de $\theta = 0,467$. L'objectif est de comprendre comment chaque population évolue. Les figures 5.14, 5.15, 5.16, 5.17 montrent les répartitions des différentes populations. La figure 5.14 illustre la répartition du phytoplancton non toxique. On constate une forte répartition de cette population et cela explique la stabilité du système malgré sa consommation par le zooplancton et de la population de poisson. Cette situation confirme toujours la survie de cette espèce.

La figure 5.15 montre la répartition du phytoplancton toxique. On constate une faible répartition de cette population. Comme la répartition est faible, cela explique la faible libération de la toxine.

La figure 5.16 montre la répartition du zooplancton. On constate une forte répartition

5.2. MODÈLE STRUCTURÉ

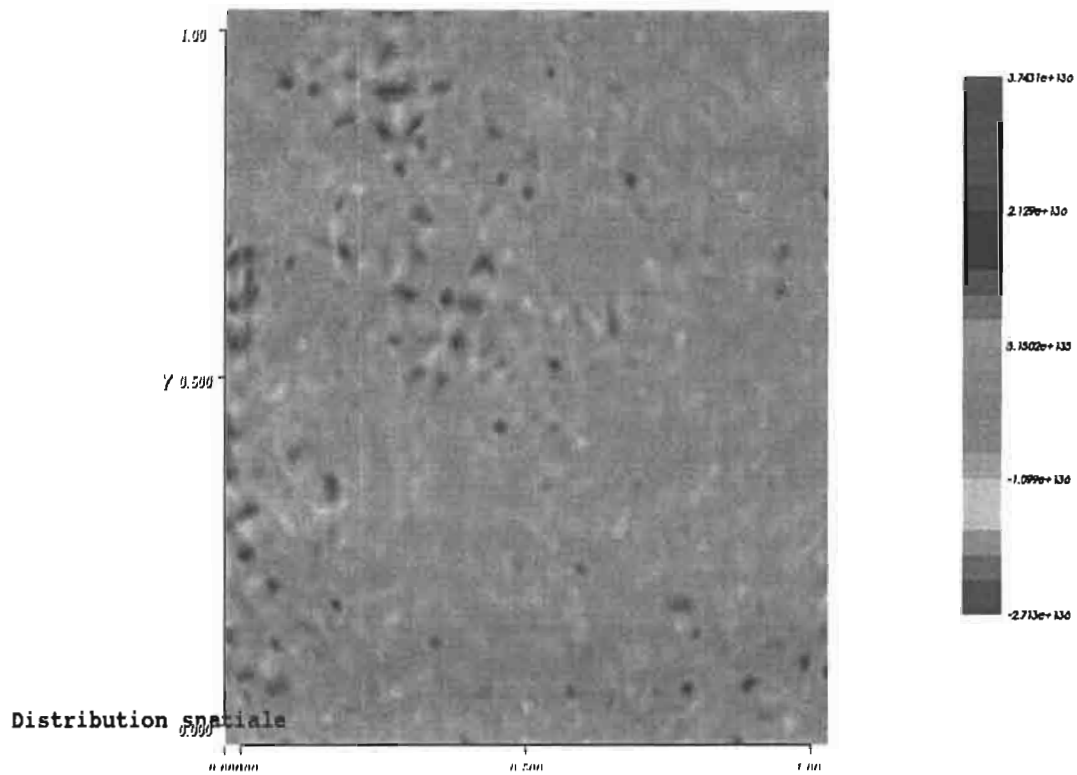


FIGURE 5.11 – Distribution spatiale du phytoplancton toxique

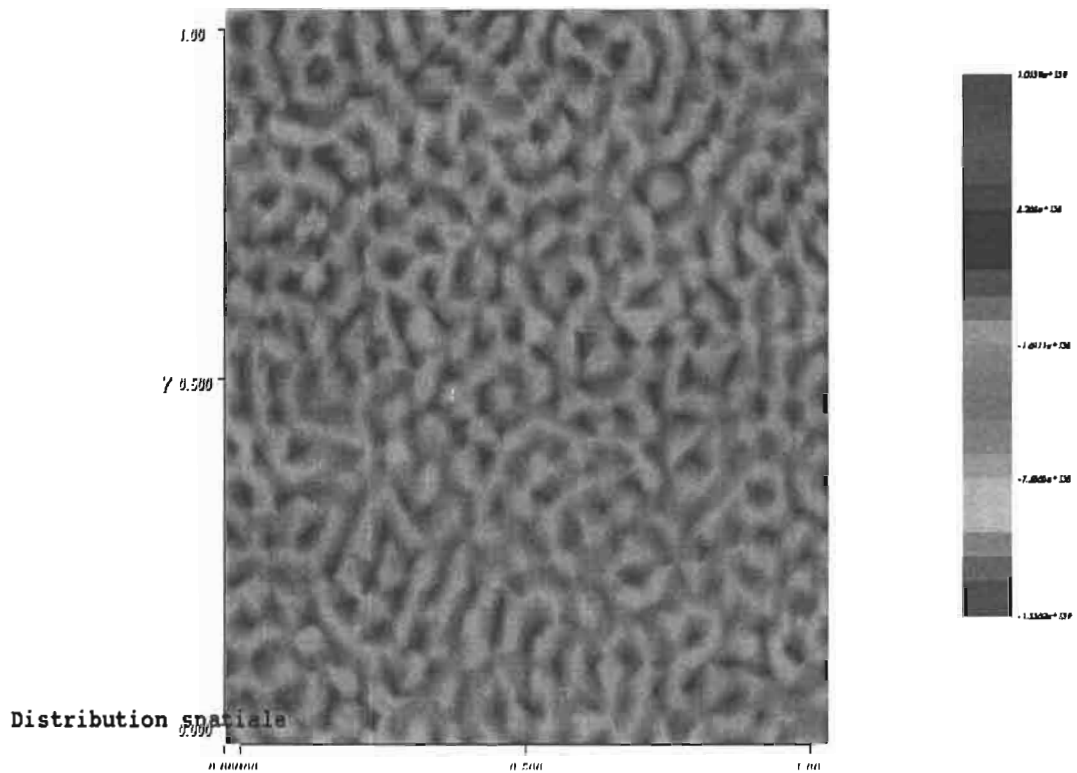


FIGURE 5.12 – Distribution spatiale du zooplancton

de cette population et cela explique la stabilité de la dynamique du système. Comme la répartition est forte, nous pouvons dire que l'effet de la toxine est dérisoire quand aux

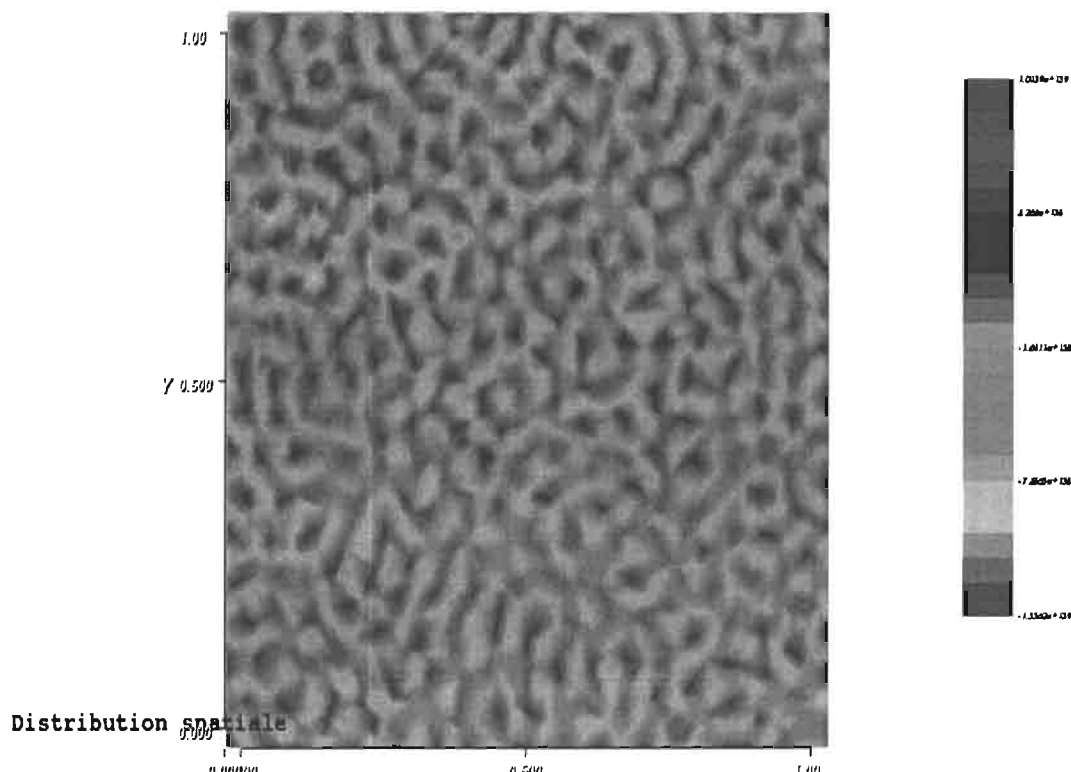


FIGURE 5.13 – Distribution spatiale de la population du poisson

processus de régénération de l'espèce (faible taux de mortalité due à la libération de la toxine).

La figure 5.17 montre la répartition de la population de poissons. Ici encore, on observe une forte répartition de cette population et cela explique la stabilité du système. C'est pourquoi d'un point de vue biologique, nous dirons que la toxine n'a pas d'impact négatif quand aux processus de régénération de l'espèce (faible taux de mortalité due à la libération de la toxine).

5.2.3 Répartition spatiale du système au dessus du seuil de libération de la toxine

Nous allons terminer nos expérimentations numériques en regardant la répartition spatiale de nos différentes populations lorsque la toxine est libérée avec la valeur $\theta = 1,78$. Le but étant de comprendre comment chaque population évolue. Les figures 5.18, 5.19, 5.20, 5.21 montrent les répartitions des différentes populations. La figure 5.18 montre la répartition du phytoplancton non toxique. On constate une répartition moins dense que précédemment et cela explique la diminution considérable de cette espèce du à l'augmentation du nombre de phytoplancton toxique.

La figure 5.19 montre la répartition du phytoplancton toxique. On constate une forte répartition de cette population. Comme la répartition est forte, cela explique la libération de la toxine en grande quantité par cette population.

5.2. MODÈLE STRUCTURÉ

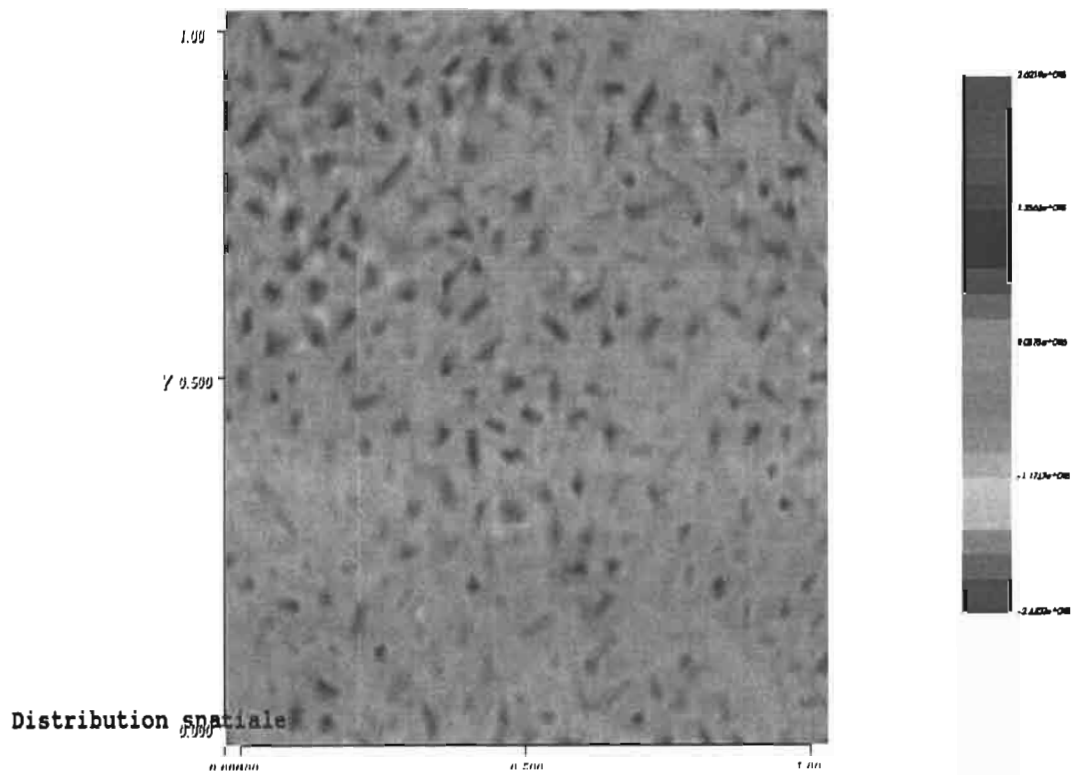


FIGURE 5.14 – Distribution spatiale du phytoplancton non toxique

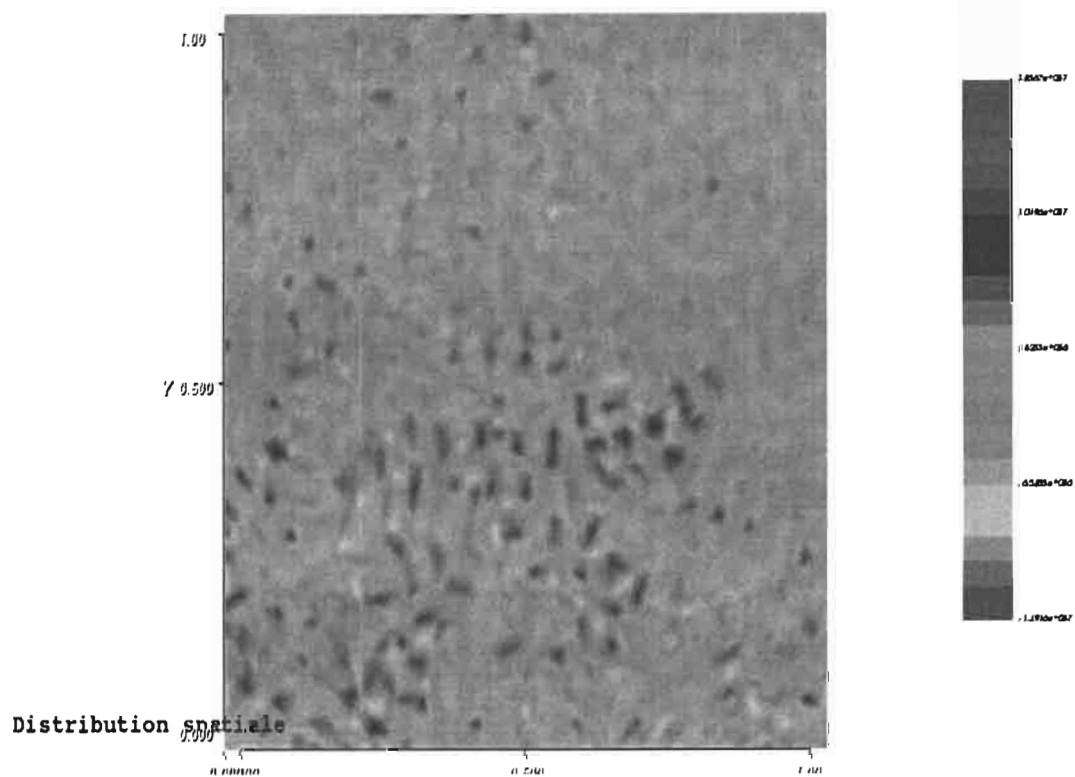


FIGURE 5.15 – Distribution spatiale du phytoplancton toxique

La figure 5.20 montre la répartition du zooplancton. On constate une faible répartition de cette population. Comme la répartition est faible, du point de vue biologique, nous

5.2. MODÈLE STRUCTURÉ

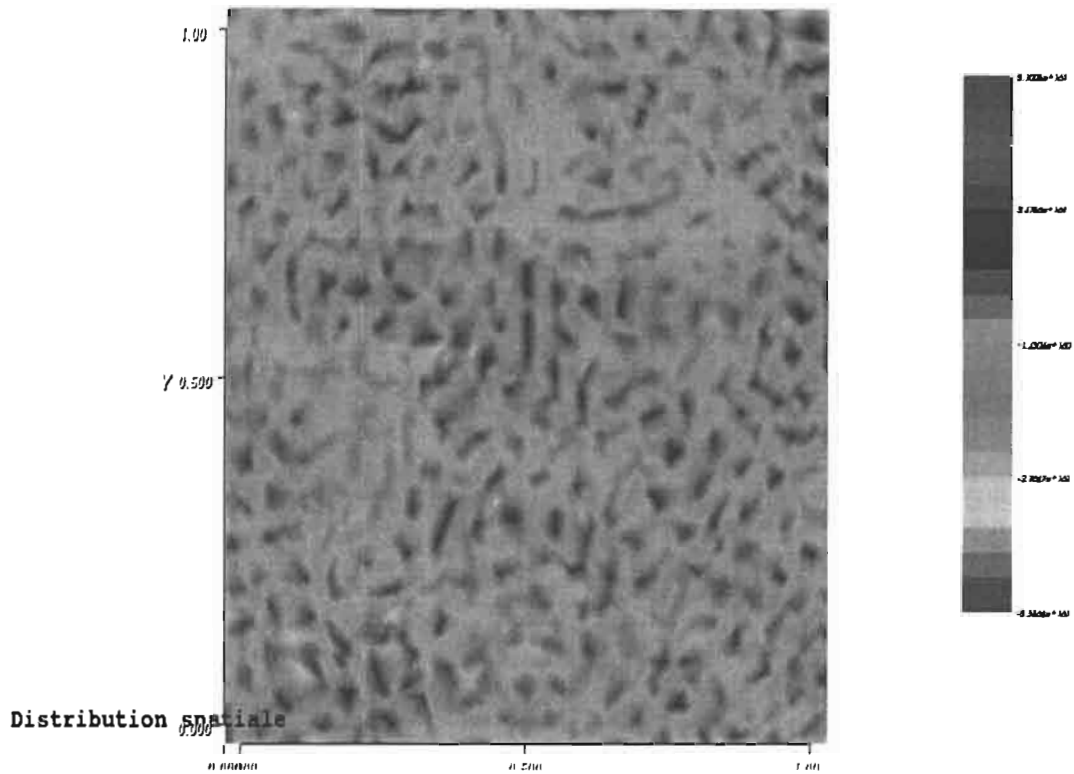


FIGURE 5.16 – Distribution spatiale du zooplancton

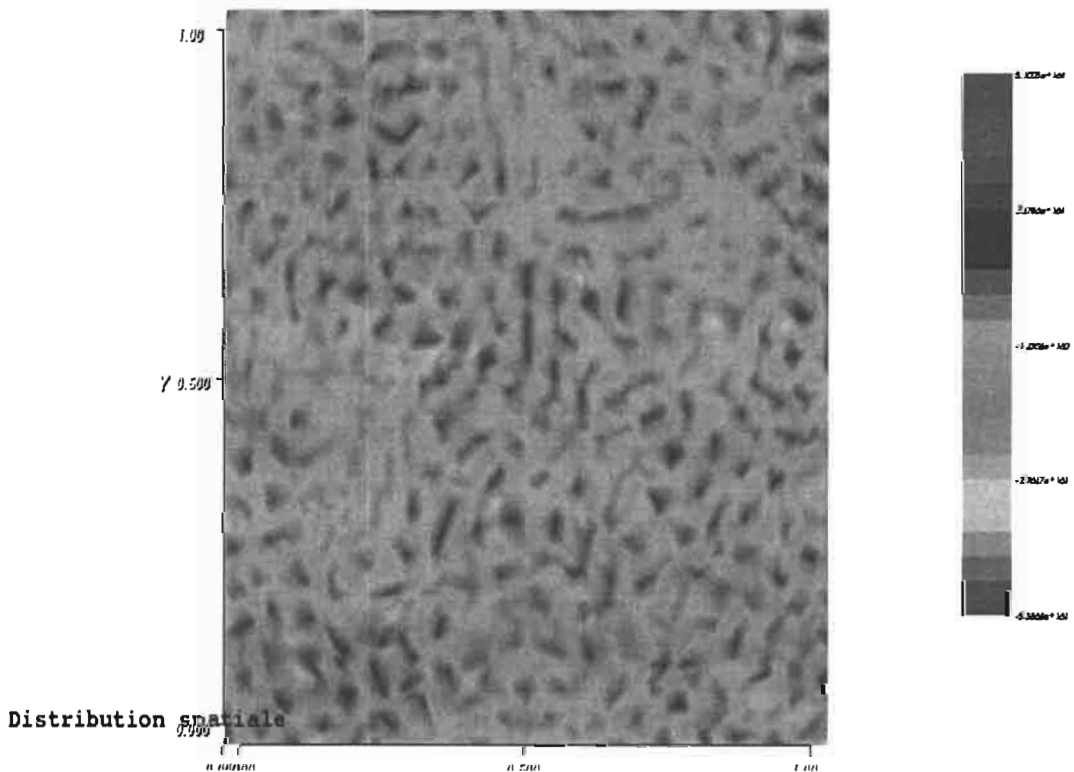


FIGURE 5.17 – Distribution spatiale de la population du poisson

pouvons rapidement dire que la toxine impact négativement le processus de régénération de l'espèce. En effet, la consommation répétée du phytoplancton toxique contribue à la

5.2. MODÈLE STRUCTURÉ

diminution de leur capacité de reproduction et même augmente leur taux de mortalité. La figure 5.21 montre la répartition de la population de poissons. On constate une faible répartition de cette population. D'un point de vue biologique la faible distribution de cette population confirme les effets néfastes de la toxine. Autrement dit la toxine libérée contribue à atténuer le processus de régénération du milieu.

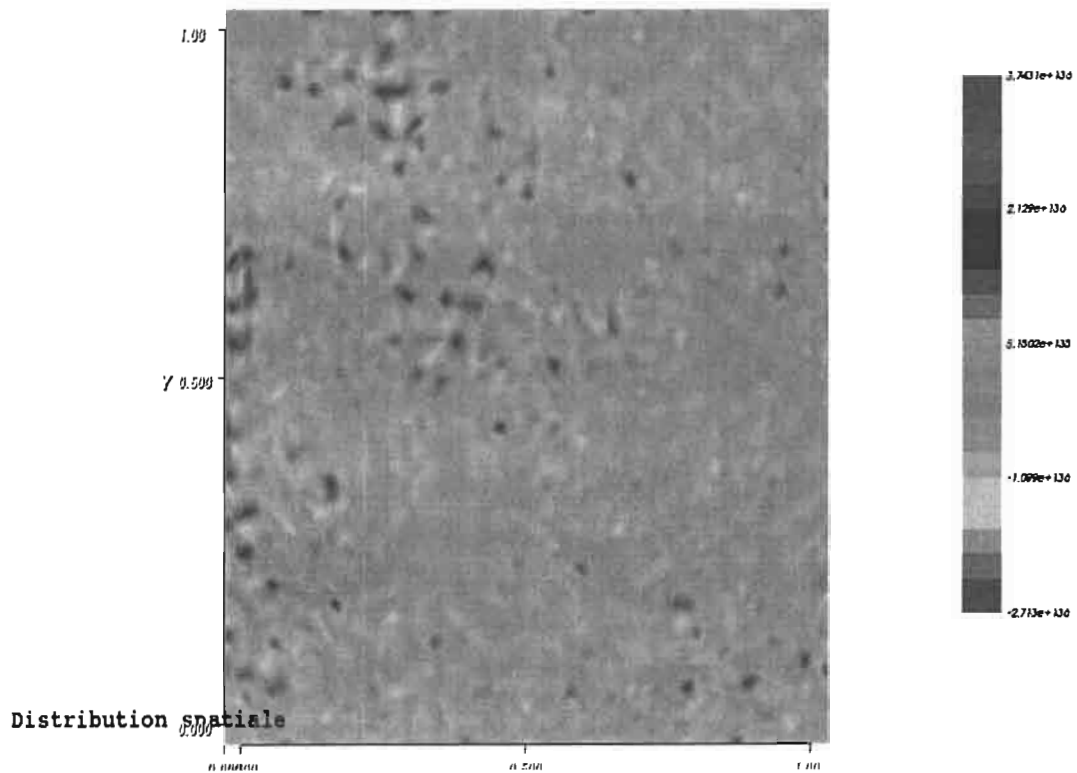


FIGURE 5.18 – Distribution spatiale du phytoplancton non toxique

Remarque. 5.2.1 Dans ce cas de figure nous parlerons du phénomène du blooms planctonique qui correspond aux floraisons.

5.2. MODÈLE STRUCTURÉ

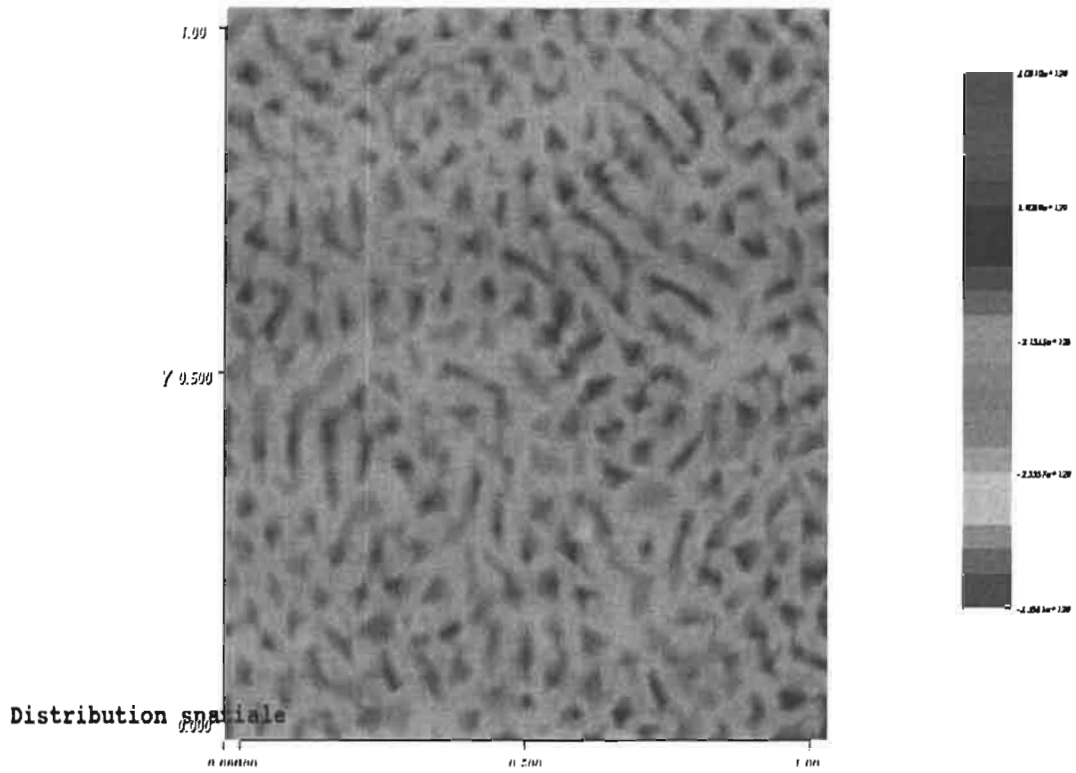


FIGURE 5.19 – Distribution spatiale du phytoplancton toxique

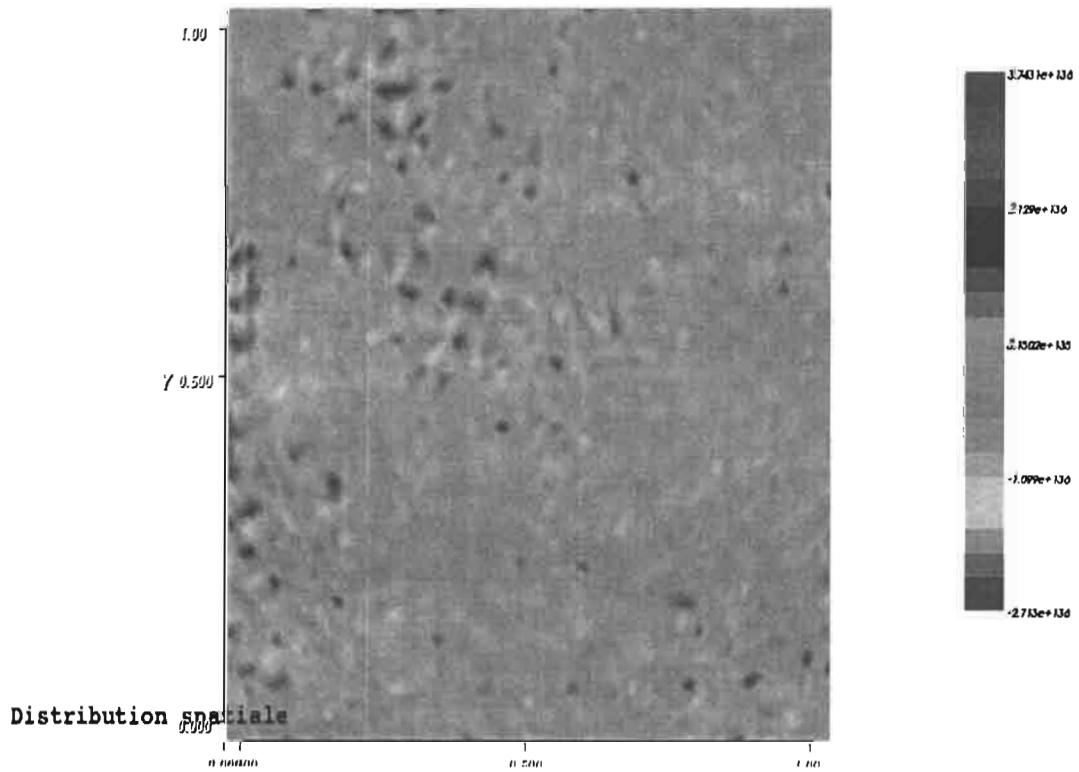


FIGURE 5.20 – Distribution spatiale du zooplancton

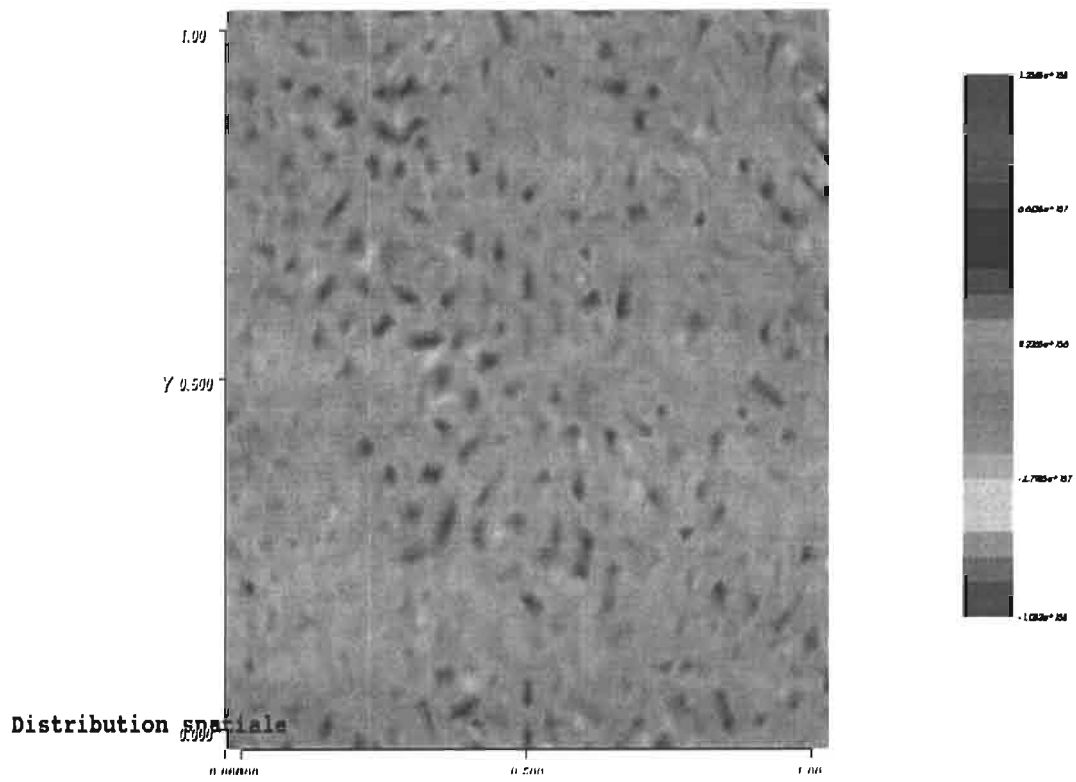


FIGURE 5.21 – Distribution spatiale du poisson

Chapitre 6

Conclusion générale et perspectives futures de recherche

Sommaire

6.1 Bilan du travail	89
6.2 Perspectives futures de recherche	90

6.1 Bilan du travail

Les travaux qui ont été présentés dans ce présent mémoire font partie du cadre générale de l'écologie mathématique. Nous nous sommes intéressés à l'étude de la dynamique de population du plancton et de son prédateur, le poisson. La conservation de la diversité dans le milieu aquatique passe d'abord par une bonne compréhension des interactions entre la population du poisson et de son régime alimentaire (plancton). Le choix de nos modèles pour cette étude était multiple. Nous avons opté pour une approche permettant de modéliser l'évolution de la population en temps fini. Pour ce qui concerne notre travail, nous avons considéré un système prédateur (poisson)- compétiteur (zooplancton) - proie (phytoplancton) en présence de toxine. Les hypothèses biologiques prises en compte sont suffisamment faibles, mais permettent néanmoins de donner une idée sur comment évolue une telle population.

Après une introduction, un préalable mathématique, notre étude a été consacrée à la construction et à l'étude mathématique des modèles non structuré, c'est-à-dire sans structuration continue en espace. Dans un premier temps, nous nous sommes intéressé aux modèles généralistes proie-prédateur en présence de substance nuisible, proie-compétiteur-prédateur en présence de substance nuisible, proie-prédateur en présence de substance nuisible avec subdivision de la proie et proie-compétiteur-prédateur en présence de substance nuisible avec subdivision de la proie. Par la suite, nous avons appliqué ces modèles aux problèmes existants : le modèle (P, Z) , (P, Z, F) , $P_1, P_2, Z)$ et (P_1, P_2, Z, F) .

Nous avons mis en évidence les caractéristiques biologiques ayant un rôle prépondérant

sur la dynamique en temps long du système : paramètres démographiques, prédation, préférence de prédation et dans certains cas, la densité initiale des populations. Dans nos investigations numériques, nous avons pu établir un seuil de l'efficacité de toxine en dessous duquel le système est instable et au dessus duquel le système est stable. Nous remarquons alors que, malgré l'effet indésirable de la toxine, les substances toxiques contribuent à la stabilisation du système, contrôlent les efflorescences (blooms) du plancton et peut donc agir comme un facteur de contrôle biologique de ces blooms.

Dans la seconde partie de notre étude, notre objectif était d'introduire une dépendance continue en espace dans les modèles non structurés. Nous avons donc étudié un système non linéaire d'équations aux dérivées partielles du type réaction diffusion afin de traduire les hétérogénéités spatiales du système biologique. On a également considéré une dépendance en la variable spatiale pour les paramètres démographiques de nos modèles. En ce qui concerne l'étude mathématique du modèle avec structuration spatiale, nous avons utilisé une méthode du type **Splitting** d'opérateurs dans le cadre des densités initiales strictement positives. Nous avons également établi que pour les diffusions faibles, les modèles spatiaux se comportent localement en espace comme les modèles non structurés. Nous remarquons également à travers nos simulations des modèles fortement structurés, que la toxine possède un effet indésirable mais agit comme un facteur de contrôle biologique de ces blooms.

6.2 Perspectives futures de recherche

Pour la réalisation de notre mémoire, nous sommes parvenus à établir un nombre important de modèle avant de construire le modèle dont il est question de notre thème. Dans l'avenir, nous comptons achever l'étude de ces modèles. Nous avons également l'ambition de tenir compte des phénomènes de saisonnalité, de la température de l'eau ou plus généralement de la dépendance en temps des paramètres de nos modèles sans oublier l'amélioration des programmes informatiques. Enfin, **Wendkouni OUEDRAOGO**, dans ces travaux de thèse a intégré la notion de cannibalisme entre les espèces et nous comptons en faire une perspective.

Bibliographie

- [1] **A. Abdellaoui**, Modélisation Et Étude Mathématique De Quelques Problèmes de Dynamique des Populations, *Thèse de Doctorat, Université Mohammed V, Maroc*, **2004**.
- [2] **E. Abraham**, The generation of plankton patchiness by turbulent stirring. *Nature (London)*, **391** : 577-580, 1998.
- [3] **B. Ainseba, F. Heiser et M. Langlais**, A mathematical analysis of a predateur-prey system in a highly heterogeneous environment. *Differential and Integral Equations*, **15**, 385-404, 2002.
- [4] **S. Gaucel**, Analyse Mathématique et simulation d'un modèle prédateur-proie en milieu insulaire hétérogène, *Thèse de doctorat, Université Bordeaux I*, **2005**
- [5] **W. Ouedraogo**, Modelisation mathématique d'un problème proie-prédateur :cas d'une population du Mugil. Mémoire de DEA, *Université Polytechnique de Bobo Dsso*, **2014**
- [6] **W. Ouedraogo, B. Sangaré, S. Traoré**, Some Mathematical Problems Arising in Biological Models : A Predator-Prey Model Fish-Plankton; *Journal of Applied Mathematics & Bioinformatics*, vol. **2**, no. 5, 2011, ISSN : 1792-6602(print), 1792-6939(online).
- [7] **W. Ouedraogo, B. Sangaré, S. Traoré**, A mathematical model based on the OEDs to describe fish and plankton dynamics, *en révision à Journal en Annals Mathematics of Africa*. **2016**.
- [8] **W. Ouedraogo, B. Sangaré, S. Traoré**, A Reaction-Diffusion System For Fish-Plankton Spatio-temporal Model In Marine Environment, *soumis à Journal of Differential Equation*. **2016**.
- [9] **W. Ouedraogo, B. Sangaré, S. Traoré**, A Mathematical study of Cannibalism In the Fish-Plancton Model by Taking Into Account the catching Effet, *AMO-Advanced Modeling and Optimization vol 18*, Number 2, 2016.
- [10] **S. Pal**, Role of toxin producing phytoplankton for coexistence of planktonic ecosystem, *Departement of mathematics Ram-akrishna mission vivekananda : 700118. India*
- [11] **B. Perthame, J. Gerbeau**, Derivation of viscous Saint-Venant system for laminar shallow water ; Numerical validation. *Discrete and continuous dynamical systemes-series B* 2001, 1 :89-102.

BIBLIOGRAPHIE

- [12] **B. Perthame, Y. A.** Qiu variant of Van Leer, Method for multidimensional systems of conservation laws. *Comput. Phys.* **1994**; **112**(2) :370-381.
- [13] **J. Pedloski.** Geophysical Fluid Dynamics, *Springer Verlag*, **1987**.
- [14] **B. Sangaré,** Adaptation dynamique de maillage pour la résolution des équations aux dérivées partielles dépendant du temps en une dimension (1D); Thèse de doctorat, *Université de Ouagadougou-Université de Bamako*, *Juillet 2012*.
- [15] **B. Sangaré, O. Diallo and L. Somé,** A New MATLAB Implementation and Analysis of A Moving Grid Method For Systems of One-Dimensional Time-Dependent Partial Differential Equations Based on The Equidistribution Principle, *Int. J. Appl. Math and statistiques*, *volume25*, Issue No 1, Pages 66-85, 2012.
- [16] **B. Traoré,** Modélisation mathématique de la Dynamique de propagation du Paludisme, Mémoire de DEA, *Université Polytechnique de Bobo Dsso*, **2015**.
- [17] **B. Traoré, B. Sangaré, S. Traoré,** A model of malaria transmission with structured vector population and seasonality, *soumis à Journal of Applied mathematic . 2017*
- [18] **A. Vasseur and A. Mellet,** Existence and Uniqueness of Global Strong Solutions for One-Dimensional Compressible Navier-Stokes Equations, *J. Math. Anal.*, **39**(4), 1344-1365 (2008).
- [19] **A. Vasseur and A. Mellet,** On the barotropic compressible Navier-Stokes equations, *.Partial Diff. Eqs* **32** (2007) 431 -452.
- [20] **V. Volterra,** Variation and fluctuation of the number of individuals of animal species living together. *In Ecology. McGrew-Hill*, **1926**
- [21] **V. Volterra,** Population growth, equilibria, and extinction under specied breeding conditions : a development and extension of the theory of the logistic curve **1938**.
- [22] **P. Yodzis,** Predator-prey theory and management of multispecies fisheries, *Ecological Applications* **4** :51-58, 1994.
- [23] **P. Yodzis,** Introduction to Theoretical Ecology, *Harper and Row*, **1989**. **4** :51-58, 1994.