

Modéliser la propagation d'une épidémie

Hugo Falconet et Antoine Jegou

sous la direction

d'Amandine Veber et Vincent Calvez

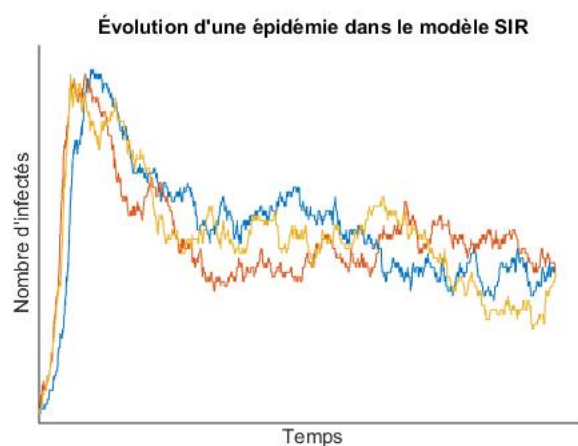
Juin 2015

1 Introduction

La compréhension de la manière dont une épidémie se développe une fois qu'elle est apparue est cruciale si on veut espérer la contrôler. Pour ce faire, divers modèles ont été développés qui mettent en avant (en particulier) le rôle crucial que joue le paramètre \mathcal{R}_0 , décrivant le nombre moyen de nouvelles infections dues à un individu malade. Comme on peut l'imaginer, si ce nombre est inférieur à 1 alors l'épidémie tendra à s'éteindre, tandis qu'elle pourra persister voire s'étendre à la population entière si $\mathcal{R}_0 > 1$.

Cependant, ces modèles classiques ont évidemment leurs limites et le paramètre \mathcal{R}_0 ne décrit pas vraiment à lui seul le devenir d'une épidémie dans une population réelle (en supposant que l'on sait le trouver dans ce cas). Par exemple, le fait qu'une population soit toujours finie induit des effets aléatoires d'autant plus marqués que la population est petite. Par ailleurs, la plupart des populations ont également une structure sous forme de groupes à l'intérieur desquels les individus sont plus proches (et donc se contaminent plus facilement) qu'entre les groupes. Tout ceci requiert des modèles plus fins et le développement des outils nécessaires à leur étude.

On s'attachera tout d'abord à décrire les modèles déterministes et aléatoires les plus classiques, ainsi que les liens entre ces deux approches. Dans un second temps, on généralisera la notion du paramètre \mathcal{R}_0 à des populations structurées.



2 Modèle SIS

• Au XVIII^e siècle, la ville de Londres est touchée par une épidémie de variole. Une solution controversée est la variolisation : on met en contact un individu avec un prélèvement d'un pustule sur un malade. Comme un individu ne peut être touché que deux fois par la variole, cette pratique le tue ou lui procure une immunité à vie. Daniel Bernoulli (1700-1782) propose en 1766 un modèle mathématique décrivant cette épidémie et détermine s'il faut ou non pratiquer la variolisation.

En 1911, Sir Ronald Ross, considéré comme étant l'un des pères fondateurs de l'épidémiologie mathématique basée sur des modèles compartimentaux, expose le premier modèle de transmission du paludisme. Il met en évidence un phénomène de seuil.

En 1927, William Ogilvy Kermack et Anderson Gray McKendrick appliquent les idées de Ross et étudient la transmission d'une maladie infectieuse chez les humains. Nous étudierons tout d'abord un modèle simple, le modèle SIS, avant d'étudier leur modèle SIR.

- Dans le modèle SIS, la population considérée est divisée en deux compartiments :
 - S : les individus susceptibles d'être infectés
 - I : les individus infectés

On introduit ci-dessous des paramètres utilisés en épidémiologie que nous utiliserons tout au long de ce document :

$b > 0$: le taux de naissance.

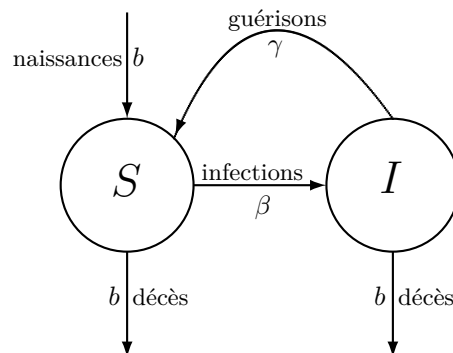
$\gamma > 0$: le taux de guérison.

$\beta > 0$: le taux de contact.

Dans ce modèle :

1. un individu susceptible devient infecté et infectieux après un contact positif avec un individu infectieux mais ne développe pas d'immunité à la maladie : il redevient susceptible à taux γ .
2. les naissances se font à taux b et les nouveaux-nés ne sont pas infectés.
3. les morts se font à taux b aussi, ce qui permet de supposer que la population reste constante.

Le graphe suivant résume de manière concise le modèle SIS :



2.1 Point de vue déterministe

Le modèle SIS déterministe modélise l'évolution d'une épidémie dans une population de grande taille à l'aide du système différentiel suivant :

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta}{N}SI + (b + \gamma)I \quad (1)$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta}{N}SI - (b + \gamma)I \quad (2)$$

Vérifions qu'un tel système d'équations admet bien une et unique solution à conditions initiales fixées, et que celle-ci a bien un sens en terme de population.

Proposition 1. Soit $N > 0$ et $I_0 \in]0, N[$. Alors :

1. Le système (1) et (2) avec la condition $(S(0), I(0)) = (N - I_0, I_0)$ admet un unique couple solution (S, I) défini sur $[0, +\infty[$.
2. De plus, on a pour tout $t > 0$ $S(t) \in]0, N[$ et $I(t) \in]0, N[$.

Preuve.

En notant $X = (S, I)$, on peut réécrire ce système différentiel sous la forme $X' = F(X)$ avec F de classe C^∞ . Ainsi, le théorème de Cauchy-Lipschitz s'applique et assure l'existence et l'unicité d'une solution maximale définie sur un intervalle ouvert I_{\max} contenant 0.

Comme $\frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} = 0$, on en déduit que pour tout $t \geq 0$, $S(t) + I(t) = S(0) + I(0) = N$.

On a donc :

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta}{N}I(N - I) - (b + \gamma)I = (\beta - (b + \gamma))I - \frac{\beta}{N}I^2$$

Ainsi, si I s'annule, mettons en $t_1 > 0$, I et 0 seraient toutes les deux solutions du même problème de Cauchy. 0 étant solution sur \mathbb{R} , I coïnciderait alors avec 0 ce qui est absurde puisque $I_0 > 0$. Un raisonnement analogue permet d'affirmer que S ne peut s'annuler. Ce qui permet d'affirmer la deuxième partie de la proposition sur I_{\max} . Mais alors, comme (S, I) est borné, on en déduit que I_{\max} n'est pas majoré, ce qui achève la preuve. □

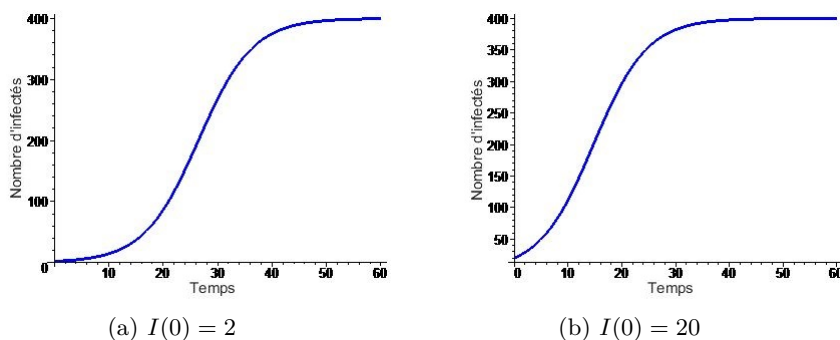


FIGURE 1 – $N = 1000$, $\beta = 0.5$, $b = 0.2$, $\gamma = 0.1$, $I(0)$ variable

Ce tracé obtenu avec Maple nous donne déjà une idée de l'évolution de l'épidémie. Il semblerait par exemple qu'un état d'équilibre se forme après un certain temps et que le nombre d'individus infectés au temps 0 ne modifie pas cet état dès lors que les autres paramètres sont fixés.

Théorème 1. (Résolution explicite)

On note $c = \beta - (b + \gamma)$. L'équation différentielle vérifiée par I avec la condition initiale $I(0) = I_0$ s'écrit alors :

$$I'(t) = cI(t) - \frac{\beta}{N}I(t)^2$$

On distingue alors trois cas pour expliciter les solutions :

1. Si $I_0 = \frac{c}{\beta}N$, alors $\forall t \geq 0$, $I(t) = I_0 = \frac{c}{\beta} = N(1 - \frac{1}{R_0})$
2. Si $I_0 \neq \frac{c}{\beta}N$, $c = 0$, alors $\forall t \geq 0$:

$$I(t) = \frac{I_0}{1 + \beta \frac{I_0}{N}t}$$

3. Si $I_0 \neq \frac{c}{\beta}N$, $c \neq 0$, alors $\forall t \geq 0$:

$$I(t) = \frac{c}{\frac{\beta}{N} - (\frac{\beta}{N} - \frac{c}{I_0})e^{-ct}}$$

Preuve.

1. La solution constante $I(t) = \frac{c}{\beta}N$ est bien solution de problème de Cauchy. D'où le résultat par unicité.
2. Si $c = 0$, l'équation devient :

$$I'(t) = -\frac{\beta}{N}I(t)^2$$

Ou encore, comme I ne s'annule pas :

$$\frac{d}{dt} \left(\frac{1}{I(t)} \right) = \frac{\beta}{N}$$

On obtient donc par intégration entre 0 et t :

$$\frac{1}{I(t)} - \frac{1}{I_0} = \frac{\beta}{N}t$$

D'où le résultat après des calculs élémentaires.

3. Comme 0 et $\frac{c}{\beta}N$ sont des solutions constantes de l'équation différentielle, I ne les coupe pas et on a donc par décomposition en éléments simples :

$$1 = \frac{I'(t)}{I(t)(c - \frac{\beta}{N}I(t))} = \frac{1}{c} \frac{1}{I(t)} - \frac{1}{c} \frac{\frac{\beta}{N}}{\frac{\beta}{N}I(t) - c}$$

D'où, par intégration :

$$\ln \left(\frac{I(t)}{I_0} \right) - \ln \left(\frac{\frac{\beta}{N}I(t) - c}{\frac{\beta}{N}I_0 - c} \right) = ct$$

$$I(t) \left[\frac{\beta}{N} - \frac{c}{I_0} - \frac{\beta}{N}e^{ct} \right] = -ce^{ct}$$

$$I(t) = \frac{c}{\frac{\beta}{N} - (\frac{\beta}{N} - \frac{c}{I_0})e^{-ct}}$$

□

On en déduit alors le théorème suivant :

Théorème 2. (*Comportement asymptotique*)

Soit (S, I) un couple solution du système précédent. On introduit $\mathcal{R}_0 = \frac{\beta}{b+\gamma}$.

1. Si $\mathcal{R}_0 \leq 1$, alors $\lim_{t \rightarrow \infty} (S(t), I(t)) = (N, 0)$
2. Si $\mathcal{R}_0 > 1$, alors $\lim_{t \rightarrow \infty} (S(t), I(t)) = \left(\frac{N}{\mathcal{R}_0}, N \left(1 - \frac{1}{\mathcal{R}_0}\right) \right)$

Preuve.

Si $\left(\frac{\beta}{N} - \frac{c}{I_0}\right) = 0$, $I_0 = c \frac{N}{\beta} = N \left(1 - \frac{1}{\mathcal{R}_0}\right)$.

Mais alors dans ce cas, $\forall t \geq 0$, $I(t) = I_0 = N \left(1 - \frac{1}{\mathcal{R}_0}\right)$.

Dans le cas contraire :

1. Si $\mathcal{R}_0 = 1$, alors $c = 0$ et $I(t) = \frac{I_0}{1 + \beta \frac{I_0}{N} t} \xrightarrow{t \rightarrow \infty} 0$
2. Si $\mathcal{R}_0 > 1$, $c > 0$ et alors :

$$I(t) = \frac{c}{\frac{\beta}{N} - \left(\frac{\beta}{N} - \frac{c}{I_0}\right)e^{-ct}} \xrightarrow{t \rightarrow \infty} \frac{c}{\frac{\beta}{N}} = N \left(1 - \frac{1}{\mathcal{R}_0}\right)$$

3. Si $\mathcal{R}_0 < 1$, $c < 0$ et alors :

$$I(t) = \frac{c}{\frac{\beta}{N} - \left(\frac{\beta}{N} - \frac{c}{I_0}\right)e^{-ct}} \xrightarrow{t \rightarrow \infty} 0$$

□

On a tracé ci-dessous avec Maple l'évolution de l'épidémie dans les trois cas étudiés :

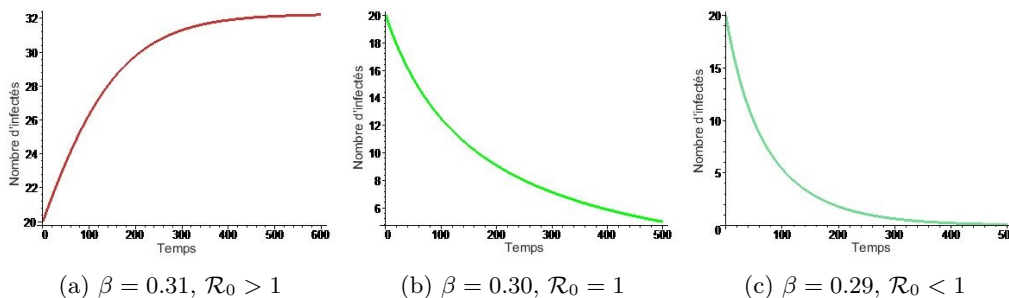


FIGURE 2 – Résumé des trois cas : $N = 1000$, $b = 0.2$, $\gamma = 0.1$, $I(0) = 20$, β variable

2.2 Point de vue probabiliste

Il peut parfois être pertinent de rendre probabiliste un modèle. En effet, tout le travail effectué précédemment se basait sur l'hypothèse d'une population de grande taille. Lorsque ce n'est pas le cas, les interactions entre les individus ne sont plus uniformes mais possèdent un caractère aléatoire intrinsèque. Nous allons ici exposer une version probabiliste du modèle SIS.

• *Modélisation*

Nous allons modéliser dans cette partie les compartiments S et I comme des chaînes de Markov. Notons S_n le nombre d'individus susceptibles et I_n le nombre d'individus infectés au temps $t_n = n\Delta_t$ où $\Delta_t > 0$ est le pas considéré. Comme $S_n + I_n = N$, nous pouvons nous concentrer sur un seul processus, par exemple I_n qui est à valeurs dans l'espace fini $E = \{0 \dots N\}$. Pour définir correctement ce processus, nous devons donner les probabilités de transitions entre les différents états.

Pour simplifier le problème, nous pouvons supposer que le pas Δ_t est suffisamment petit pour qu'un cours d'un intervalle de temps, au plus un individu passe du compartiment I au compartiment S ou réciproquement. Autrement dit, pour $i \in \{0 \dots N\}$, si $j \notin \{i - 1, i, i + 1\}$:

$$\mathbb{P}(I_{n+1} = j | I_n = i) = 0$$

Les transitions possibles restantes sont alors les suivantes :

1. $j = i + 1$:

À vitesse β , chaque individu infecté est en contact avec quelqu'un dans la population et s'il est sain, alors cet individu devient contaminé, d'où :

$$\mathbb{P}(I_{n+1} = i + 1 | I_n = i) = \frac{\beta i(N - i)}{N} \Delta_t$$

2. $j = i - 1$:

Un individu infecté meurt à taux b et est guéri à taux γ , d'où :

$$\mathbb{P}(I_{n+1} = i - 1 | I_n = i) = (b + \gamma)i \Delta_t$$

3. La dernière transition est alors imposée par les précédentes, d'où :

$$\mathbb{P}(I_{n+1} = i | I_n = i) = 1 - \frac{\beta i(N - i)}{N} \Delta_t - (b + \gamma)i \Delta_t$$

On a donc de manière plus condensée pour $(i, j) \in E^2$:

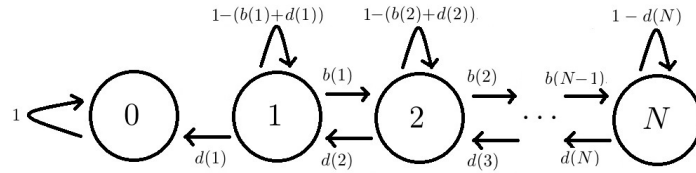
$$\mathbb{P}(I_{n+1} = j | I_n = i) = p_{i,j} = \begin{cases} \frac{\beta i(N - i)}{N} \Delta_t & \text{si } j = i + 1 \\ (b + \gamma)i \Delta_t & \text{si } j = i - 1 \\ 0 & \text{si } j \notin \{i - 1, i, i + 1\} \\ 1 - \left(\frac{\beta i(N - i)}{N} - (b + \gamma)i \right) \Delta_t & \text{sinon} \end{cases}$$

D'où, en ajoutant des notations adaptées :

$$\mathbb{P}(I_{n+1} = j | I_n = i) = \begin{cases} b_i & \text{si } j = i + 1 \\ d_i & \text{si } j = i - 1 \\ 0 & \text{si } j \notin \{i - 1, i, i + 1\} \\ 1 - (b_i + d_i) & \text{sinon} \end{cases}$$

Remarque : on doit garantir que cette dernière probabilité de transition est bien positive. On doit donc pour cela choisir Δ_t assez petit de telle sorte que $\max_{i \in \{1 \dots N\}} [b_i + d_i] \leq 1$

Le graphe ci-dessous permet alors de représenter la chaîne de Markov ainsi construite :



On déduit du graphe que la chaîne est irréductible et que l'état 0 est le seul état absorbant. Ainsi, presque sûrement la population sera libérée de l'épidémie après un certain temps.

Voici ci-dessous des simulations de ce modèle effectuées sous matlab :

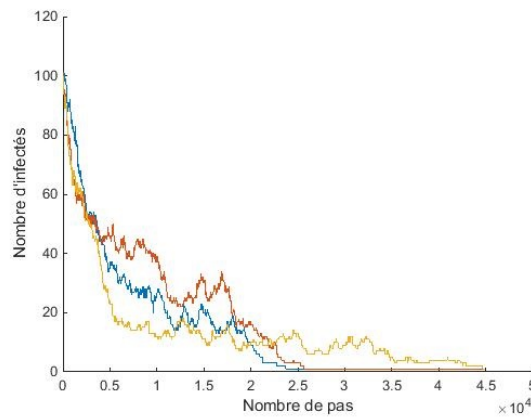


FIGURE 3 – $N = 250$, $\beta = 0.25$, $b = 0.2$, $\gamma = 0.1$, $\Delta_t = 0.0015$, $\mathcal{R}_0 < 1$

Avec les paramètres choisis, $\mathcal{R}_0 < 1$. L'épidémie tend à disparaître comme c'était attendu.

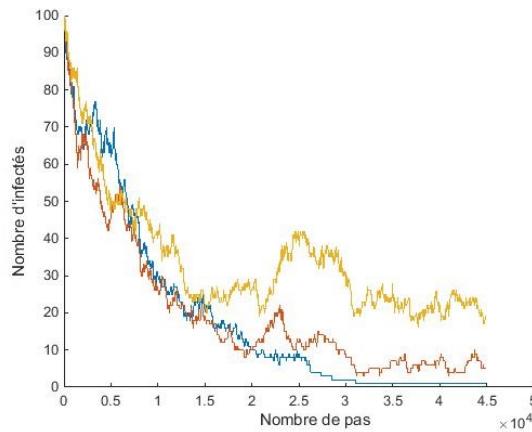


FIGURE 4 – $N = 250$, $\beta = 0.3$, $b = 0.2$, $\gamma = 0.1$, $\Delta_t = 0.0015$, $\mathcal{R}_0 = 1$

Avec $\mathcal{R}_0 = 1$, l'allure est la même. Le temps de retour en 0 est cependant plus grand.

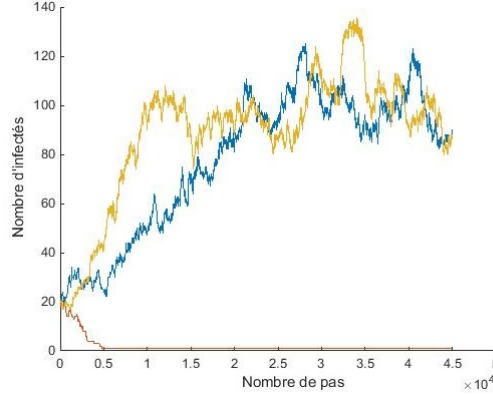


FIGURE 5 – $N = 250$, $\beta = 0.5$, $b = 0.2$, $\gamma = 0.1$, $\Delta_t = 0.0015$, $\mathcal{R}_0 > 1$

Ici, avec $\mathcal{R}_0 > 1$ l'épidémie ne semble pas s'éteindre. D'autres simulations plus longues confortent l'idée que l'espérance du temps de retour en 0 de la chaîne est très grand.

• Étude du temps de retour en 0

On peut alors se demander quel est le temps moyen d'extinction de l'épidémie. On introduit pour cela quelques notations :

1. $T = \inf\{n \geq 0 \mid X_n = 0\}$
2. $\tau_k = \mathbb{E}_k[T_k]$

Soit $1 \leq k \leq N$ un état de la chaîne. Nous conditionnons par rapport à la première transition pour obtenir :

$$\begin{aligned}
\tau_k &= \mathbb{E}[T|X_0 = k] \\
&= \mathbb{P}(X_1 = k-1|X_0 = k) \mathbb{E}[T|X_0 = k, X_1 = k-1] + \mathbb{P}(X_1 = k+1|X_0 = k) \mathbb{E}[T|X_0 = k, X_1 = k+1] \\
&\quad + \mathbb{P}(X_1 = k|X_0 = k) \mathbb{E}[T|X_0 = k, X_1 = k] \\
&= d_k \mathbb{E}[T|X_0 = k, X_1 = k-1] + b_k \mathbb{E}[T|X_0 = k, X_1 = k+1] + (1 - b_k - d_k) \mathbb{E}[T|X_0 = k, X_1 = k] \\
&= d_k(1 + \tau_{k-1}) + b_k(1 + \tau_{k+1}) + (1 - b_k - d_k)(1 + \tau_k)
\end{aligned}$$

La dernière égalité étant obtenue par la propriété de Markov fort. Comme $b_N = 0$, on a :

$$\begin{cases}
\tau_0 = 0 \\
\tau_k = b_k(1 + \tau_{k+1}) + d_k(1 + \tau_{k-1}) + (1 - (b_k + d_k))(1 + \tau_k) \text{ pour } k \in \{1 \dots (N-1)\} \\
\tau_N = d_N(1 + \tau_{N-1}) + (1 - d_N)(1 + \tau_N)
\end{cases}$$

On peut réécrire ce système sous la forme :

$$\begin{cases}
\tau_0 = 0 \\
\tau_{k+1} - \tau_k = \frac{d_k}{b_k} (\tau_k - \tau_{k-1}) - \frac{1}{b_k} \\
\tau_N - \tau_{N-1} = \frac{1}{d_N}
\end{cases}$$

Lemme 1. On obtient de la relation de récurrence pour tout $n \in \{1, \dots, N\}$:

$$\tau_n - \tau_1 = \sum_{k=1}^{n-1} \frac{d_1 \dots d_k}{b_1 \dots b_k} \left[\tau_1 - \frac{1}{d_1} - \sum_{i=2}^k \frac{b_1 \dots b_{i-1}}{d_1 \dots d_i} \right]$$

La première somme valant 0 dès que $n < 2$ et la seconde aussi dès que $k < 2$.

Preuve. On procède par récurrence sur n .

1. Si $n = 1$, on a bien $\tau_1 - \tau_1 = 0$.
2. Si $n = 2$, on a par la relation de récurrence :

$$\tau_2 - \tau_1 = \frac{d_1}{b_1}(\tau_1 - 0) - \frac{1}{b_1} = \frac{d_1}{b_1}(\tau_1 - \frac{1}{d_1})$$

3. Dans le cas général :

$$\begin{aligned} \tau_{n+1} &\stackrel{\text{rel rec}}{=} \tau_n + \frac{d_n}{b_n}(\tau_n - \tau_1 - (\tau_{n-1} - \tau_1)) - \frac{1}{b_n} \\ &\stackrel{\text{hyp rec}}{=} \tau_n + \frac{d_n}{b_n} \frac{d_1 \dots d_{n-1}}{b_1 \dots b_{n-1}} \left[\tau_1 - \frac{1}{d_1} - \sum_{i=2}^{n-1} \frac{b_1 \dots b_{i-1}}{d_1 \dots d_i} \right] - \frac{1}{b_n} \\ &\stackrel{\text{factor}}{=} \tau_n + \frac{d_n}{b_n} \frac{d_1 \dots d_{n-1}}{b_1 \dots b_{n-1}} \left[\tau_1 - \frac{1}{d_1} - \sum_{i=2}^n \frac{b_1 \dots b_{i-1}}{d_1 \dots d_i} \right] \\ &\stackrel{\text{hyp rec}}{=} \tau_1 + \sum_{k=1}^{n-1} \frac{d_1 \dots d_k}{b_1 \dots b_k} \left[\tau_1 - \frac{1}{d_1} - \sum_{i=2}^k \frac{b_1 \dots b_{i-1}}{d_1 \dots d_i} \right] + \frac{d_n}{b_n} \frac{d_1 \dots d_{n-1}}{b_1 \dots b_{n-1}} \left[\tau_1 - \frac{1}{d_1} - \sum_{i=2}^n \frac{b_1 \dots b_{i-1}}{d_1 \dots d_i} \right] \\ &\stackrel{\text{indice}}{=} \tau_1 + \sum_{k=1}^n \frac{d_1 \dots d_k}{b_1 \dots b_k} \left[\tau_1 - \frac{1}{d_1} - \sum_{i=2}^k \frac{b_1 \dots b_{i-1}}{d_1 \dots d_i} \right] \end{aligned}$$

□

Ces relations de récurrence nous permettent d'obtenir une formule explicite de l'espérance du temps d'absorption de la chaîne.

Théorème 3. (*Espérance du temps d'absorption*)

L'espérance du temps d'absorption de la chaîne issue de 1 est alors donnée par :

$$\tau_1 = \frac{1}{d_1} + \sum_{i=2}^N \frac{b_1 \dots b_{i-1}}{d_1 \dots d_i}$$

Et issue de $n \in \{2, \dots, N\}$ par :

$$\tau_n = \tau_1 + \sum_{k=1}^{n-1} \frac{d_1 \dots d_k}{b_1 \dots b_k} \sum_{i=k+1}^N \frac{b_1 \dots b_{i-1}}{d_1 \dots d_i}$$

Preuve.

On a d'une part $\tau_N - \tau_{N-1} = \frac{1}{d_N}$ et d'autre part, d'après le lemme précédent :

$$\tau_N - \tau_{N-1} = (\tau_N - \tau_1) - (\tau_{N-1} - \tau_1) \stackrel{\text{lemme}}{=} \frac{d_1 \dots d_{N-1}}{b_1 \dots b_{N-1}} \left[\tau_1 - \frac{1}{d_1} - \sum_{i=2}^{N-1} \frac{b_1 \dots b_{i-1}}{d_1 \dots d_i} \right]$$

On en déduit donc :

$$\tau_1 - \frac{1}{d_1} - \sum_{i=2}^{N-1} \frac{b_1 \dots b_{i-1}}{d_1 \dots d_i} = \frac{b_1 \dots b_{N-1}}{d_1 \dots d_N}$$

Soit :

$$\tau_1 = \frac{1}{d_1} + \sum_{i=2}^N \frac{b_1 \dots b_{i-1}}{d_1 \dots d_i}$$

La deuxième partie du théorème s'obtient directement à partir de ce résultat et du lemme. \square

On peut alors relier ces expressions avec le paramètre \mathcal{R}_0 . Pour $i \geq 1$,

$$\frac{b_i}{d_i} = \frac{\beta}{b + \gamma} \frac{N - i}{N} = \mathcal{R}_0 \frac{N - i}{N}$$

D'où :

$$\tau_1 = \frac{1}{(b + \gamma)\Delta_t} + \sum_{i=2}^N \frac{\mathcal{R}_0^i (N - 1) \dots (N - i)}{b_i N^i} = \frac{1}{\beta\Delta_t} \sum_{i=1}^N \frac{\mathcal{R}_0^i N \dots (N - i + 1)}{i N^i}$$

Voici ci-dessous l'évolution de τ_1 en fonction de \mathcal{R}_0 pour trois valeurs de N :

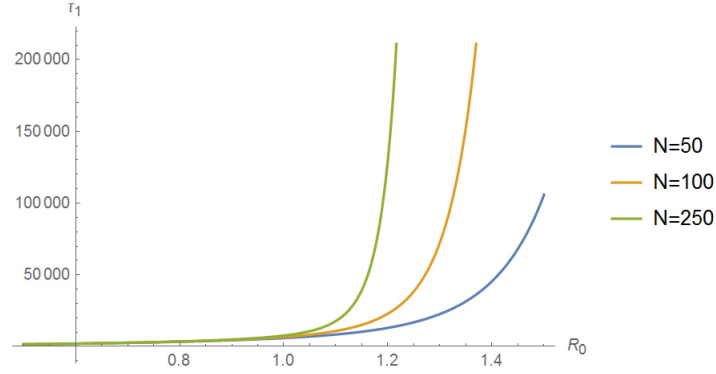


FIGURE 6 – Évolution de τ_1 en fonction de \mathcal{R}_0

Ce graphique confirme les conjectures émises sur l'espérance du temps de retour en 0.

Théorème 4. (*Étude des grandes populations*)

1. Si $\mathcal{R}_0 < 1$, alors $\tau_1 \xrightarrow{N \rightarrow \infty} \frac{-\ln(1 - \mathcal{R}_0)}{\beta\Delta_t}$
2. Si $\mathcal{R}_0 = 1$, alors $\tau_1 \underset{N \rightarrow \infty}{\sim} \frac{1}{2\beta\Delta_t} \ln N$
3. Si $\mathcal{R}_0 > 1$, alors $\tau_1 \underset{N \rightarrow \infty}{\sim} \frac{\sqrt{2\pi}}{\beta\Delta_t(1 - 1/\mathcal{R}_0)} \frac{\mathcal{R}_0^N e^{(1/\mathcal{R}_0 - 1)N}}{\sqrt{N}}$

Preuve.

1. Si $\mathcal{R}_0 < 1$, on introduit pour $N \geq 1$ et $i \geq 2$,

$$\tau'_1 = \frac{1}{\beta\Delta_t} \sum_{i=1}^N \frac{\mathcal{R}_0^i}{i} \quad \text{et} \quad g_N(i) = \frac{\mathcal{R}_0^i}{i} \left(1 - \frac{N \dots (N - i + 1)}{N^i} \right) \mathbf{1}_{2 \leq i \leq N}$$

On a alors :

$$\begin{aligned} |\tau_1 - \tau'_1| &= \frac{1}{\beta\Delta_t} \sum_{i=2}^N \frac{\mathcal{R}_0^i}{i} \left(1 - \frac{N \dots (N-i+1)}{N^i} \right) \\ &= \frac{1}{\beta\Delta_t} \sum_{i=2}^{+\infty} g_N(i) \end{aligned}$$

- D'une part, pour $i \geq 2$, $g_N(i) \xrightarrow{N \rightarrow \infty} 0$.
- D'autre part, on a la majoration $|g_N(i)| \leq \frac{\mathcal{R}_0^i}{i}$, vraie pour tout $N \geq 1$ et tout $i \geq 2$ avec $\sum_{i=2}^{+\infty} \frac{\mathcal{R}_0^i}{i} < +\infty$ ($\mathcal{R}_0 < 1$)

Le théorème de convergence dominée permet donc d'affirmer que $|\tau_1 - \tau'_1| \xrightarrow{N \rightarrow \infty} 0$.

On calcule alors pour conclure la limite de τ'_1 .

$$\tau'_1 = \frac{1}{\beta\Delta_t} \sum_{i=1}^N \frac{\mathcal{R}_0^i}{i} \xrightarrow{N \rightarrow \infty} \frac{-\ln(1 - \mathcal{R}_0)}{\beta\Delta_t}$$

2. Si $\mathcal{R}_0 = 1$,

$$\begin{aligned} S_{N^2} &= \sum_{i=1}^{N^2} \frac{1}{i} \frac{N^2 \dots (N^2 - i + 1)}{N^{2i}} \\ &\geq \sum_{i=1}^N \frac{1}{i} 1 \left(1 - \frac{1}{N^2} \right) \dots \left(1 - \frac{i-1}{N^2} \right) \\ &\geq \sum_{i=1}^N \frac{1}{i} \left(1 - \frac{1}{N^2} - \dots - \frac{i-1}{N^2} \right) \quad (\text{Lemme 2}) \end{aligned}$$

Or,

$$\sum_{i=1}^N \frac{1}{i} \left(1 - \frac{1}{N^2} - \dots - \frac{i-1}{N^2} \right) = \sum_{i=1}^N \frac{1}{i} \left(1 - \frac{i(i-1)}{2N^2} \right) = H_N - \sum_{i=1}^{N-1} \frac{i}{2N^2} \geq H_N - \frac{1}{2}$$

Pour la majoration, on découpe la somme en deux en introduisant les notations :

$$S_{N^2} = \sum_{i=1}^N \frac{1}{i} 1 \left(1 - \frac{1}{N^2} \right) \dots \left(1 - \frac{i-1}{N^2} \right) + \sum_{i=N+1}^{N^2} \frac{1}{i} 1 \left(1 - \frac{1}{N^2} \right) \dots \left(1 - \frac{i-1}{N^2} \right) = S_{N^2}^1 + S_{N^2}^2$$

Le premier terme contient la majorité de la valeur de la somme. On le majore grossièrement :

$$S_{N^2}^1 \leq \sum_{i=1}^N \frac{1}{i} = H_N$$

Le deuxième terme est plus compliqué à gérer :

$$S_{N^2}^2 = \sum_{i=N+1}^{N^2} \frac{1}{i} 1 \left(1 - \frac{1}{N^2} \right) \dots \left(1 - \frac{i-1}{N^2} \right) = \sum_{i=N+1}^{N^2} \frac{1}{i} P_{N,i}$$

$$\ln P_{N,i} = \sum_{k=0}^{i-1} \ln\left(1 - \frac{k}{N^2}\right) \leq - \sum_{k=0}^{i-1} \frac{k}{N^2} = -\frac{i(i-1)}{2N^2}$$

Ainsi,

$$S_{N^2}^2 \leq \sum_{i=N}^{N^2-1} \frac{1}{i+1} e^{-\frac{i^2}{2N^2}} \leq \sum_{i=N}^{N^2-1} \int_{i-1}^i \frac{1}{u+1} e^{-\frac{u^2}{2N^2}} du \leq \int_{N-1}^{N^2-1} \frac{1}{u} e^{-\frac{u^2}{2N^2}} du$$

Après le changement de variable $v = u/N$, on obtient finalement pour $N \geq 2$:

$$S_{N^2}^2 \leq \int_{1/2}^{+\infty} \frac{e^{-v^2}}{v} dv \leq 2 \frac{\sqrt{\pi}}{2} = \sqrt{\pi}$$

En rassemblant les 3 inégalités obtenues, on obtient finalement l'encadrement :

$$H_N - \frac{1}{2} \leq S_{N^2} \leq H_N + \sqrt{\pi}$$

Le résultat s'obtient alors en remplaçant dans les calculs effectués N^2 par N et N par $[\sqrt{N}]$.

3. Supposons $\mathcal{R}_0 > 1$.

$$S_N = \sum_{i=1}^N \frac{\mathcal{R}_0^i}{i} \frac{N \dots (N-i+1)}{N^i} = \sum_{i=0}^{N-1} \frac{\mathcal{R}_0^{N-i}}{N-i} \frac{N \dots (i+1)}{N^{N-i}} = \mathcal{R}_0^N \frac{N!}{N^N} \sum_{i=0}^{N-1} \frac{1}{N-i} \frac{(N/\mathcal{R}_0)^i}{i!}$$

Ou encore :

$$S_N = \mathcal{R}_0^N \frac{N!}{N^N} \frac{e^{N/\mathcal{R}_0}}{N} S'_N \quad \text{avec} \quad S'_N = \sum_{k=0}^{N-1} \frac{1}{1-k/N} e^{-N/\mathcal{R}_0} \frac{(N/\mathcal{R}_0)^k}{k!}$$

On détermine alors la limite de S'_N . Considérons une suite (X_n) de variables aléatoires *i.i.d* suivant la loi de Poisson $\mathcal{P}(1/\mathcal{R}_0)$.

On introduit $Y_N = X_1 + \dots + X_N$. Y_N suit la loi de Poisson $\mathcal{P}(N/\mathcal{R}_0)$. On a alors :

$$S'_N = \sum_{k=0}^{N-1} \frac{1}{1-k/N} \mathbb{P}(Y_N = k)$$

La LFGN donne $Y_N \sim N/\mathcal{R}_0$ pour N grand. La masse de probabilité sera donc répartie autour de ce point. En considérant $\mathbb{P}(Y_N = k) = \delta_{k, N/\mathcal{R}_0}$ on obtient $S'_N = \frac{1}{1-1/\mathcal{R}_0}$. C'est ce que l'on va formaliser.

Fixons $\varepsilon > 0$. ($\varepsilon < 1 - \frac{1}{\mathcal{R}_0}$ pour avoir $|k/N - 1/\mathcal{R}_0| > \varepsilon$ si $k \geq N$)

D'après la loi faible des grands nombres, $\mathbb{P}\left(\left|\frac{Y_N}{N} - \frac{1}{\mathcal{R}_0}\right| \geq \varepsilon\right) \xrightarrow{N \rightarrow \infty} 0$. Ainsi, il existe N_0 tel

que pour tout $N \geq N_0$, $\mathbb{P}\left(\left|\frac{Y_N}{N} - \frac{1}{\mathcal{R}_0}\right| \geq \varepsilon\right) \leq \varepsilon$.

On a alors, pour $N \geq N_0$,

$$\begin{aligned} S'_N &= \sum_{k=0}^{N-1} \frac{1}{1-k/N} \mathbb{P}\left(\frac{Y_N}{N} = \frac{k}{N}\right) \\ &= \sum_{\substack{|k/N - 1/\mathcal{R}_0| < \varepsilon \\ 0 \leq k < N}} \frac{1}{1-k/N} \mathbb{P}\left(\frac{Y_N}{N} = \frac{k}{N}\right) + \sum_{\substack{|k/N - 1/\mathcal{R}_0| \geq \varepsilon \\ 0 \leq k < N}} \frac{1}{1-k/N} \mathbb{P}\left(\frac{Y_N}{N} = \frac{k}{N}\right) \end{aligned}$$

- Pour le premier terme, comme on a alors $\frac{1}{1-1/\mathcal{R}_0+\varepsilon} \leq \frac{1}{1-k/N} \leq \frac{1}{1-1/\mathcal{R}_0-\varepsilon}$, on en déduit :

$$\begin{aligned} \frac{1}{1-1/\mathcal{R}_0+\varepsilon} \sum_{\substack{|k/N-1/\mathcal{R}_0|<\varepsilon \\ 0 \leq k < N}} \mathbb{P}\left(\frac{Y_N}{N} = \frac{k}{N}\right) &\leq \sum_{\substack{|k/N-1/\mathcal{R}_0|<\varepsilon \\ 0 \leq k < N}} \frac{1}{1-k/N} \mathbb{P}\left(\frac{Y_N}{N} = \frac{k}{N}\right) \\ &\leq \frac{1}{1-1/\mathcal{R}_0-\varepsilon} \sum_{\substack{|k/N-1/\mathcal{R}_0|<\varepsilon \\ 0 \leq k < N}} \mathbb{P}\left(\frac{Y_N}{N} = \frac{k}{N}\right) \end{aligned}$$

Compte tenu du choix de ε et comme $N \geq N_0$, on a :

$$\sum_{\substack{|k/N-1/\mathcal{R}_0|<\varepsilon \\ 0 \leq k < N}} \mathbb{P}\left(\frac{Y_N}{N} = \frac{k}{N}\right) = \mathbb{P}\left(\left|\frac{Y_N}{N} - \frac{1}{\mathcal{R}_0}\right| < \varepsilon\right) \in [1-\varepsilon, 1]$$

D'où l'encadrement :

$$\frac{1-\varepsilon}{1-1/\mathcal{R}_0+\varepsilon} \leq \sum_{\substack{|k/N-1/\mathcal{R}_0|<\varepsilon \\ 0 \leq k < N}} \frac{1}{1-k/N} \mathbb{P}\left(\frac{Y_N}{N} = \frac{k}{N}\right) \leq \frac{1}{1-1/\mathcal{R}_0-\varepsilon}$$

- Pour le deuxième terme :

$$0 \leq \sum_{\substack{|k/N-1/\mathcal{R}_0| \geq \varepsilon \\ 0 \leq k < N}} \frac{1}{1-k/N} \mathbb{P}\left(\frac{Y_N}{N} = \frac{k}{N}\right) \leq N \mathbb{P}\left(\left|\frac{Y_N}{N} - \frac{1}{\mathcal{R}_0}\right| \geq \varepsilon\right)$$

On note $X'_i = X_i - 1/\mathcal{R}_0$. Comme ces variables sont *i.i.d.*, de moyenne nulle et admettent un moment d'ordre 4, on a d'après l'inégalité de Markov et des petits calculs :

$$\begin{aligned} \mathbb{P}\left(\left|\frac{Y_N}{N} - \frac{1}{\mathcal{R}_0}\right| \geq \varepsilon\right) &= \mathbb{P}(|X'_1 + \dots + X'_N| \geq \varepsilon N) \\ &= \mathbb{P}\left((X'_1 + \dots + X'_N)^4 \geq \varepsilon^4 N^4\right) \\ &\leq \frac{1}{\varepsilon^4 N^4} \mathbb{E}\left[(X'_1 + \dots + X'_N)^4\right] \\ &\leq \frac{1}{\varepsilon^4 N^4} \left(\sum_{k=1}^N \mathbb{E}[X_k'^4] + \binom{4}{2} \sum_{1 \leq i < j \leq N} \mathbb{E}[X_i'^2] \mathbb{E}[X_j'^2]\right) \\ &\leq \frac{1}{\varepsilon^4 N^4} \left(N \mathbb{E}[X'^4] + 3N(N-1) \mathbb{E}[X'^2]^2\right) \end{aligned}$$

Soit finalement :

$$\sum_{\substack{|k/N-1/\mathcal{R}_0| \geq \varepsilon \\ 0 \leq k < N}} \frac{1}{1-k/N} \mathbb{P}\left(\frac{Y_N}{N} = \frac{k}{N}\right) \leq \frac{4}{\varepsilon^4 N} \mathbb{E}[X'^4]$$

- Tout ceci permet de conclure que $S'_N \xrightarrow[N \rightarrow \infty]{} \frac{1}{1-1/\mathcal{R}_0}$ et d'obtenir l'équivalent énoncé par utilisation de la formule de Stirling.

□

Lemme 2. Soient $0 \leq a_1, \dots, a_n \leq 1$. Alors :

$$\prod_{i=1}^n (1 - a_i) + \sum_{i=1}^n a_i \geq 1$$

Preuve. On procède par récurrence sur n :

1. Si $n = 1$, $1 - a_1 + a_1 = 1 \geq 1$
2. On note $P = \prod_{i=1}^n (1 - a_i)$ et $S = \sum_{i=1}^n a_i$. Alors :

$$(1 - a_{n+1})P + a_{n+1} + S = a_{n+1}(1 - P) + P + S \underset{\text{hyp rec}}{\geq} a_{n+1}(1 - P) + 1 \geq 1$$

□

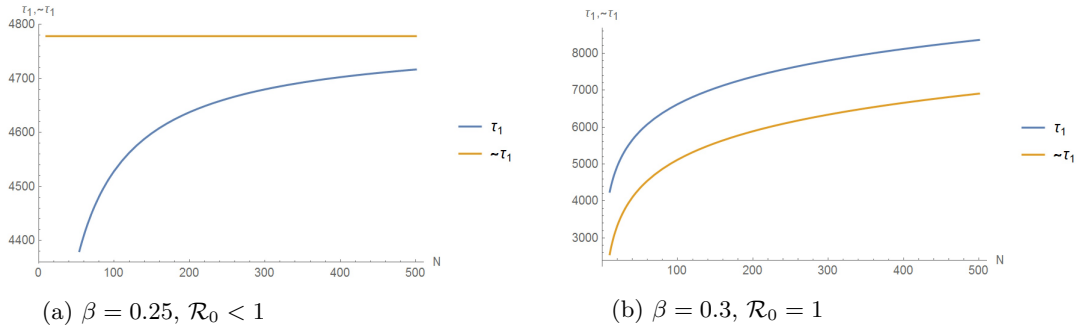


FIGURE 7 – Comparaisons de τ_1 et de son équivalent avec $b = 0.2$, $\gamma = 0.1$, $\Delta_t = 0.0015$

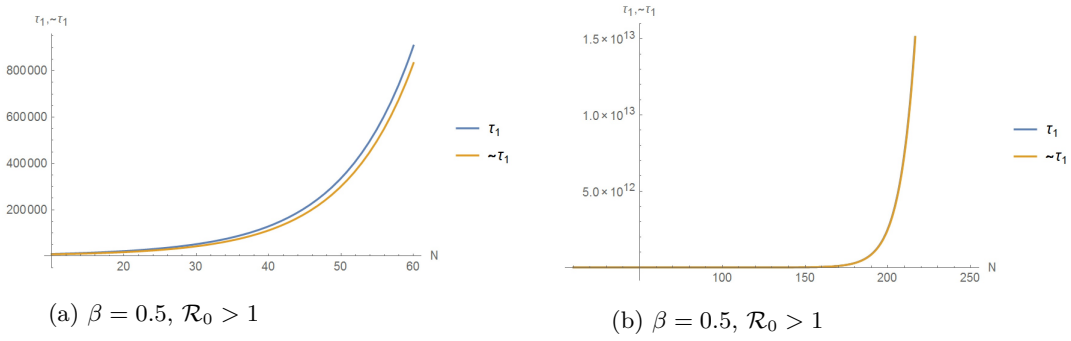


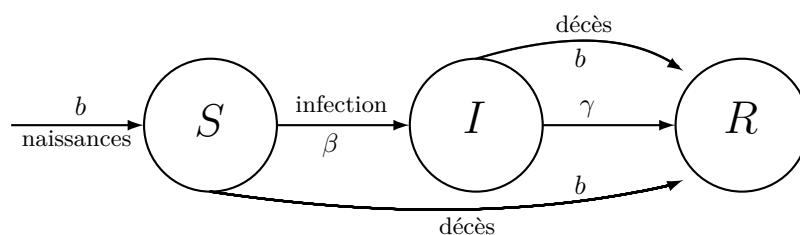
FIGURE 8 – Comparaisons de τ_1 et de son équivalent avec $b = 0.2$, $\gamma = 0.1$, $\Delta_t = 0.0015$

Ces graphiques, obtenus avec les paramètres utilisés lors des simulations des figures 3-4-5 montrent deux choses. D'une part, les temps de retour en 0 obtenus expérimentalement sont du même ordre de grandeur que les valeurs ci-dessus. D'autre part, les équivalents sont assez précis, particulièrement pour $\mathcal{R}_0 > 1$.

3 Modèle SIR

3.1 Établissement du modèle déterministe

Nous considérons une maladie infectieuse qui procure une immunité une fois l'individu guéri. Dans l'objectif de l'étudier, nous divisons notre population en trois compartiments. Les individus susceptibles d'être touchés sont notés S . Les individus infectés qui répandent la maladie au contact des susceptibles sont notés I . Et les individus qui ont été malades puis immunisés, ainsi que ceux qui ne répandent plus la maladie sont notés R . Le compartiment R réunit donc aussi bien les individus guéris qui ont acquis une immunité, les individus isolés du reste de la population et les individus décédés.



Nous noterons $S(t)$, $I(t)$ et $R(t)$ le nombre d'individus dans les compartiments S , I et R à l'instant t . Dans ce modèle déterministe, la taille de la population est suffisamment grande pour pouvoir supposer que ces fonctions sont dérivables, et en particulier, elles prennent des valeurs non entières. Nous faisons les hypothèses suivantes :

1. En moyenne, un individu de la population rencontre β individus par unité de temps.
2. Le taux d'individus infectés qui quittent la compartiment I est γI (où γ représente le taux de guérison) par unité de temps.
3. Les nouveaux-nés de la population sont susceptibles. bN apparaissent par unité de temps.
4. Le taux de mortalité est égal au taux de natalité b .
5. La taille de la population $N = S + I + R$ est constante.

On s'intéresse à la période moyenne d'infection. Considérons un ensemble d'individus qui ont tous été infectés à l'instant 0 et notons $u(t)$ le nombre d'entre eux encore infectés à l'instant t . Si une fraction $\gamma + b$ d'entre eux quitte la classe des infectés par unité de temps, alors

$$u' = -(\gamma + b)u \text{ et } u(t) = u(0)e^{-(\gamma+b)t}$$

Ainsi la moyenne de la période d'infection est $\int_0^\infty e^{-(\gamma+b)t} dt = 1/(\gamma + b)$.

L'hypothèse d'un nombre moyen de contacts constant ne peut s'appliquer à toutes les maladies : on peut généraliser un peu en mettant un coefficient de proportionnalité β qui dépend de N .

Avec l'hypothèse 1, un individu infecté rencontre en moyenne $\beta(S/N)$ individus susceptibles d'être infectés par unité de temps. Ainsi, il y a en moyenne $\beta(S/N)I = \frac{\beta}{N}SI$ nouveau individus infectés par unité de temps. La dernière hypothèse nous permet d'omettre l'équation concernant R' puisque $R = N - S - I$. On obtient finalement le système d'équations :

$$\begin{aligned} S' &= bN - bS - \frac{\beta}{N}SI \\ I' &= \frac{\beta}{N}SI - \gamma I - bI \end{aligned}$$

Le tracé d'une solution de cette équation différentielle avec Maple donne le graphique suivant :

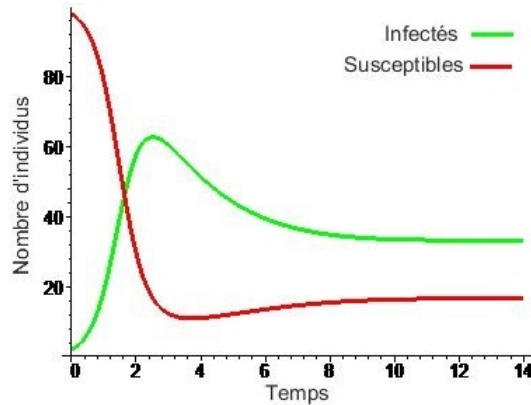


FIGURE 9 – $N = 100$, $\beta = 1$, $b = 0$, $\gamma = 0.5$

Avec ces paramètres, l'épidémie s'installe, atteint un maximum et devient endémique un seuil plus bas. Intéressons-nous au comportement asymptotique de ce système : Comment l'épidémie évolue-t-elle ? L'objet du paragraphe suivant est de mettre en place un théorème sur la stabilité asymptotique d'un système autonome.

3.2 Principe de Stabilité de Krasovskii-LaSalle

Nous considérons un système autonome, d'inconnue $x : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}^n$:

$$x' = X(x) \tag{3}$$

où $X : D \rightarrow \mathbb{R}^n$ est une fonction localement lipschitzienne sur un ouvert D de \mathbb{R}^n contenant 0 telle que $X(0) = 0$.

Nous rappelons qu'un point stationnaire $x_0 \in D$ est un point tel que $X(x_0) = 0$. On dit alors qu'il est stable s'il existe $\varepsilon > 0$ et $C_0 > 0$ tels que : pour tout $x \in D \cap B(x_0, \varepsilon)$, l'unique solution $t \mapsto \phi_t(x)$ de (3) partant de x est définie sur \mathbb{R}^+ et $\forall t \geq 0, \|\phi_t(x) - x_0\| \leq C_0 \|x - x_0\|$. Enfin, si x_0 est stable et que $\forall x \in B(x_0, \varepsilon) \cap D, \lim_{t \rightarrow \infty} \phi_t(x) = x_0$, on dit que x_0 est asymptotiquement stable.

Ici, nous souhaitons étudier le point stationnaire 0. Montrer que 0 est stable ou asymptotiquement stable ne nous suffit pas : nous souhaitons des renseignements sur le domaine de stabilité de 0.

Dans toute cette partie, nous ne nous intéresserons qu'à des solutions de (3) définies sur $[0, \infty[$.

Definition 1. (Ensemble limite) Soit x une solution de l'équation (3). L'ensemble limite Γ^+ de x est l'ensemble des points $p \in \mathbb{R}^n$ tel qu'il existe une suite strictement croissante $(t_n)_{n \in \mathbb{N}}$ tendant vers $+\infty$ telle que $(x(t_n))_{n \in \mathbb{N}}$ converge vers le point p .

Remarque : C'est un concept introduit par G. D. Birkhoff (1884 - 1944). Intuitivement, l'ensemble limite d'une solution x de (3) est l'ensemble vers lequel la trajectoire x tend à l'infini. Si x tend vers p , son ensemble limite sera $\{p\}$.

Si x est une solution bornée et si Γ^+ désigne son ensemble limite, alors pour tout $\varepsilon > 0$, il existe un temps T tel que $\forall t \geq T, x(t)$ appartient à l' ε -voisinage de Γ^+ .

Definition 2. (Ensemble positivement invariant). On dit qu'un ensemble G est positivement invariant si $\forall x_0 \in G$, la trajectoire passant par x_0 est contenue dans G après x_0 : si x est la solution de (3) vérifiant $x(0) = x_0$, alors $\forall t \geq 0, x(t) \in G$.

Par exemple, n'importe quelle trajectoire associée à (3) est un ensemble positivement invariant.

Si $V : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$ est continûment différentiable, nous noterons pour $x \in \mathbb{R}^n$, dV_x la différentielle de V en x et $\dot{V}(x) = dV_x(X(x))$. Ainsi, si x est une solution de (3), alors $\dot{V}(x(t))$ est la dérivée par rapport au temps de $t \mapsto V(x(t))$.

Proposition 2. *Si x est une solution bornée sur \mathbb{R}^+ alors son ensemble limite Γ^+ est non vide, compact et positivement invariant.*

Preuve.

Γ^+ est non vide par théorème de Bolzano Weierstrass. On remarque que $\Gamma^+ = \bigcap_{\tau \geq 0} \overline{\{x(t), t \geq \tau\}}$. C'est une intersection de fermés, donc est fermé. Comme x est borné Γ^+ est aussi borné. Finalement Γ^+ est compact.

Montrons que Γ^+ est positivement invariant. Notons $T \mapsto \phi_T(y)$ le flot en $y \in \mathbb{R}^n$: la solution de (3) partant de y . Soient $T, \tau \in \mathbb{R}^+$. Par définition, $\phi_T(\{x(t), t \geq \tau\}) \subset \{x(t), t \geq \tau + T\}$. Par continuité du flot, on en déduit que $\phi_T(\overline{\{x(t), t \geq \tau\}}) \subset \overline{\{x(t), t \geq \tau + T\}}$. Ceci étant vrai pour tout τ , $\phi_T(\Gamma^+) \subset \Gamma^+ \forall T \in \mathbb{R}^+$ et Γ^+ est positivement invariant. \square

Nous allons maintenant montrer un théorème sur le domaine de stabilité asymptotique.

Théorème 5. *(Principe de stabilité de Kravoskii-LaSalle)*

Soit $D \subset \mathbb{R}^n$ un domaine positivement stable. Soit $V : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$ une fonction continûment différentiable. Nous posons $\Omega_l = \{x \in D : V(x) < l\}$ et $R_l = \{x \in \Omega_l : \dot{V}(x) = 0\}$. Nous supposons que Ω_l est borné et $\forall x \in \Omega_l$:

1. $V(x) > 0$ si $x \neq 0$
2. $\dot{V}(x) \leq 0$.

On note M le plus grand sous-ensemble de R_l positivement invariant. Alors toute solution x de (3) partant de Ω_l tend vers M à l'infini, i.e. $d(x(t), M) \rightarrow 0$ lorsque t tend vers l'infini.

Preuve.

Soit x une solution de (3) partant de Ω_l . Commençons par montrer que x reste dans Ω_l . Par l'absurde, supposons que $\{t \geq 0, x(t) \notin \Omega_l\} \neq \emptyset$. Prenons alors t_0 la borne inférieure de cet ensemble. Comme $\forall t \geq 0, x(t) \in D$ puisque D est positivement stable, on a $V(x(t_0)) = l$. Comme $\forall t < t_0, x(t) \in \Omega_l, \frac{d}{dt}(V(x(t))) = \dot{V}(x(t)) \leq 0$ d'après l'hypothèse 2. Ainsi $t \mapsto V(x(t))$ est décroissante sur $[0, t_0]$. Donc $V(x(t_0)) \leq V(x(0)) < l$. C'est absurde.

Ainsi x reste dans Ω_l qui est borné par hypothèse. Donc x est borné et est définie sur \mathbb{R}^+ . On pourra en particulier considérer Γ^+ et son comportement à l'infini.

D'après ce qui précède, $t \mapsto V(x(t))$ est décroissante sur \mathbb{R}^+ . L'hypothèse 1 montre qu'elle est minorée par 0. Finalement elle possède une limite $0 \leq l_0 < l$. Par continuité, on en déduit que $\forall p \in \Gamma^+, V(p) = l_0$. Alors $\Gamma^+ \subset \Omega_l$ et $\dot{V} = 0$ sur Γ^+ , puis $\Gamma^+ \subset \Omega_l \cap \{\dot{V} = 0\} = R_l$.

Comme x est borné, la proposition précédente montre que Γ^+ est positivement invariant. Par définition de M , on en déduit que $\Gamma^+ \subset M$. Pour conclure, supposons par l'absurde que x ne tend pas vers M à l'infini. Il existe alors $\varepsilon > 0$ et une suite strictement croissante $(t_n)_{n \in \mathbb{N}}$ de temps tels que $\forall n \in \mathbb{N}, d(x(t_n), M) \geq \varepsilon$. Comme $(x(t_n))$ est bornée, on peut, quitte à extraire, supposer qu'elle converge vers un certain z . Par définition de Γ^+ , $z \in \Gamma^+$. Comme $\Gamma^+ \subset M, d(z, M) = 0$. De plus, par passage à la limite, on obtient $d(z, M) \geq \varepsilon$. C'est absurde et on obtient le résultat escompté. \square

3.3 Étude asymptotique du modèle déterministe

Nous pouvons maintenant étudier le comportement asymptotique du modèle SIR. Pour cela, nous introduisons $D = \{S > 0, I > 0, S + I < N\}$.

Proposition 3. *Pour tout $(S_0, I_0) \in \bar{D}$, pour tout t_0 , il existe une unique solution maximale du système vérifiant $S(t_0) = S_0$ et $I(t_0) = I_0$.*

Preuve.

Il suffit d'appliquer le théorème de Cauchy Lipschitz à la fonction

$$X(S, I) = \left(bN - bS - \frac{\beta}{N}SI, \frac{\beta}{N}SI - (b + \gamma)I \right)$$

qui est localement lipschitzienne pour obtenir l'existence et l'unicité. \square

Proposition 4. *D est positivement stable : aucune trajectoire ne quitte D . Les solutions précédentes sont définies sur $[t_0, \infty[$.*

Preuve.

Soit (S, I) une trajectoire qui est dans D à l'instant t_0 . Supposons qu'il existe $t_1 > t_0$ tel que $(S(t_1), I(t_1)) \notin D$. On considère alors t_1 minimal : $t_1 = \inf\{t > t_0 : (S(t), I(t)) \notin D\}$. Comme $(S(t_1), I(t_1))$ appartient à la frontière de D on a trois cas :

1. Si $S(t_1) = 0$, alors $S'(t_1) = bN > 0$ et $S(t_1 - \varepsilon) < S(t_1) = 0$ pour $\varepsilon > 0$ suffisamment petit, ce qui contredit la minimalité de t_1 .
2. Si $I(t_1) = 0$, alors (S, I) est la solution du système $S' = bN - bS$ et $I = 0$, par unicité dans le théorème précédent. C'est absurde puisque $I(t_0) = 0$.
3. Si $(S + I)(t_1) = N$, alors $(S + I)'(t_1) = -\gamma I(t_1) < 0$ et on conclut comme au premier cas.

On note $t \mapsto \phi_t(x)$ le flot en x : l'unique solution débutant en x . Nous venons de montrer que $\phi_t(D) \subset D, \forall t$. Par continuité du flot, on en déduit que $\forall t, \phi_t(\bar{D}) \subset \bar{D}$. Ainsi, toute solution partant de \bar{D} reste dans \bar{D} et est en particulier bornée : elle est définie sur $[0, \infty[$. \square

Nous définissons le taux de reproduction de base \mathcal{R}_0 qui est le nombre d'individus infectés par une personne infectieuse placée dans une population d'individus susceptibles. Nous considérons que le nombre de susceptibles est grand devant le nombre d'individus infectés durant toute la période d'infection du premier individu malade. Cela revient à considérer que le nombre de susceptibles est constant durant toute cette période égal à N . Notre personne infectieuse infecte β individus par unité de temps. Comme sa période d'infection est $1/(\gamma + b)$, il infecte $\frac{\beta}{b + \gamma}$ individus et $\mathcal{R}_0 = \frac{\beta}{b + \gamma}$.

Théorème 6. *(Comportement asymptotique)*

Soit $(S(t), I(t))$ une trajectoire commençant dans D .

1. *Si $\mathcal{R}_0 \leq 1$, alors $\lim_{t \rightarrow \infty} (S(t), I(t)) = (N, 0)$*
2. *Si $\mathcal{R}_0 \geq 1$, alors $\lim_{t \rightarrow \infty} (S(t), I(t)) = \left(\frac{N}{\mathcal{R}_0}, \frac{b}{\gamma + b} \left(1 - \frac{1}{\mathcal{R}_0} \right) N \right)$*

Preuve.

Nous allons traiter le cas $\mathcal{R}_0 \geq 1$ (lorsque $\mathcal{R}_0 \leq 1$, nous pouvons effectuer une preuve similaire). Nous introduisons la notation :

$$(S^*, I^*) = \left(\frac{N}{\mathcal{R}_0}, \frac{b}{\gamma + b} \left(1 - \frac{1}{\mathcal{R}_0} \right) N \right)$$

C'est un point stationnaire qui est bien dans D puisque $\mathcal{R}_0 \geq 1$ et nous pouvons facilement montrer que c'est un point d'équilibre stable.¹ La difficulté réside dans montrer que D est un domaine de stabilité. Nous allons utiliser le principe d'invariance de Krasovskii - LaSalle. Nous définissons :

$$V(S, I) = \begin{cases} S^* \left(\frac{S}{S^*} - \log \frac{S}{S^*} \right) + I^* \left(\frac{I}{I^*} - \log \frac{I}{I^*} \right) & \text{si } \mathcal{R}_0 > 1 \\ S^* \left(\frac{S}{S^*} - \log \frac{S}{S^*} \right) & \text{si } \mathcal{R}_0 = 1 \end{cases}$$

V est définie positive sur l'ensemble D puisque $\forall x > 0, \log x < x$. Elle est continûment différentiable et :

$$\frac{\partial V}{\partial S}(S, I) = 1 - \frac{S^*}{S} \quad \text{et} \quad \frac{\partial V}{\partial I}(S, I) = 1 - \frac{I^*}{I}$$

On peut alors calculer $\dot{V}(S, I) = dV_{S,I}(X(S, I))$ où $X : \mathbb{R}^2 \rightarrow \mathbb{R}^2$ est la fonction vérifiant $(S', I') = X(S, I)$.

$$\begin{aligned} \dot{V}(S, I) &= \left(1 - \frac{S^*}{S}\right) \left(bN - bS - \frac{\beta}{N}SI\right) + \left(1 - \frac{I^*}{I}\right) \left(\frac{\beta}{N}SI - \gamma I - bI\right) \\ &= bN - bS^* - \frac{\beta}{N}SI - bN \frac{S^*}{S} + bS^* + \frac{\beta}{N}S^*I + \frac{\beta}{N}SI - (\gamma + b)I - \frac{\beta}{N}I^*S + (\gamma + b)I^* \\ &= -bN \frac{S^*}{S} \left(1 - \frac{S}{S^*}\right)^2 \end{aligned}$$

Considérons $\Omega_l = \{(S, I) \in D : V(S, I) < l\}$ pour $l > 0$. D est positivement stable d'après la proposition précédente. Ω_l est borné car D l'est. D'après ce qui précède, $\forall (S, I) \in \Omega_l, \dot{V}(S, I) \leq 0$ et l'égalité $\dot{V}(S, I) = 0$ a lieu sur la droite $S = S^*$. Soit M un sous-ensemble de $\{(s, i) : s = S^*\}$ positivement invariant et soit $(S^*, i) \in M$. On considère la solution (S, I) telle que $(S(0), I(0)) = (S^*, i)$. Comme $\forall t \geq 0, S(t) = S^*, S'(0) = 0$. Cela donne alors $i = I^*$. Le seul ensemble positivement invariant de $\{(S, I) \in \Omega_l : \dot{V}(S, I) = 0\}$ est donc $\{(S^*, I^*)\}$.

On peut alors utiliser le théorème de stabilité : $\forall l > 0$, toute trajectoire issue de Ω_l tend vers (S^*, I^*) . Comme $\bigcup_{l>0} \Omega_l = D$, on en déduit le résultat lorsque $\mathcal{R}_0 \geq 1$. □

1. On ramène le point stationnaire en 0 en posant :

$$S = S^*(1 + U), \quad I = I^*(1 + V)$$

Le système devient alors :

$$\begin{aligned} U' &= \left(b - \frac{\beta}{N}I^*\right)U - \frac{\beta}{N}I^*V - \frac{\beta}{N}I^*UV \\ V' &= \frac{\beta}{N}S^*U + \left(\frac{\beta}{N}S^* - (\gamma + b)\right)V + \frac{\beta}{N}S^*UV \end{aligned}$$

C'est un système linéaire avec une perturbation quadratique. La matrice de la différentielle à l'origine est :

$$\begin{pmatrix} b - \frac{\beta}{N}I^* & -\frac{\beta}{N}I^* \\ \frac{\beta}{N}S^* & \frac{\beta}{N}S^* - (\gamma + b) \end{pmatrix}$$

Il suffit alors de vérifier que ses valeurs propres ont bien des parties réelles strictement négatives pour prouver la stabilité de (S^*, I^*) .

3.4 Application : Vaccination

A l'aide de ce modèle, nous pouvons déterminer le nombre d'individus à vacciner pour stopper l'épidémie. On suppose que la vaccination est idéale et qu'un individu vacciné devient complètement neutre vis à vis de la maladie. Si on vaccine une fraction p de la population initiale, on remplace $S(0)$ par $(1-p)S(0)$ et le taux de reproduction de base \mathcal{R}_0 devient $(1-p)\mathcal{R}_0$. Ainsi, pour éviter que l'épidémie explose, il faut que $(1-p)\mathcal{R}_0 < 1$, soit $p > 1 - 1/\mathcal{R}_0$.

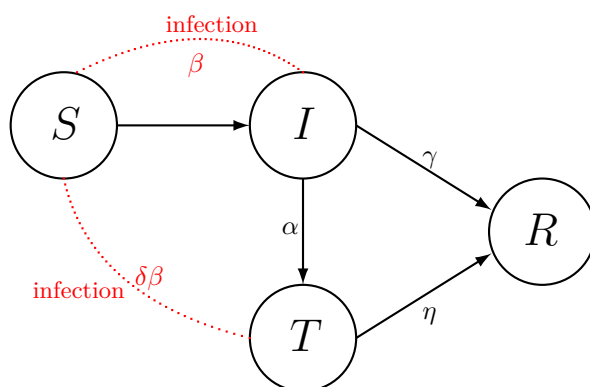
Par exemple, pour la rougeole, aux États Unis en milieu rural, \mathcal{R}_0 varie de 5,4 à 6,3 et nécessite de vacciner 81,5% à 84,1% de la population. Alors qu'en milieu urbain \mathcal{R}_0 varie de 8,3 à 13,0 et nécessite de vacciner 88,0% à 92,3%. Il est difficile de stopper complètement une épidémie puisque même si les vaccinations sont suffisantes dans certains pays développés, elles ne le sont pas partout.

3.5 Modèle SIR avec traitement

Nous allons apporter une amélioration au modèle SIR : nous allons prendre en compte la présence d'un traitement. La manière la plus simple de modéliser cela est de considérer que les individus traités deviennent neutres vis à vis de la maladie (c'est notamment ce que nous avons fait précédemment). Cela revient alors juste à réduire la taille de la population. Cependant, cette modélisation ne prend pas en compte le fait qu'un traitement peut échouer. Nous allons considérer que le traitement réduit l'infectivité d'un individu d'un facteur δ . Nous aurions également pu modéliser ce phénomène en scindant le groupe des individus traités en deux.

Cette fois-ci, la population est scindée en quatre compartiments : S , I , T et R où T désigne la classe des individus traités. Nous supposons qu'une fraction α par unité de temps d'individus infectés est sélectionnée pour être traitée et que les individus traités deviennent immunisés ou décédés avec un taux η . Enfin, nous ne prendrons pas en compte les naissances et les morts naturelles. On obtient alors le système :

$$\begin{aligned} S' &= -\frac{\beta}{N}(I + \delta T) \\ I' &= \frac{\beta}{N}S(I + \delta T) - (\alpha + \gamma)I \\ T' &= \alpha I - \eta T \\ R' &= \gamma I + \eta T \end{aligned}$$



Proposition 5. *Le taux de reproduction de base \mathcal{R}_0 du modèle $SITR$ est $\mathcal{R}_0 = \frac{\beta}{\alpha + \gamma} + \frac{\alpha}{\alpha + \gamma} \frac{\delta\beta}{\eta}$.*

Preuve.

Pour calculer \mathcal{R}_0 , on considère qu'on a placé un individu infecté dans une population de susceptibles de taille N . \mathcal{R}_0 correspond alors au nombre d'infections causées par notre individu. Cet individu cause β infections par unités de temps et sa période d'infection est $\frac{1}{\alpha+\gamma}$. De plus, une fraction $\frac{\alpha}{\alpha+\gamma}$ d'individus infectés est traitée. Il faut alors considérer la contribution de cet individu lorsqu'il passe dans la classe T . Comme un individu traité infecte $\delta\beta$ individus par unité de temps, et comme la période d'infection est $\frac{1}{\eta}$, cette contribution est de $\frac{\alpha}{\alpha+\gamma} \frac{\delta\beta}{\eta}$. On obtient ainsi le résultat. \square

Le comportement asymptotique du modèle SITR est déterminé par le théorème suivant :

Proposition 6. *S, I, T et R possèdent une limite lorsque t temps vers l'infini. on les note respectivement $S_\infty, I_\infty, T_\infty$ et R_∞ . On a :*

$$\log \frac{S(0)}{S_\infty} = \mathcal{R}_0 \frac{N - S_\infty}{N}, \quad T_\infty = I_\infty = 0, \quad R_\infty = N - S_\infty$$

Une partie de la population échappe à la maladie : $S_\infty > 0$.

Preuve.

$S'(t) \leq 0$ pour tout instant t , et S est positive, donc S possède une limite. De même, $S' + I' \leq 0$ et $S + I$ possède une limite, donc $I = (S + I) - S$ aussi. Comme $R' \geq 0$, R possède aussi une limite, et finalement $T = N - S - I - R$ aussi.

A la limite, $R' = 0$. La dernière équation du système donne alors $\gamma I_\infty + \eta T_\infty = 0$ et comme $\gamma, \eta > 0$, $I_\infty = T_\infty = 0$. Pour conclure, nous allons intégrer les différentes équations. Toutes les intégrales que nous écrivons sont des intégrales de fonctions positives, donc ont un sens dans $\mathbb{R}_+ \cup \{+\infty\}$.

On intègre la première équation du système :

$$\log \frac{S(0)}{S_\infty} = \frac{\beta}{N} \int_0^\infty [I(t) + \delta T(t)] dt$$

Comme $T(0) = T_\infty = 0$, la troisième équation donne :

$$\alpha \int_0^\infty I(t) dt = \eta \int_0^\infty T(t) dt$$

De même, la somme des deux premières équations donne :

$$N - S_\infty = (\alpha + \gamma) \int_0^\infty I(t) dt$$

Il suffit maintenant de combiner ces trois équations et d'utiliser le théorème précédent pour obtenir le résultat. Le fait que S_∞ soit non nul en découle. \square

3.6 Modèle SIR aléatoire

Nous avons déjà exposé l'importance de l'aléa dans les modèles épidémiologiques. Nous allons ici exposer une version probabiliste du modèle SIR.

Comme dans le modèle SIR déterministe, nous partageons la population en trois compartiments : les individus susceptibles S , les infectés I et les immunisés R . Tout comme le modèle SIS aléatoire présenté précédemment, nous ne nous intéressons aux valeurs de S, I et R qu'en un nombre discret de points et ces valeurs sont entières.

Comme dans le cas déterministe, il n'y a que deux inconnues S et I puisque $R = N - S - I$. Ici, on discrétise le temps qui appartient dorénavant à $\{0, \Delta_t, 2\Delta_t, \dots\}$ et nous noterons $S(n\Delta_t) = S_n$ et $I(n\Delta_t) = I_n$. Nous supposons qu'on puisse choisir Δ_t suffisamment petit pour que, dans un intervalle de temps Δ_t , il n'y ait au plus un changement d'états. $\{(S_n, I_n)\}_{n=0}^\infty$ est une chaîne de Markov discrète, homogène en temps, dont la matrice de transition est :

$$p_{(s,i),(s+k,i+j)}(\Delta_t) = \mathbb{P}((\Delta S, \Delta I) = (k, j) \mid (S_n, I_n) = (s, i))$$

où $\Delta S = S_{n+1} - S_n$ et $\Delta I = I_{n+1} - I_n$. On a :

$$p_{(s,i),(s+k,i+j)}(\Delta_t) = \begin{cases} \beta i s / N \Delta_t, & (k, j) = (-1, 1) \\ \gamma i \Delta_t, & (k, j) = (0, -1) \\ b i \Delta_t, & (k, j) = (1, -1) \\ b(N - s - i) \Delta_t, & (k, j) = (1, 0) \\ 1 - \beta i s / N \Delta_t - [\gamma i + b(N - s)] \Delta_t, & (k, j) = (0, 0) \\ 0, & \text{sinon} \end{cases}$$

On choisit Δ_t suffisamment petit pour que toutes ces quantités soient comprises entre 0 et 1 : la matrice associée est alors bien stochastique. Voici une simulation réalisée avec Matlab du processus ainsi défini :

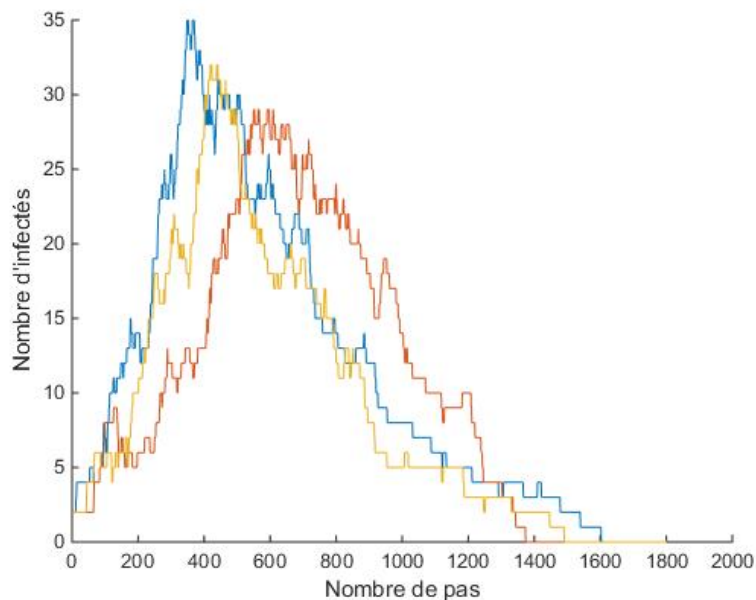


FIGURE 10 – $N = 100$, $\beta = 1$, $b = 0$, $\gamma = 0.5$, $\Delta_t = 0.01$, $\mathcal{R}_0 = 2$

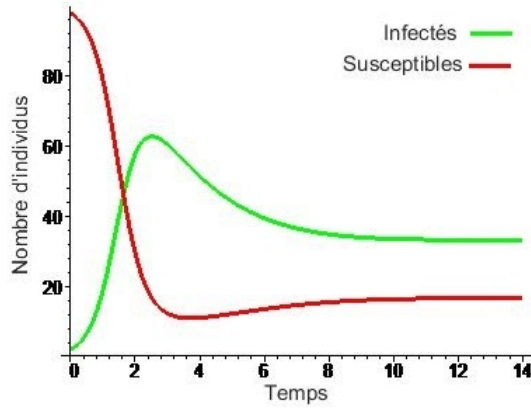
L'état $(N, 0)$ est absorbant et tous les autres états sont transitoires. De plus $\{(S_n, I_n)\}_{n=0}^\infty$ est une chaîne de Markov récurrente positive apériodique. On en déduit :

$$\lim_{n \rightarrow \infty} (S_n, I_n) = (N, 0) \text{ presque sûrement}$$

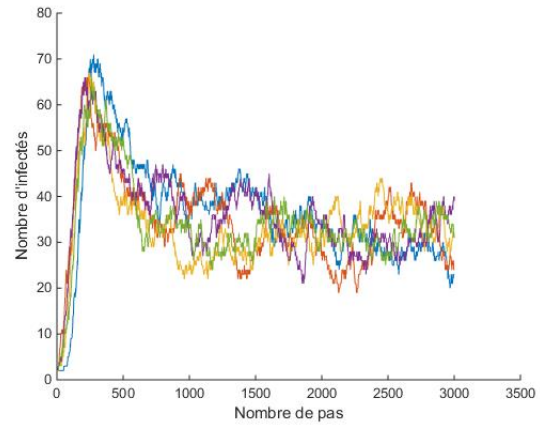
On peut comparer ce résultat au théorème analogue dans le cas déterministe. \mathcal{R}_0 reste un paramètre déterminant dans le modèle aléatoire comme nous l'avons montré pour le modèle SIS aléatoire : le temps de retour de la chaîne de Markov à l'état $(N, 0)$ dépend fortement de \mathcal{R}_0 .

Nous avons réalisé ci-dessous une simulation probabiliste et un tracé du modèle déterministe avec les mêmes paramètres. Nous remarquons que :

- nous pouvons voir sur les deux simulations réalisées (ci-dessus et ci-dessous) que lorsque $\mathcal{R}_0 = 2$, le processus semble atteindre l'état $(N, 0)$ plus rapidement que lorsque $\mathcal{R}_0 = 6$.
- les deux modèles (déterministes et probabilistes) ont globalement un comportement similaire. Nous pouvons noter que dans le cas déterministe, le nombre d'individus infectés se stabilise vers $t = 8$. Dans le cas aléatoire, il semble se stabiliser vers $t = \text{nombre de pas} * \Delta_t = 1000 * \Delta_t = 10$. Les ordres de grandeurs correspondent.



(a) Modélisation déterministe



(b) Modélisation probabiliste

FIGURE 11 – $N = 100$, $\beta = 3$, $b = 0.2$, $\gamma = 0.3$, $\Delta_t = 0.01$, $\mathcal{R}_0 = 6$

4 Modèle SIR avec deux niveaux de mélanges

Nous allons ici présenter un modèle plus complexe et plus réaliste dit à deux niveaux de mélange. L'objectif est de modéliser le début d'une épidémie dans une population structurée.

4.1 Introduction du modèle

Initialement, la population étudiée est constituée d'un individu infecté x . La population est de grande taille et divisée, en plus des compartiments SIR , en petites familles, toutes de taille n_H , dans lesquelles l'épidémie se propagera plus rapidement suite à des interactions fortes. Précisons ces interactions. Prenons un individu y infecté au sein d'une famille dans laquelle au moins un individu a déjà été infecté. Alors, en notant z le premier individu infecté au sein de cette famille, on suppose que l'infection de y provient de la propagation de l'épidémie locale issue de z .

Ainsi, deux types d'infections se distinguent :

- les infections globales entre individus de deux familles différentes.
- les infections locales entre individus d'une même famille.

Tous les résultats permettant de décrire l'évolution d'une épidémie obtenus dans les parties précédentes faisaient intervenir le paramètre \mathcal{R}_0 . Cependant, ce paramètre est plus difficile à introduire dans ce nouveau modèle : un individu infecté au sein d'une famille peut par exemple contaminer tout le reste de celle-ci sans que la maladie ne se propage dans les autres familles. Les interactions globales jouent donc un rôle fondamental et étudier le nombre moyen d'individus infectés au sein d'une population de susceptibles par une personne infectieuse ne suffit plus.

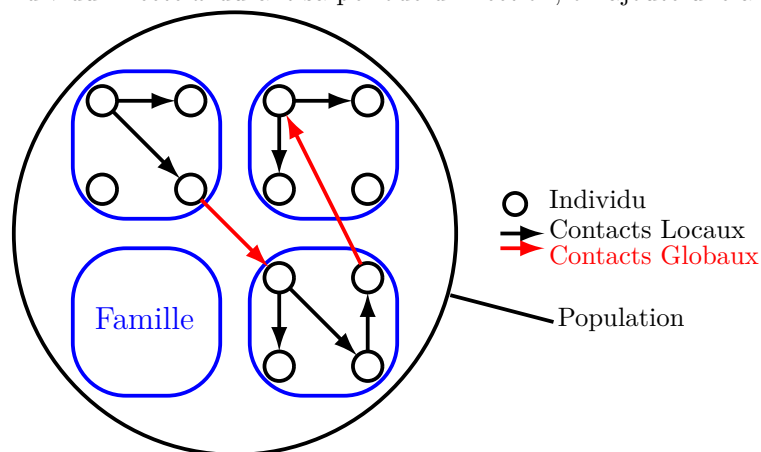
Compte tenu de la petite taille des familles, notre modélisation sera naturellement probabiliste. Nous allons alors définir \mathcal{R}_0 de manière plus pertinente à l'aide d'un processus de branchement puis nous verrons comment le calculer.

4.2 Définition du paramètre \mathcal{R}_0

- Pour définir le paramètre \mathcal{R}_0 , il faut donc désormais s'intéresser à l'évolution spatiale de l'épidémie dans ce modèle structuré. On introduit alors naturellement un *graphe d'épidémie* et une notion de *génération spatiale* de la manière suivante :

Définition 3. (Graphe d'épidémie)

A chaque réalisation d'un processus SIR, on associe un graphe orienté dont les sommets sont les individus de la population et les arêtes sont définies de la manière suivante : si un individu y rentre en contact avec un individu infecté x durant sa période d'infection, on ajoute une arête pointant de x vers y .



Definition 4. (Génération spatiale)

On associe à chaque individu infecté au cours de l'épidémie une *génération* :

1. L'individu initial infecté, x , correspond à la génération 0.
2. Un individu infecté y lors de l'épidémie, $y \neq x$ est de génération n où n est la longueur du plus petit chemin dans le graphe d'épidémie issu de x et arrivant en y .

Nous devons faire attention au fait que la numérotation des générations n'a rien avoir avec l'évolution temporelle de la maladie. Dans la figure ci-dessous, nous représentons des contacts au sein d'une même famille :

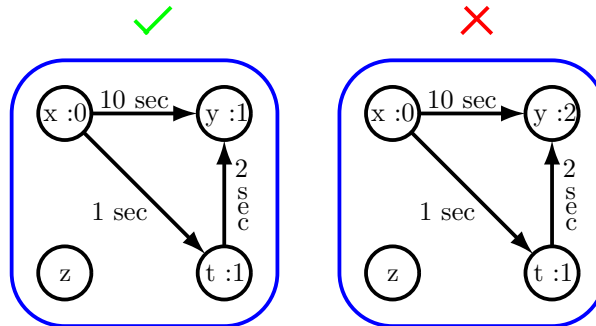


FIGURE 12 – Exemple de bonne numérotation (à gauche) et de mauvaise (à droite). La numérotation de droite utilise la date à laquelle le contact a eu lieu (au dessus des flèches) et $x : 0$ signifie que l'individu x appartient à la génération 0.

On note pour tout $n \geq 0$, X_n le nombre d'individu de la génération n et on étudie alors l'évolution de l'épidémie à travers (X_n) .

Remarque : n ne fait plus référence ici à une notion temporelle mais bien spatiale.

• Faisons quelques rappels sur les processus de branchement de Galton-Watson tout en les reliant brièvement aux épidémies.

On s'intéresse à des individus qui se reproduisent (dans notre cas, reproduction rime avec infection). La population initiale est appelée génération 0. Leurs enfants correspondent à la génération 1 et on définit de même les générations suivantes. On note alors les tailles successives des générations Z_0, \dots, Z_n et on effectue les hypothèses suivantes :

1. Lorsqu'on connaît Z_n , la loi qui gouverne les générations futures ne dépend pas du passé.
2. Les individus d'une même génération n'interfèrent pas entre eux, il y a indépendance du nombre de descendants de chacun.

Soit μ une probabilité sur \mathbb{N} . μ modélise le nombre de descendants d'un individu. Étant donné un tableau infini de variables aléatoires indépendantes de loi μ , $(X_{n,j})_{(n,j) \in \mathbb{N}^2}$ on définit alors le processus de Galton-Watson de loi de reproduction μ de la manière suivante :

$$\begin{cases} Z_0 = 1 \\ Z_{n+1} = \sum_{j=1}^{Z_n} X_{n,j} \end{cases}$$

Remarquons alors que le cas où $\mu(1) = 1$ ne présente que peu d'intérêt puisque dans ce cas, presque sûrement toutes les générations ne seront formées que d'un seul individu.

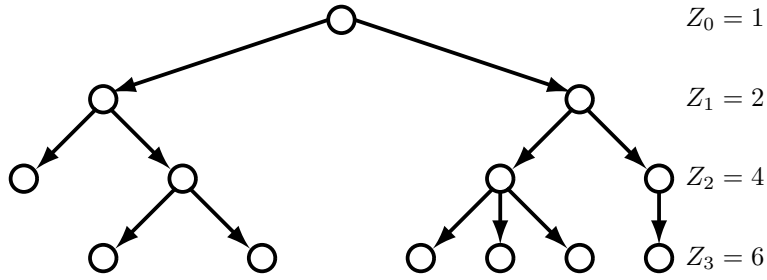


FIGURE 13 – Processus de Galton-Watson

La question au cœur des processus de Galton-Watson est alors la suivante : quelle est la probabilité que l'espèce s'éteigne ? Ou encore, dans notre contexte, quelle est la probabilité que la population soit libérée de l'épidémie ? Le théorème suivant répond à cette question.

Théorème 7. (*Évolution d'un processus de Galton-Watson*)

En supposant que $\mu(1) < 1$ et en notant la probabilité d'extinction $p_e = \mathbb{P}(\exists n \geq 1 \mid Z_n = 0)$ ainsi que $m = \mathbb{E}[\mu]$, deux cas se distinguent :

1. Si $m > 1$, alors $p_e < 1$.
2. Si $m \leq 1$, alors $p_e = 1$.

Le paramètre fondamental décrivant l'évolution de ce processus est donc $m = \mathbb{E}[\mu]$, l'espérance du nombre de descendants d'un individu. Ce paramètre joue donc un rôle analogue à celui de \mathcal{R}_0 .

• En revenant dans notre modèle, le rapport X_{n+1}/X_n est celui qui nous permettra d'adapter la définition de \mathcal{R}_0 : il représente l'évolution de l'épidémie dans la population globale. En effet, si X_{n+1}/X_n devient petit, voire nul pour un certains p , alors on peut considérer que l'épidémie se sera propagée uniquement dans un rayon de dimension p . En revanche, si X_{n+1}/X_n devient très grand, alors des individus de génération spatiale n sont atteints et en plus il y en a beaucoup.

Proposition 7. Soit (Z_n) un processus de Galton-Watson de loi μ . On note $m = \mathbb{E}[\mu]$. Alors, il existe une variable aléatoire W intégrable telle que :

$$\frac{Z_n}{m^n} \xrightarrow[n \rightarrow \infty]{p.s} W$$

Preuve. On note \mathcal{F}_n la filtration associée au processus Z_n . On a alors pour $n \geq 0$:

$$\begin{aligned} \mathbb{E}[Z_{n+1} | \mathcal{F}_n] &= \mathbb{E} \left[\sum_{k=1}^{Z_n} X_{n,k} | \mathcal{F}_n \right] \\ &= \sum_{k=1}^{Z_n} \mathbb{E}[X_{n,k} | \mathcal{F}_n] \quad (Z_n \text{ est } \mathcal{F}_n \text{ mesurable}) \\ &= \sum_{k=1}^{Z_n} \mathbb{E}[X_{n,k}] \quad (\text{indépendance}) \\ &= mZ_n \end{aligned}$$

On en déduit que $(Z_n/m^n)_{n \in \mathbb{N}}$ est une martingale positive donc converge presque sûrement vers une variable aléatoire W intégrable. \square

Ainsi, sous l'approximation par un processus de branchement, X_{n+1}/X_n tend presque sûrement vers m tout comme $X_n^{1/n}$. Il est donc tentant de définir \mathcal{R}_0 comme cette limite, lorsqu'elle existe. Cependant, en pratique, c'est difficilement utilisable et on adoptera finalement dans la suite de ce document la définition suivante :

$$\mathcal{R}_0 = \lim_{n \rightarrow +\infty} \mathbb{E}[X_n]^{1/n}$$

4.3 Une méthode pour calculer \mathcal{R}_0

Nous allons maintenant chercher à trouver une méthode de calcul de \mathcal{R}_0 plus explicite que l'expression $\mathcal{R}_0 = \lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{E}[X_n]^{1/n}$.

Grâce à l'hypothèse faite sur la propagation de l'épidémie dans l'introduction du modèle, nous pouvons définir :

Definition 5. (Génération locale)

Soit y un individu. On définit sa génération locale comme étant la distance, dans le graphe d'épidémie de sa famille, au premier individu z infecté en son sein.

Dans la suite, nous appellerons génération globale d'un individu y sa génération spatiale définie dans la partie précédente. Voici un exemple de graphe d'épidémie avec les générations locales et globales spécifiées.

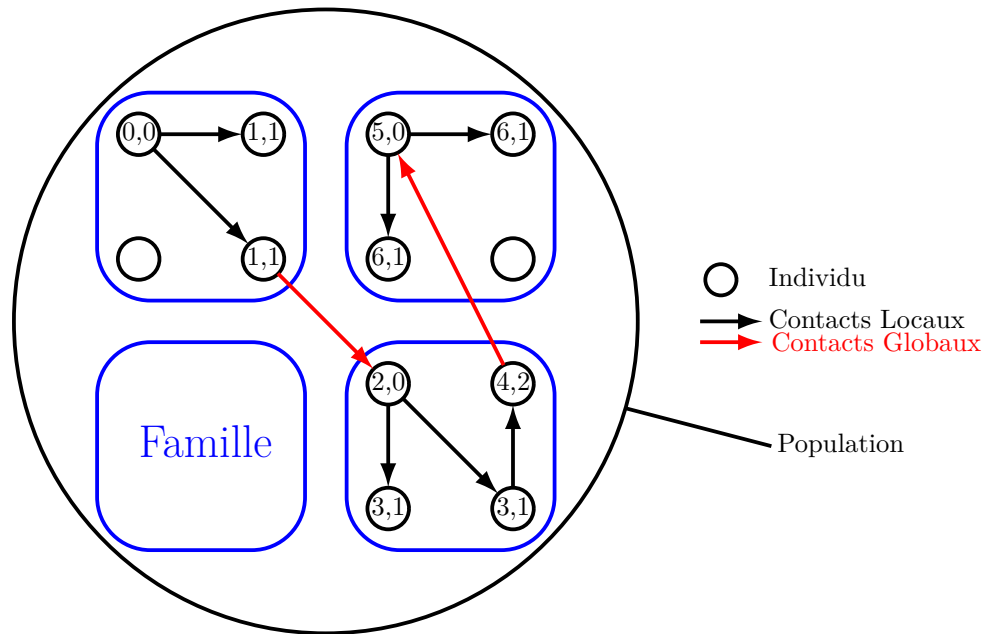


FIGURE 14 – Exemple de graphe d'épidémie. Les entiers n, i dans les cercles correspondent à la génération globale n et locale i d'un individu.

Nous introduisons les notations suivantes :

1. $X_{n,i}, n \in \mathbb{N}, 0 \leq i \leq n_H - 1$ le nombre d'individus infectés dans la génération globale n et dans la génération locale i .
2. $x_{n,i} = \mathbb{E}[X_{n,i}]$

3. μ_G est l'espérance du nombre d'infections globales causées par un individu infecté dans le processus de branchement.
4. $\mu_i, 0 \leq i \leq n_H - 1$, est l'espérance du nombre d'individus infectés dans la génération locale i d'une famille dans laquelle l'épidémie a commencé avec un individu infecté.

μ_G et les μ_i sont propres à la modélisations des contacts globaux et locaux. Nous allons montrer que les $x_{n,i}$ peuvent s'exprimer en fonction des $x_{n-1,j}$.

Lemme 3. *Les espérances des nombres d'infectés vérifient :*

$$\begin{cases} x_{0,i} = & \delta_{0,i} & \forall 0 \leq i \leq n_H - 1 \\ x_{n,0} = & \mu_G \sum_{i=0}^{n_H-1} x_{n-1,i} & \forall n \geq 0 \\ x_{n,i} = & \mu_i x_{n-i,0} & \forall n \geq 0, \forall 1 \leq i \leq n_H - 1 \end{cases}$$

où δ est le symbole de Kronecker.

Preuve.

La première génération globale ne comporte que l'individu initialement infecté. Comme cet individu est aussi dans la génération locale 0, on obtient la première ligne du système.

Les infections d'un individu de génération globale n et de génération locale 0 sont globales et sont causées par des individus de génération globale $n - 1$. On note $Y_{n,i,k}^G$ le nombre d'infections globales causées par le k -ième individu de la n -ième génération globale et i -ème génération locale. Comme nous ne modélisons que le début de l'épidémie, nous restons toujours dans l'approximation d'un nombre d'individus infectés négligeable devant la taille de la population. On considère donc que les infections globales causées par le k -ième individu sont différentes de celles causées par le k' -ième, si $k \neq k'$. On a donc :

$$X_{n,0} = \sum_{i=0}^{n_H-1} \sum_{k=1}^{X_{n-1,i}} Y_{n-1,i,k}^G$$

De plus, les $Y_{n-1,i,k}^G, 1 \leq k \leq X_{n-1,i}$, sont indépendants de $X_{n-1,i}$ dans notre processus de branchement. Par définition, on a $\mu_G = \mathbb{E} [Y_{n-1,i,k}^G]$. On obtient donc :

$$\begin{aligned} x_{n,0} &= \mathbb{E} [X_{n,0}] = \mathbb{E} [\mathbb{E} [X_{n,0} | X_{n-1,i}, 0 \leq i \leq n_H - 1]] \\ &= \mathbb{E} \left[\sum_{i=0}^{n_H-1} \sum_{k=1}^{X_{n-1,i}} \mathbb{E} [Y_{n-1,i,k}^G | X_{n-1,i}, 0 \leq i \leq n_H - 1] \right] \text{ par indépendance} \\ &= \mathbb{E} \left[\mu_G \sum_{i=0}^{n_H-1} X_{n-1,i} \right] \\ &= \mu_G \sum_{i=0}^{n_H-1} x_{n-1,i} \end{aligned}$$

ce qui est la deuxième équation attendue.

Soit $1 \leq i \leq n_H - 1$. Dans notre approximation, les infections d'un individus de génération locale i sont uniquement locales puisque $i \neq 0$: elles proviennent du premier infecté de la famille. Ainsi, de la même manière que précédemment, on a :

$$X_{n,i} = \sum_{k=1}^{X_{n-i,0}} Y_{n-i,i,k}^H$$

où $Y_{n,i,k}^H$ représente le nombre d'infections locales dans la k -ième famille causées par un individu premièrement infecté de génération globale n . Les $Y_{n-i,i,k}^H$, $1 \leq k \leq X_{n-i,0}$, sont de même loi, d'espérance μ_i , et indépendants de $X_{n-i,0}$. On effectue alors le même raisonnement que précédemment en commençant par conditionner sur $X_{n-i,0}$ pour trouver la dernière équation. \square

On note maintenant $x_n = \sum_{i=0}^{n_H-1} x_{n,i}$ l'espérance du nombre d'infections dans la génération globale n . On introduit le vecteur $\mathbf{x}^{(n)} = (x_n, x_{n-1}, \dots, x_{n-n_H+1})$ qui satisfait la propriété :

Lemme 4. Avec la convention $x_{n,i} = 0, \forall n < 0, \forall 0 \leq i \leq n_H - 1$, on a la relation de récurrence :

$$\forall n \in \mathbb{N}^*, \mathbf{x}^{(n)} = \mathbf{x}^{(n-1)} A_{n_H} \quad \text{où} \quad A_{n_H} = \begin{pmatrix} \mu_G \mu_0 & 1 & 0 & \cdots & 0 \\ \mu_G \mu_1 & 0 & 1 & & 0 \\ \vdots & & & \ddots & \\ \mu_G \mu_{n_H-2} & 0 & 0 & & 1 \\ \mu_G \mu_{n_H-1} & 0 & 0 & \cdots & 0 \end{pmatrix}$$

Preuve.

La deuxième équation du lemme 1 se réécrit : $x_{n,0} = \mu_G x_{n-1}$. La dernière équation donne alors $x_{n,i} = \mu_i \mu_G x_{n-i-1}, \forall 1 \leq i \leq n_H - 1$. On somme alors sur i et on obtient :

$$\begin{aligned} x_n &= x_{n,0} + \sum_{i=1}^{n_H-1} x_{n,i} \\ &= \mu_G x_{n-1} + \sum_{i=1}^{n_H-1} \mu_G \mu_i x_{n-i-1} \\ &= \sum_{i=0}^{n_H-1} \mu_G \mu_i x_{n-i-1} \quad \text{puisque} \quad \mu_0 = 1 \end{aligned}$$

ce qui, exprimé matriciellement, donne le résultat annoncé. \square

Avant d'énoncer le théorème suivant, nous souhaitons rappeler un résultat de la théorie de Perron-Frobenius. Si A est une matrice de $\mathcal{M}_m(\mathbb{R})$, nous noterons $A > 0$ si tous les coefficients de A sont positifs et si A est non nul et nous noterons $A \gg 0$ si tous les coefficients de A sont strictement positifs.

Théorème 8. Soit $A \in \mathcal{M}_m(\mathbb{R})$. Nous supposons que $A > 0$ et qu'il existe $p \in \mathbb{N}$ tel que $A^p \gg 0$. Alors :

1. Il existe une unique valeur propre λ_0 de A , réelle, strictement positive, telle que pour toute valeur propre λ de A , $|\lambda| < \lambda_0$.
2. L'espace propre associé à λ_0 est de dimension 1.
3. Il existe une matrice $P \gg 0$ telle que $\lim_{n \rightarrow \infty} (\lambda_0^{-n} A^n) = P$.

Nous sommes maintenant en mesure de démontrer le théorème principal de cette section :

Théorème 9. \mathcal{R}_0 est la plus grande valeur propre de la matrice :

$$A_{n_H} = \begin{pmatrix} \mu_G \mu_0 & 1 & 0 & \cdots & 0 \\ \mu_G \mu_1 & 0 & 1 & & 0 \\ \vdots & & & \ddots & \\ \mu_G \mu_{n_H-2} & 0 & 0 & & 1 \\ \mu_G \mu_{n_H-1} & 0 & 0 & \cdots & 0 \end{pmatrix}$$

Preuve.

Comme μ_G et les μ_i sont positifs, on a $A_{n_H} > 0$. De plus, on peut montrer par récurrence que $\forall 1 \leq p \leq n_H$, les p premières lignes de la matrice A_{n_H} sont composés de coefficients strictement positifs. Donc $A_{n_H}^{n_H} \gg 0$ et on peut appliquer le résultat rappelé précédemment : on note λ_0 la plus grande valeur propre de A_{n_H} et P la matrice du théorème.

Notons c la matrice colonne $(1 \ 0 \ \cdots \ 0)^t$ de sorte que $x_n = \mathbf{x}^{(n)}c$. D'après le lemme 2, $x_n = \mathbf{x}^{(0)}A_{n_H}^n c, \forall n \in \mathbb{N}$. On en déduit que $x_n^{1/n} = \lambda_0 (\mathbf{x}^{(0)}\lambda_0^{-n}A_{n_H}^n c)^{1/n}$.

Comme $\mathbf{x}^{(0)}\lambda_0^{-n}A_{n_H}^n c \xrightarrow{n \rightarrow \infty} \mathbf{x}^{(0)}Pc$ qui est un réel strictement positif puisque $P \gg 0$, on obtient $x_n^{1/n} \xrightarrow{n \rightarrow \infty} \lambda_0$. Mais par définition, \mathcal{R}_0 est la limite de $(x_n^{1/n})_{n \in \mathbb{N}^*}$. Donc $\mathcal{R}_0 = \lambda_0$. \square

Pour finir, nous pouvons calculer \mathcal{R}_0 grâce au corollaire suivant. Nous avons ramené le problème du calcul de \mathcal{R}_0 au problème de la localisation du zéro d'une fonction monotone.

Corollaire 1. \mathcal{R}_0 est l'unique racine positive de :

$$g_{n_H}(\lambda) = 1 - \sum_{i=0}^{n_H-1} \frac{\mu_G \mu_i}{\lambda^{i+1}}$$

Preuve.

Soit χ_{n_H} le polynôme caractéristique de la matrice A_{n_H} . En développant le déterminant par rapport à la dernière ligne, on obtient la relation de récurrence :

$$\chi_{n_H}(\lambda) = -\lambda \chi_{n_H-1}(\lambda) + (-1)^{n_H-1} \mu_G \mu_{n_H-1}$$

On obtient alors par récurrence : $\chi_{n_H}(\lambda) = (-1)^{n_H} \left[\lambda^{n_H} - \sum_{i=0}^{n_H-1} \mu_G \mu_i \lambda^{n_H-1-i} \right]$. D'après le théorème précédent, $\mathcal{R}_0 > 0$ est racine de χ_{n_H} , donc est racine de $g_{n_H}(\lambda) = (-1)^{n_H} \lambda^{-n_H} \chi_{n_H}(\lambda)$. Comme g_{n_H} est strictement monotone, g_{n_H} s'annule au plus une fois et on obtient le résultat. \square

5 Conclusion

La modélisation de la propagation d'une épidémie, qu'elle soit déterministe ou probabiliste, fait ressortir un paramètre de seuil : \mathcal{R}_0 . Dans un modèle comme dans l'autre, il permet de distinguer le cas où l'épidémie s'étendra de celui elle s'éteindra. Néanmoins, dans des modèles plus réalistes, prenant en compte la complexité des interactions entre individus, les définitions naïves de ce paramètre ne suffisent plus et il faut alors réfléchir à une manière plus pertinente de l'introduire. Cela rentre dans le cadre de la difficulté de déterminer les hypothèses d'un modèle. Certains seront plus ou moins adaptés à certaines situations : dans notre étude, il est nécessaire de se placer dans un contexte probabiliste pour étudier des populations de petites tailles.

Références

- [1] F. BRAUER, P. VAN DEN DRIESSCHE AND J. WU, *Mathematical Epidemiology*, Lectures notes in Mathematics, Springer (2008).
- [2] A. KORBEINIKOV AND G. C. WAKE, *Lyapounov functions and global stability for SIR, SIRS and SIS epidemiological models*, Applied Mathematics Letters, 15 (2002).
- [3] L. PELLIS, F. BALLE AND P. TRAPMAN, *Reproduction numbers for epidemic models with households and other structures.*, Mathematical Biosciences, 13 (2012)
- [4] J. LASALLE ET S. LEFSCHETZ, *Stability by Liapunov's Direct Method*, Academic Press, New York (1961), 56-59.
- [5] S. KARLIN AND H.M. TAYLOR, *A First Course in Stochastic Processes*, (second ed.)Academic Press, New York (1975), 519-530.