

L. DECREUSEFOND AND P. MOYAL

# MODÉLISATION STOCHASTIQUE MARKOVIENNE

Copyright © 2021 L. Decreusefond and P. Moyal

PUBLISHED BY

<http://decrease.github.io/site>

License information.

*First printing, June 2021*

## *Table des matières*

1	<i>Processus de Poisson</i>	5
2	<i>Processus ponctuels multivariés</i>	17
3	<i>Mesures de Poisson</i>	47
4	<i>Processus de Markov</i>	63
5	<i>Dimensionnement</i>	89
6	<i>Modèles épidémiologiques</i>	107
	<i>Correction des exercices</i>	119



## 6

# Modèles épidémiologiques

### 6.1 Modèle SIR

On considère la diffusion d'un virus (biologique ou informatique) dans une population homogène où tous les individus sont susceptibles de rencontrer n'importe quel autre. On partitionne la population en trois catégories :

- les susceptibles : ceux qui peuvent être contaminés,
- les infectieux : ceux qui sont contaminés,
- les retirés : ceux qui ne sont plus contaminables soient parce que décédés, soient parce que guéris et immunisés.

La population est de taille  $N + 1$ , on note  $S(t)$ ,  $I(t)$  et  $R(t)$  les nombres de susceptibles, infectieux et retirés à l'instant  $t$ . On a évidemment

$$S(t) + I(t) + R(t) = N + 1.$$

A l'instant initial, il y a un seul infecté :

$$S(t) = N, I(t) = 1, R(t) = 0.$$

**Définition 6.1 — Propagation de l'épidémie.** Chaque infecté rencontre un individu susceptible aux instant d'un processus de Poisson d'intensité  $\beta$ . Si l'individu rencontré est susceptible alors il devient infecté, sinon il ne se passe rien.

Les processus de rencontre sont indépendants entre eux.

Les durées d'infection sont indépendantes et identiquement distribuées de fonction de répartition  $F_I$ .

Dans les premiers moments de l'épidémie, le « patient zéro » contamine un nombre poissonnien d'individus, de paramètre  $\beta E[I]$ . Tant que l'infection n'a pas atteint trop de gens, on peut considérer que les infectés de première génération infectent des susceptibles différents et

de façon indépendante les uns des autres. L'épidémie commence donc un processus de branchement de distribution de naissances Poisson de paramètre  $R_0 = \beta \mathbf{E}[\mathcal{I}]$ . Par conséquent, si  $R_0 < 1$  l'épidémie devrait s'arrêter et exploser si  $R_0 > 1$ ... À condition que l'on puisse effectivement considérer que les infections se font indépendamment les unes des autres. C'est l'objet du couplage suivant.

Dans les deux définitions qui suivent,  $\mathcal{I}_0, \mathcal{I}_1, \dots$  sont des variables aléatoires indépendantes de loi  $F_{\mathcal{I}}$ . On considère aussi des processus de Poisson  $(\zeta_0, \zeta_1, \dots)$  tous indépendants et d'intensité  $\beta$ .

**Définition 6.2 — Processus de branchement.** Le patient 0 infecte des gens aux instants de sauts de  $\zeta_0$  restreint à l'intervalle de temps  $[0, \mathcal{I}_0]$ . Soit  $T_{0,1} < T_{0,2} < \dots$  les instants de sauts de ce processus. À l'instant, l'individu numéroté 1 est infecté, il initie un processus d'infection  $\zeta_1$  de durée  $\mathcal{I}_1$ . L'individu numéroté 2 est celui qui apparaît en premier dans les infections dues aux patients 0 et 1, sa date d'infection est donc

$$\min(T_{0,2}, T_{1,1}).$$

On itère cette construction aussi longtemps que désiré. L'individu  $k$  est retiré du processus au bout de sa période d'infection  $\mathcal{I}_k$ . On note  $S(t)$ ,  $I(t)$ ,  $R(t)$  les nombres respectifs de susceptibles, infectieux et retirés dans ce processus.

**Définition 6.3 — Processus SIR.** On reprend le même principe sauf dans la numérotation des individus. Quand le patient 0 infecte sa première victime, on choisit le numéro de celle-ci uniformément sur  $\{1, \dots, N\}$ . De même lors de la deuxième infection, on choisit son numéro uniformément sur  $\{1, \dots, N\}$ . Si le choix aléatoire tombe sur un individu déjà infecté, il ne se passe rien. On itère cette construction tant qu'il reste des susceptibles ou des infectieux. On appelle *fantôme* un infectieux choisi pour la deuxième fois au moins. On note  $S^N(t)$ ,  $I^N(t)$ ,  $R^N(t)$  les nombres respectifs de susceptibles, infectieux et retirés dans ce processus.

On note  $M^N$  le nombre d'infections ayant eu lieu avant le premier fantôme et  $T^N$  l'instant d'apparition du premier fantôme. Il est clair que les deux processus  $(S, I, R)$  et  $(S^N, I^N, R^N)$  coïncident jusqu'à  $T_N$ . On va montrer que dans tous les cas  $T_N$  tend vers l'infini avec une forte probabilité.

**Lemme 6.4** Pour toute suite croissante  $k_N$  telle que  $k_N = o(\sqrt{N})$ ,

$$\mathbf{P}(M^N \geq k_N) \xrightarrow{N \rightarrow \infty} 1.$$

*Démonstration.* Pour que  $M^N$  soit supérieur à  $k$ , il faut que les  $k$  premiers tirages uniformes soient tous différents donc

$$\begin{aligned} \mathbf{P}(M^N > k) &= \frac{N-1}{N} \frac{N-2}{N} \dots \frac{N-k}{N} \\ &= \prod_{j=1}^k \left(1 - \frac{j}{N}\right) \\ &\geq 1 - \sum_{j=1}^k \frac{j}{N} \\ &= 1 - \frac{k(k+1)}{2N}, \end{aligned}$$

où la minoration est établie simplement par récurrence. On voit que si  $k$  dépend de  $N$  et que  $k_N = o(\sqrt{N})$  alors  $\mathbf{P}(M^N \geq k_N) \xrightarrow{N \rightarrow \infty} 1$ . ■

On dit qu'une propriété  $P_N$  est vraie *with high probability* (w.h.p. en abrégé) si  $\mathbf{P}(P_N) \rightarrow 1$  quand  $N$  tend vers l'infini.

**Lemme 6.5** La suite  $T^N$  tend vers l'infini avec forte probabilité.

*Démonstration.* Soit  $Z(t)$  le nombre d'individus nés dans le processus de branchement avant l'instant  $t$  et  $Z^N(t) = N - S^N(t)$  le nombre d'individus infectés dans le processus aléatoire (en excluant le patient 0). Sur  $t < T^N$ , on a  $Z(t) = Z^N(t)$ . Par définition,

$$T^N = \inf\{t > 0, Z^N(t) = M^N\}.$$

Comme avec haute probabilité,  $k(N) < M^N$ , on

$$t_N = \inf\{t > 0, Z^N(t) = k_N\} = \inf\{t > 0, Z(t) = k_N\} < T^N.$$

Si le processus de branchement est sous-critique (i.e.  $R_0 < 1$ ),  $Z$  reste borné donc il y a un seuil des valeurs de  $N$  à partir duquel  $k(N)$  n'est jamais atteint donc l'infimum est infini, c'est-à-dire que  $T^N$  tend vers l'infini w.h.p.

Si le processus de branchement est sur-critique ( $R_0 > 1$ ), on admet qu'il existe une variable aléatoire positive non dégénérée  $W$  et un réel  $r > 0$  tels que

$$Z(t) \sim W e^{rt} \text{ au voisinage de l'infini.} \quad (6.1)$$

Par conséquent, w.h.p.

$$T^N > t_N = \frac{1}{r} \log \left( \frac{k_N}{W} \right) \xrightarrow{N \rightarrow \infty} \infty$$

si l'on choisit  $k_N$  qui tend vers l'infini moins vite que  $\sqrt{N}$ . ■

Donc au début de l'épidémie, les deux processus se comportent de façon similaire. Notons au passage que l'équation (6.1) signifie bien qu'en période épidémique, au sens en fait diffusion sur-critique, le nombre d'infectieux suit bien une courbe exponentielle.

## 6.2 Modèle markovien

On change la signification du paramètre  $\beta$  ; il représente maintenant le taux de rencontres que ce soit avec des susceptibles, des infectés ou des retirés (y compris les morts ...). Dans le cas où la durée d'infection  $\mathcal{I}$  est exponentiellement distribuée de moyenne  $1/\gamma$ , le processus  $X = (S, I, R)$  est un processus de Markov. Il admet les transitions suivantes :

$$\begin{aligned} (s, i, r) &\longrightarrow (s-1, i+1, r) && \text{au taux } \beta N^{-1} i s \mathbf{1}_{\{s>0\}} \\ &\longrightarrow (s, i-1, r+1) && \text{au taux } \gamma i \mathbf{1}_{\{i>0\}}. \end{aligned}$$

En effet, le taux de nouvelles tentatives d'infections est  $\beta i$  et chaque infectieux a une probabilité  $s/N$  de rencontrer un susceptible donc le taux de nouvelles infections est le produit de ces deux quantités, soit  $\beta i s/N$  si le nombre de susceptibles n'est pas nul.

Chaque infectieux sort de cet état avec un taux  $\gamma$  donc le taux de sortie de l'un au moins des infectieux est  $\gamma i$ . On peut représenter  $X$  à l'aide de deux mesures de Poisson indépendantes,  $M^+$  et  $M^-$  :

$$\begin{aligned} X(t) = X(0) + \int_0^t \int_0^\infty \mathbf{1}_{\{z \leq \beta N^{-1} I(s^-) S(s^-)\}} dM^+(s, z) (e_2 - e_1) \\ + \int_0^t \int_0^\infty \mathbf{1}_{\{z \leq \gamma I(s^-)\}} dM^-(s, z) (e_3 - e_2), \quad (6.2) \end{aligned}$$

où

$$e_1 = \begin{pmatrix} 1 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix}, \quad e_2 = \begin{pmatrix} 0 \\ 1 \\ 0 \end{pmatrix}, \quad e_3 = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \\ 1 \end{pmatrix}.$$

La théorie des processus de Markov ne permet pas de dire grand-chose de ce processus qui n'est même pas irréductible puisque le nombre de susceptibles ne peut que diminuer. Par contre, la représentation précédente permet de justifier le modèle déterministe utilisé depuis les années 30, par un passage à la limite.

**Définition 6.6** On considère le système différentiel de fonctions inconnues  $x(t) = (s(t), i(t), r(t))$  :

$$\begin{aligned} s'(t) &= -\beta s(t)i(t) \\ i'(t) &= \beta s(t)i(t) - \gamma i(t) \\ r'(t) &= \gamma i(t) \end{aligned} \quad (\text{SIR})$$

sous la contrainte  $s(t) \geq 0, i(t) \geq 0, r(t) \geq 0$ . Pour les conditions initiales, on suppose  $s(0) \geq 0, i(0) > 0, r(0) \geq 0$ .

**Théorème 6.7** Soit  $m = s(0) + i(0) + r(0) > 0$ . Le système (SIR) admet une unique solution  $x(t) = (s(t), i(t), r(t))$  définie sur  $\mathbf{R}^+$



à valeurs dans  $(\mathbf{R}^+)^3$  et telle que

$$s(t) + i(t) + r(t) = m \text{ pour tout } t \geq 0.$$

Avant d'aller plus loin, étudions la fonction  $f(x) = xe^x$  dont le tableau de variation est donnée ci-dessous.

$x$	$-\infty$	$-1$	$0$	$+\infty$
$(x+1)e^x$	$-$	$0$	$+$	
$xe^x$	$0$	$\swarrow$ $-e^{-1}$ $\searrow$		$+\infty$
				$0$

On appelle branche principale de la fonction de Lambert, notée  $W$ , la fonction réciproque de  $f$  restreinte à  $[-1, +\infty[$ . La fonction de Lambert est donc croissante, définie sur  $[-e^{-1}, +\infty[$  et satisfait

$$xe^x = y \iff x = W(y) \text{ si } y \geq -e^{-1} \text{ et } x \geq -1.$$

**Théorème 6.8** On pose  $R_0 = \beta/\gamma$ . La population de « retirés » finale, notée  $r_\infty$ , satisfait l'équation

$$1 - r_\infty = s(0)e^{-R_0 r_\infty}.$$

Si  $s(0)$  est très proche de 1, l'équation devient

$$1 - r_\infty = e^{-R_0 r_\infty}.$$

Cette dernière équation admet toujours  $r_\infty = 0$  comme solution et en admet une unique autre si et seulement si  $R_0 > 1$ , donnée par

$$r_\infty = 1 + \frac{1}{R_0} W(-R_0 e^{-R_0}).$$

*Démonstration.* D'après le système (SIR), on a

$$\begin{aligned} \log s(t) - \log s(0) &= -\beta \int_0^t i(u) \, du \\ &= -R_0 \int_0^t r'(u) \, du \\ &= -R_0 r(t), \end{aligned}$$

puisque  $r(0) = 0$ . Au départ, on a  $s(0) = 1 - \varepsilon \sim 1$  et à la fin, il n'y a plus d'infectés donc  $r(\infty) = 1 - s(\infty)$ . On voit donc que  $r(\infty)$  est

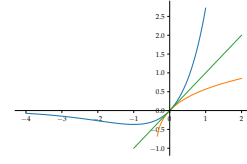


FIGURE 6.1: Dessin de  $x \mapsto xe^x$  (en bleu) et d'un bout de la branche principale de la fonction de Lambert (en orange). En vert, la première bissectrice qui est axe de symétrie entre les deux courbes.

solution de l'équation

$$\log(1 - r(\infty)) = -R_0 r(\infty),$$

donc il est solution de

$$\begin{aligned} 1 - z &= e^{-R_0 z} \iff R_0(z - 1)e^{R_0(z-1)} = -R_0 e^{-R_0} \\ &\iff f(R_0(z - 1)) = f(-R_0) \end{aligned}$$

avec la contrainte  $z \geq 0$ .

Si  $R_0 < 1$  alors  $f(-R_0) \in [-e^{-1}, 0]$  et l'équation précédente admet deux solutions, l'une telle que  $R_0(z - 1) \leq -1$  et l'autre telle que  $R_0(z - 1) = -R_0$ . La première implique que

$$z \leq -\frac{1}{R_0} + 1 < 0 \text{ puisque } R_0 < 1.$$

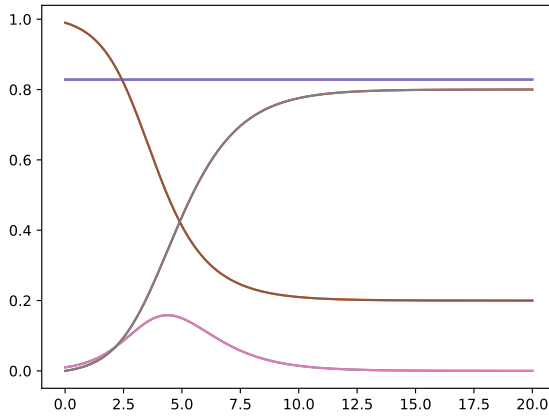
L'autre équation implique que  $z = 0$  donc que tout le monde reste susceptible, l'épidémie ne démarre pas.

Si  $R_0 > 1$  alors  $f(R_0) \in [-e^{-1}, 0]$ . La solution  $z = 0$  existe toujours mais il y a aussi

$$R_0(z - 1) = W(f(R_0)) \iff z = 1 + \frac{1}{R_0} W(f(-R_0)).$$

Pour  $R_0 = 1$ , ces deux solutions se confondent. ■

Pour  $\beta = 2$  et  $\gamma = 1$ , on obtient ce comportement typique. On voit bien que la fraction de retirés converge vers la limite attendue.



En marron, les susceptibles, en violet, les infectés.

Si une proportion  $v$  de la population est vaccinée (ou immunisée) avant l'instant que l'on considère comme l'instant 0 du modèle, le taux d'infection passe de  $\beta$  à  $\beta(1 - v)$  puisque la probabilité de rencontrer

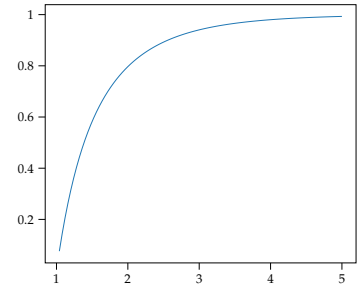


FIGURE 6.2: Les valeurs de  $r(\infty)$  pour  $R_0 > 1$ . Pour  $R_0 = 2$ , 80% de la population meurt ou est immunisée.

un susceptible est  $\beta(1-v)/N$ . On peut donc faire les mêmes calculs que précédemment en remplaçant  $\beta$  par  $\beta' = \beta(1-v)$ . En particulier, le nouveau  $R_0$  devient  $\beta(1-v)/\gamma = R_0(1-v)$  donc la condition de non-explosion est

$$R_0(1-v) < 1 \iff v > 1 - \frac{1}{R_0}.$$

Cette quantité est le seuil auquel on atteint la *herd immunity* (immunité grégaire en français) chère aux anglais au début de l'épidémie. Montrons maintenant comment on retrouve le modèle déterministe donné par le système (SIR) comme limite du modèle markovien.

**Théorème 6.9** Soit  $X_N$  le processus de Markov SIR pour une population de  $(N+1)$  individus. On suppose que

$$\frac{X_N(0)}{N} \xrightarrow[L^1]{N \rightarrow \infty} x_0.$$

Pour tout  $T > 0$ , on a

$$\sup_{t \leq T} \left\| \frac{1}{N} X_N(t) - x(t) \right\| \xrightarrow[L^1]{N \rightarrow \infty} 0.$$

*Démonstration.* Compte-tenu de (6.2), on a

$$\begin{aligned} X_N(t) = X_N(0) + \int_0^t \frac{\beta}{N} I_N(s) S_N(s) \, ds (e_2 - e_1) \\ + \int_0^t \gamma I_N(s) \, ds (e_3 - e_2) + M_N(t) \end{aligned} \quad (6.3)$$

où  $M_N$  est la martingale

$$\begin{aligned} M_N(t) = \int_0^t \int_0^\infty \mathbf{1}_{\{z \leq \beta N^{-1} I_N(s^-) S_N(s^-)\}} (dM^+(s, z) - ds \, dz) (e_2 - e_1) \\ + \int_0^t \int_0^\infty \mathbf{1}_{\{z \leq \gamma I_N(s^-)\}} (dM^-(s, z) - ds \, dz) (e_3 - e_2). \end{aligned}$$

Puisque  $\|e_3 - e_2\| = \|e_2 - e_1\| = \sqrt{2}$ , on a

$$\|M_N(t)\| \leq \sqrt{2} \|\tilde{M}_N(t)\|$$

où  $\tilde{M}_N$  est la sous-martingale

$$\begin{aligned} \tilde{M}_N(t) = \left| \int_0^t \int_0^\infty \mathbf{1}_{\{z \leq \beta N^{-1} I_N(s^-) S_N(s^-)\}} (dM^+(s, z) - ds \, dz) \right| \\ + \left| \int_0^t \int_0^\infty \mathbf{1}_{\{z \leq \gamma I_N(s^-)\}} (dM^-(s, z) - ds \, dz) \right|. \end{aligned}$$

Comme le crochet d'une somme est inférieur à deux fois la somme des crochets, en vertu du théorème 2.35,

$$\langle \tilde{M}_N \rangle(t) \leq 2 \int_0^t \beta N^{-1} I_N(s) S_N(s) \, ds + 2 \int_0^t \gamma I_N(s) \, ds. \quad (6.4)$$

Soit maintenant

$$\begin{aligned} \hat{X}_N(t) &= \frac{1}{N} X_N(t) \\ \hat{S}_N(t) &= \frac{1}{N} S_N(t) \\ \hat{I}_N(t) &= \frac{1}{N} I_N(t) \\ \hat{R}_N(t) &= \frac{1}{N} R_N(t). \end{aligned}$$

On déduit de (6.3) que

$$\begin{aligned} \hat{X}_N(t) &= \hat{X}_N(0) + \int_0^t \beta \hat{I}_N(u) \hat{S}_N(u) \, du \, (e_2 - e_1) \\ &\quad + \int_0^t \gamma \hat{I}_N(u) \, du \, (e_3 - e_2) + \hat{M}_N(t) \end{aligned} \quad (6.5)$$

où  $\hat{M}_N = N^{-1} M_N$ . Soit  $x$  la solution du système (SIR), on peut réécrire le système différentiel sous la forme

$$x(t) = x(0) + \int_0^t \beta i(u) s(u) \, du \, (e_2 - e_1) + \int_0^t \gamma i(u) \, du \, (e_3 - e_2).$$

On a donc

$$\begin{aligned} \hat{X}_N(t) - x(t) &= X_N(0) - x(0) + \beta \int_0^t (\hat{I}_N(u) \hat{S}_N(u) - i(u) s(u)) \, du \\ &\quad + \gamma \int_0^t (\hat{I}_N(u) - i(u)) \, du + \hat{M}_N(t). \end{aligned}$$

D'après l'inégalité triangulaire, on en déduit que

$$\begin{aligned} \|\hat{X}_N(t) - x(t)\| &\leq \|X_N(0) - x(0)\| \\ &\quad + \sqrt{2} \beta \int_0^t |\hat{I}_N(u) \hat{S}_N(u) - i(u) s(u)| \, du \\ &\quad + \sqrt{2} \gamma \int_0^t |\hat{I}_N(u) - i(u)| \, du + \|\hat{M}_N(t)\|. \end{aligned} \quad (6.6)$$

Par construction, on sait que toutes les composantes de  $\hat{X}_N$  et celles de  $x$ , sont positives et majorées par 1 donc

$$\begin{aligned} |\hat{I}_N(u) \hat{S}_N(u) - i(u) s(u)| &\leq \hat{I}_N(u) |\hat{S}_N(u) - s(u)| + s(u) |\hat{I}_N(u) - i(u)| \\ &\leq |\hat{S}_N(u) - s(u)| + |\hat{I}_N(u) - i(u)| \\ &\leq 2 \|X_N(u) - x(u)\|. \end{aligned}$$

On veut juste un théorème de convergence donc on se moque des constantes précises. En reportant la dernière inégalité dans (6.6), on obtient qu'il existe une constante  $c > 0$  indépendante de  $N$  telle que pour tout  $t \geq 0$ ,

$$\|\hat{X}_N(t) - x(t)\| \leq \|X_N(0) - x(0)\| + c \int_0^t \|\hat{X}_N(u) - x(u)\| \, du + \|M_N(t)\|. \quad (6.7)$$

Pour avoir la convergence uniforme, on utilise une astuce en introduisant le processus

$$\hat{W}_N(t) = \sup_{0 \leq u \leq t} \|\hat{X}_N(u) - x(u)\|.$$

On a alors

$$\hat{W}_N(t) = \|X_N(0) - x(0)\| + \sup_{u \leq t} \|\hat{M}_N(u)\| + c \int_0^t \hat{W}_N(u) \, du.$$

Le lemme de Gronwall (lemma 6.10) implique alors que

$$\hat{W}_N(T) \leq \left( \|X_N(0) - x(0)\| + \sup_{u \leq T} \|\hat{M}_N(u)\| \right) e^{cT}.$$

On sait que  $\|X_N(0) - x(0)\|$  tend vers zéro par hypothèse. Il reste à prouver qu'il en est de même pour le terme  $\sup_{u \leq T} \|\hat{M}_N(u)\|$ . Or

$$\sup_{u \leq T} \|\hat{M}_N(u)\| \leq \frac{1}{N} \sup_{u \leq T} |\tilde{M}_N(u)|.$$

L'inégalité de Doob stipule que

$$\mathbf{E} \left[ \sup_{u \leq T} |\tilde{M}_N(u)| \right] \leq c \mathbf{E} [\langle \tilde{M}_N \rangle (T)]^{1/2}.$$

De (6.4), on déduit que

$$\langle \tilde{M}_N \rangle (T) \leq cTN.$$

Par conséquent,

$$\mathbf{E} \left[ \sup_{u \leq T} |\hat{M}_N(u)| \right] \leq \frac{c\sqrt{T}}{\sqrt{N}}.$$

Ce qui implique que la suite de variables aléatoires  $(\sup_{u \leq T} \|\hat{M}_N(u)\|, N \geq 1)$  tend dans  $L^1$  vers 0. ■

En résumé, l'équation (6.5) est composé d'une partie avec une intégrale classique qui donne l'allure du processus de « centrage » et d'une partie martingale. La suite de martingales a un crochet qui croît comme  $N$  d'après (6.4) donc une fois opérée la division par  $N$ , qui divise le crochet par  $N^2$ , le crochet de  $\hat{M}$  est en  $1/N$ . Grâce au lemme de Gronwall et à l'inégalité de Doob, on en déduit la convergence uniforme de  $\hat{X}_N$ .

**Lemme 6.10 — Lemme de Gronwall.** Soit  $f \in L^1([0, T])$  telle que

$$0 \leq f(t) \leq a + b \int_0^t f(u) \, du, \quad \forall t \in [0, T] \quad (6.8)$$

alors

$$f(t) \leq ae^{bt}.$$

*Démonstration.* Par itération, on obtient

$$\begin{aligned} f(t) &\leq a + b \int_0^t (a + b \int_0^{u_1} f(u_2) \, du_2) \, du_1 \\ &= a + abt + b^2 \int_{\mathcal{C}_2(t)} f(u_2) \, du_1 \, du_2 \end{aligned}$$

où

$$\mathcal{C}_n(t) = \{(u_n, \dots, u_1) \in [0, t]^n, 0 \leq u_n \leq \dots \leq u_1 \leq t\}.$$

On continue pour obtenir

$$\begin{aligned} f(t) &\leq a \left( 1 + bt + b^2 \int_{\mathcal{C}_2(t)} du_1 \, du_2 + \dots + b^n \int_{\mathcal{C}(t)} du_1 \dots du_n \right) \\ &\quad + b^{n+1} \int_{\mathcal{C}_{n+1}(t)} f(u_{n+1}) \, du_{n+1} \dots du_1. \quad (6.9) \end{aligned}$$

Grâce au théorème de Fubini, on montre par récurrence que

$$\int_{\mathcal{C}(t)} du_1 \dots du_n = \frac{t^n}{n!}.$$

Par ailleurs,

$$\begin{aligned} \int_{\mathcal{C}_{n+1}(t)} f(u_{n+1}) \, du_{n+1} \dots du_1 &= \frac{1}{(n-1)!} \int_0^t f(u_1) (t - u_1)^{n-1} \, du_1 \\ &\leq \frac{t^{n-1}}{(n-1)!} \int_0^t f(u) \, du \\ &\leq \frac{t^{n-1}}{(n-1)!} \|f\|_{L^1}. \end{aligned}$$

par conséquent, le dernier terme (6.14) tend vers zéro quand  $n$  tend vers l'infini et le résultat s'ensuit. ■

### 6.3 Exercices

**Exercice 6.1** Dans le modèle SIR stochastique, calculer la loi du nombre d'infectés par un individu lorsque

1. la durée d'infection est déterministe
2. la durée d'infection est exponentiellement distribuée

**Exercice 6.2** Dans le modèle SIR, on suppose maintenant qu'il existe une période dite de latence pendant laquelle un individu n'est plus susceptible mais pas encore infectieux. Comment prendre en compte cet aspect dans un modèle dit SEIR où E vaut pour *exposé*?

**Exercice 6.3** Construire un modèle de type SIR avec au moins deux catégories de population dont les paramètres de contact et d'infection sont différents, par exemple enfants et adultes.

**Exercice 6.4 — Diffusion de la malaria, modèle de Ross.** On note  $N_H$  le nombre total d'humains (les humains sont les hôtes) et  $N_V$  le nombre total de moustiques (les moustiques sont le vecteur de la maladie). On pose

$$m = \frac{N_V}{N_H}.$$

Les humains et les moustiques non infectés sont dits susceptibles. On note  $a$  le nombre de morsures par unité de temps par moustique. On note  $p_{VH}$  la probabilité qu'une morsure d'un moustique infecté contamine un humain sain. On note  $p_{HV}$  la probabilité qu'un moustique susceptible se contamine lors de la morsure d'un humain infecté. On suppose que les humains guérissent au taux  $\gamma$  et les moustiques guérissant au taux  $\mu$ . On note  $H(t)$ , respectivement  $V(t)$ , le nombre d'humains, respectivement de moustiques infectés à l'instant  $t$ .

1. Quelles sont les transitions possibles avec leur taux ?
2. Ecrire l'évolution du processus  $(H, V)$  en utilisant quatre mesures de Poisson indépendantes.
3. On fait tendre  $N_V$  et  $N_H$  vers l'infini en gardant la proportion  $m$  fixe. Quelle est la forme du système différentiel satisfait par la limite du processus

$$h_N(t) = \frac{H(t)}{N_H}, \quad v_N(t) = \frac{V(t)}{N_V}.$$





## Correction des exercices

### Exercice 6.4 ▷

- 1 Les variations du nombre d'humains sont dues à une nouvelle piqûre infectante ou à une guérison. Donc on a

$$\begin{aligned}(h, v) &\longrightarrow (h + 1, v) \text{ au taux } ap_{VH} v \frac{N_H - h}{N_H}, \\ &\longrightarrow (h - 1, v) \text{ au taux } h\gamma.\end{aligned}$$

Les variations du nombre de moustiques infectés sont dues à la piqûre d'un humain infecté ou à la guérison de l'un des moustiques.

$$\begin{aligned}(h, v) &\longrightarrow (h, v + 1) \text{ au taux } ap_{HV} N_V - v \frac{h}{N_H}, \\ &\longrightarrow (h, v - 1) \text{ au taux } v\mu.\end{aligned}$$

- 2 Compte-tenu des taux de transition établis dans la question 1, on a d'une part

$$\begin{aligned}H(t) = H(0) + \int_0^t \int_0^\infty \mathbf{1}_{\{z \leq ap_{VH} V(s) \frac{N_H - H(s)}{N_H}\}} dM^1(s, z) \\ - \int_0^t \int_0^\infty \mathbf{1}_{\{z \leq \gamma H(s)\}} dM^2(s, z) \quad (6.10)\end{aligned}$$

et d'autre par

$$\begin{aligned}V(t) = V(0) + \int_0^t \int_0^\infty \mathbf{1}_{\{z \leq ap_{VH} H(s) \frac{N_V - V(s)}{N_V}\}} dM^3(s, z) \\ - \int_0^t \int_0^\infty \mathbf{1}_{\{z \leq \mu V(s)\}} dM^4(s, z) \quad (6.11)\end{aligned}$$

- 3 On note  $d\tilde{M}^i(s, z)$  la mesure

$$dM^i(s, z) - ds \otimes dz.$$

On note  $\rho^i$  l'intégrande de chacune des intégrales apparaissant dans

les équations (6.13) et (6.14). On a

$$\begin{aligned} h_N(t) - h_N(0) &= \frac{1}{N_H} \int_0^t \int_0^\infty \rho_1(s, z) \, d\tilde{M}^1(s, z) - \frac{1}{N_H} \int_0^t \int_0^\infty \rho_2(s, z) \, d\tilde{M}^2(s, z) \\ &\quad + \frac{1}{N_H} \int_0^t ap_{VH} V(s) \frac{N_H - H(s)}{N_H} \, ds - \frac{1}{N_H} \int_0^t \gamma H(s) \, ds. \end{aligned}$$

Concentrons-vous d'abord sur les intégrales par rapport à la mesure de Lebesgue. On se rappelle que  $m = N_V/N_H$  donc on peut écrire la deuxième ligne comme

$$ap_{VH}m \int_0^t \frac{V(s)}{N_V} \frac{N_H - H(s)}{N_H} \, ds - \int_0^t \gamma \frac{H(s)}{N_H} \, ds$$

soit

$$ap_{VH}m \int_0^t v_N(s)(1 - h_N(s)) \, ds - \gamma \int_0^t h_N(s) \, ds.$$

De même

$$\begin{aligned} v_N(t) - v_N(0) &= \frac{1}{N_V} \int_0^t \int_0^\infty \rho_3(s, z) \, d\tilde{M}^3(s, z) - \frac{1}{N_V} \int_0^t \int_0^\infty \rho_4(s, z) \, d\tilde{M}^4(s, z) \\ &\quad + \frac{1}{N_V} \int_0^t amp_{HV} H(s) \frac{N_V - V(s)}{N_V} \, ds + \mu \int_0^t \frac{V(s)}{N_V} \, ds. \end{aligned}$$

La deuxième ligne se simplifie en

$$ap_{HV} \int_0^t h_N(s)(1 - v_N(s)) \, ds + \mu \int_0^t v_N(s) \, ds.$$

On conjecture donc que limite du processus  $(h_N, v_N)$  est donnée par la solution du système

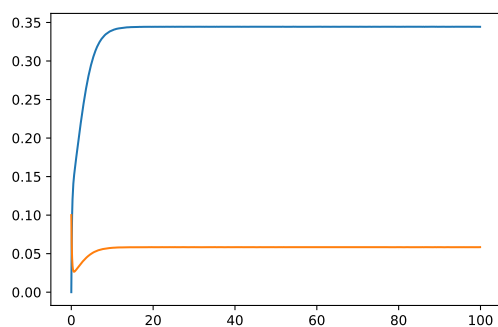
$$\begin{aligned} \dot{h}(t) &= ap_{VH}m v(t)(1 - h(t)) - \gamma h(t), \\ \dot{v}(t) &= ap_{HV} h(t)(1 - v(t)) - \mu v(t). \end{aligned} \tag{6.12}$$

La preuve suit exactement celle du théorème 6.9.

Pour des paramètres choisis un peu au hasard (on part du principe qu'il y a 10 fois plus de moustiques que d'humains et le taux de guérison d'un moustique est 5 fois plus grand que celui d'un humain) :

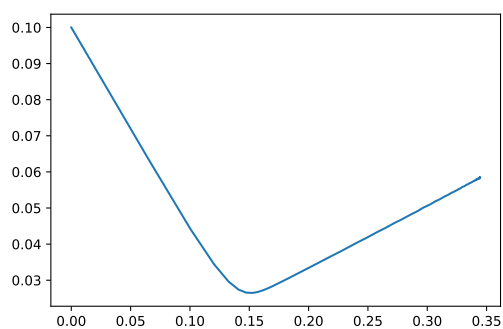
$$a = 1, p_{VH} = 0.9, p_{HV} = 0.9, m = 10, \mu = 5, \gamma = 1,$$

on obtient les solutions suivantes :



On voit que les populations de moustiques et d'humains infectés se stabilisent. La population de moustiques infectés commencent à décroître faute de suffisamment d'humains infectés puis augmentent quand ces derniers sont suffisamment nombreux à pouvoir transmettre la maladie aux moustiques.

Les spécialistes de systèmes dynamiques regardent souvent l'évolution du système dans l'espace des phases : on regarde la courbe  $t \mapsto (h(t), v(t))$ . On trouve ici



On voit bien que le point  $(0,344, 0,058)$  est le point fixe du système.