

# MODÈLE ÉPIDÉMIE SIR EN ÉPIDÉMIOLOGIE : PRÉSENTATION ET ILLUSTRATION

TURPIN Yohann, GEHU Lauric, FOSSET Jaurel

December 28, 2023



# Contents

<b>1</b>	<b>Introduction</b>	<b>3</b>
<b>2</b>	<b>Les modèles déterministes</b>	<b>4</b>
2.1	Le modèle SIR . . . . .	4
2.1.1	Histoire et amélioration . . . . .	4
<b>3</b>	<b>Les modèles stochastiques</b>	<b>5</b>
3.1	Reed et Forst . . . . .	5
3.1.1	Loi Binomiale . . . . .	5
3.2	Bartlett . . . . .	6
3.2.1	Loi de poisson . . . . .	6
3.3	La construction de Selke . . . . .	7
3.3.1	Chaine de Markov . . . . .	7
3.3.2	Processus de Poisson . . . . .	7
3.3.3	Définition Modèle . . . . .	8
3.3.4	Taille finale de l'épidémie . . . . .	8
3.4	Que fait-on du début de l'épidémie . . . . .	9
<b>4</b>	<b>Conclusion</b>	<b>10</b>

---

## Remerciements

Nous tenons à exprimer notre profonde gratitude à l'enseignante Karine Serier pour son soutien, ses conseils et surtout sa patience tout au long de la réalisation de ce rapport. Nous sommes reconnaissants de l'avoir eu comme encadrante et nous espérons que sa passion des mathématiques et sa bonne humeur se ressentiront dans le travail fourni.

# Introduction

Les modèles déterministes sont plus faciles à étudier, mais ils ne reflètent pas toujours la réalité. Les modèles probabilistes, quant à eux, sont une façon naturelle de modéliser l'évolution d'une épidémie, car chaque individu a une certaine probabilité d'être infecté par la maladie.

L'étude de ces problèmes stochastiques est importante pour déterminer si, quand la taille de la population augmente, ils convergent vers un problème déterministe. Nous nous intéresserons plus particulièrement aux épidémies qui se transmettent d'individu en individu et confèrent une immunité aux contacts suivants en cas de rétablissement. Les maladies infantiles, sexuellement transmissibles ou même la grippe correspondent à ce genre de pathologie. On appelle ce type de modèle une épidémie SIR (Susceptible, Infecté, Rétabli). La population est ainsi donc séparée en trois catégories. La population est séparée en trois catégories : les Susceptibles qui sont les individus sains qui sont sensibles à la maladie. Les Infectés qui sont atteints par l'épidémie et peuvent donc la transmettre pendant une certaine période de contagion. A la fin de cette période, ils deviennent Rétablis et sont immunisés contre une nouvelle infection.

# Les modèles déterministes

## 2.1 Le modèle SIR

### 2.1.1 Histoire et amélioration

Le modèle SIR est un modèle mathématique simple qui permet de modéliser la propagation d'une maladie infectieuse dans une population. Le modèle divise la population en trois groupes : les individus susceptibles d'être infectés (S), les individus infectés (I) et les individus guéris ou rétablies (R). Les individus passent d'un groupe à l'autre en fonction de leur état de santé. Le modèle est décrit par les équations différentielles suivantes :

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta SI}{N}$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI}{N} - \gamma I$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I$$

où S, I et R représentent respectivement le nombre de personnes dans chaque groupe, N est la taille totale de la population,  $\beta$  est le taux de contact et  $\gamma$  est le taux de guérison. Le modèle de Reed et Frost est un autre modèle mathématique simple qui permet de modéliser la propagation d'une maladie infectieuse dans une population. Dans ce modèle, les individus sont divisés en trois groupes : les individus susceptibles d'être infectés (S), les individus infectés (I) et les individus rétablies (R). Le modèle suppose que chaque individu infecté a une probabilité fixe de transmettre la maladie à un individu susceptible chaque semaine.

# Les modèles stochastiques

## 3.1 Reed et Forst

Le modèle SIR dans l'état que nous avons donné, possède certaines incohérence vis à vis de la réalité. En effet, il suppose que chaque individu de la population a une chance égale d'entrer en contact avec tous les autres individus, et que la chance de propager l'épidémie est, elle aussi uniforme. C'est ici qu'intervient le modèle stochastique de Reed et Frost présenté en 1928, qui redéfinit le modèle cité précédemment. S'ils sont infectés, ils deviennent d'abord infectieux pendant un certain temps, puis se rétablissent et deviennent immunisés. Le modèle est généralement utilisé avec une dynamique à temps discret, où la période infectieuse est courte et précédée d'une période de latence plus longue. Les nouvelles infections se produisent par génération, séparées par la période de latence. Les probabilités dans chaque génération dépendent de l'état de l'épidémie dans la génération précédente, et sont spécifiées par des probabilités binomiales.

$$P(Y_{j+1} = y_{j+1} | X_0 = x_0, Y_0 = y_0, \dots, X_j = x_j, Y_j = y_j) = P(Y_{j+1} = y_{j+1} | X_j = x_j, Y_j = y_j) \quad (3.1)$$

$$= \binom{x_j}{y_{j+1}} (1 - q^{y_j})^{y_{j+1}} (q^{y_j})^{x_j - y_{j+1}} \quad (3.2)$$

### 3.1.1 Loi Binomiale

Une variable aléatoire  $X$  suit une loi de poisson si :

$$P(X = k) = \binom{n}{k} p^k (1 - p)^{n-k}$$

La loi Binomiale est la loi suivie par la variable aléatoire  $X$  qui compte le nombre de succès de  $n$  expériences de Bernoulli consécutives et indépendantes. La loi de Bernoulli est la loi suivie par l'expérience qui peut réussir avec une probabilités  $p$ .

---

## 3.2 Bartlett

C'est en 1949 que Bartlett propose ce qui sera le modèle épidémiologique standard. Au temps initial, la population se compose de  $m$  infectés et  $n$  susceptibles. Chaque infecté a une période de contagion qui suit une loi  $I$  (moyenne  $i$  variance  $\sigma^2$ ) indépendante de celle des autres. Et pendant cette période il rencontre un autre individu donné suivant les instants de saut d'un processus de Poisson d'intensité  $\frac{\lambda}{n}$ . Tous ces processus sont indépendants entre eux, ainsi que leur périodes de contagion. Ainsi, pendant un temps  $dt$ , la probabilité qu'un infecté rencontre un individu initialement susceptible vaut  $\lambda$ . On appellera  $E_{n,m}(\lambda, I)$  une telle épidémie. Un des paramètres importants dans ce modèle est le nombre d'infections attendues par un individu (Basic reproduction number)  $R_0 = \lambda i$ . On verra qu'en fonction de sa valeur, l'épidémie se propage à toute la population ou reste confinée à un plus petit nombre d'individus.

### 3.2.1 Loi de poisson

Une variable aléatoire  $X$  suit une loi de poisson si :

$$P(X = k) = \exp(-\lambda) \frac{\lambda^k}{k!}$$

Cette loi est dite des événements rares : elle est souvent utilisée pour modéliser le nombre d'occurrences d'un phénomène dans un temps donné, le phénomène devant être rare dans un temps court.



---

### 3.3 La construction de Selke

Une construction équivalente, proposée par Selke en 1983, se base sur l'idée d'affecter à chaque individu une capacité de résistance à l'épidémie et de définir, à partir du nombre d'infectés, une pression de l'épidémie et un critère d'infection sur la résistance de l'individu. Pour y arriver, les chaînes de Markov sont utilisées pour modéliser l'évolution de l'épidémie au fil du temps, en prenant en compte les transitions entre les différents états de l'épidémie (susceptible, infecté, rétabli). Les processus de Poisson sont utilisés pour modéliser le nombre d'infections qui se produisent dans un intervalle de temps donné, en supposant que les infections se produisent de manière aléatoire et indépendante les unes des autres.

De plus cette construction permet aussi d'identifier un paramètre important quand il s'agit de modéliser une épidémie : sa taille finale. Ici, l'expression de la taille finale de l'épidémie dépend du nombre de reproductions de base  $R_0$ , qui est le nombre moyen de personnes qu'un individu infecté infecte au début de l'épidémie. Plus le nombre de reproductions de base est élevé, plus la taille finale de l'épidémie sera grande. L'expression de la taille finale de l'épidémie peut être calculée à partir de l'équation  $1 - \tau = e - R_0 \tau$ , où  $\tau$  est la proportion de la population qui sera infectée à la fin de l'épidémie.

#### 3.3.1 Chaîne de Markov

Une chaîne de Markov est un processus aléatoire à temps discret dont la principale caractéristique est l'absence de mémoire et l'existence de probabilités de transition entre les états de la chaîne. Cela signifie que seul l'état actuel du processus a une influence sur l'état qui va suivre.

En considérant  $S$  un ensemble fini (ou dénombrable) et  $(X_n)_{n \in \mathbf{N}}$  une suite de variables aléatoires définie sur le même univers  $\Omega$  munit de la mesure de probabilité  $\mathbb{P}$  et à valeurs dans  $S$ .  $(X_n)$  chaîne de Markov homogène si :

- **Propriété de Markov** :  $\forall n \in \mathbf{N}$  et  $(x_i)^n \in S^n (i \in [[0, n + 1]])$

$$\mathbb{P}(X_{n+1} = x_{n+1} | X_{0:n} = x_{0:n}) = \mathbb{P}(X_{n+1} = x_{n+1} | X_n = x_n)$$

- **Homogénéité** :  $\mathbb{P}(X_{n+1} = y | X_n = x)$  ne dépend pas de  $n$ ,  $\forall (x, y) \in S^2$ . On note alors  $p(x, y)$  cette probabilité.

La loi de  $X_0$  est appelée loi initiale de la chaîne de Markov,  $P = (p(x, y))_{x, y \in S}$  est appelée matrice de transition.

#### 3.3.2 Processus de Poisson

Soit  $(S_1, \dots, S_n)$  une suite de variables aléatoires exponentielles indépendantes de paramètre  $\lambda$ . Posons  $T_n = \sum_{i=1}^n S_i (T_0 = 0)$  et  $\forall t \in \mathbf{R}$  :

$$N_t = \sum_{n \geq 0} \mathbf{1}_{\{T_n \leq t\}}$$

La famille aléatoire  $(N_t)$  s'appelle le **processus de Poisson standard issu de 0 d'intensité  $\lambda$** . Ce processus compte alors le nombre de variables  $T_i$  dans  $[0, t]$ .

Un processus de Poisson a alors les propriétés suivantes :

- $\forall t, N_t$  est finie presque sûrement.

- $\forall \omega, t \mapsto N_t$  est croissante, continue à droite, constante par morceaux et ne croît que par sauts de 1.
- $N_{t-}(\omega)$  limite à gauche de  $N_t(\omega)$  au point  $t$  alors  $\forall t, N_t = N_{t-}$  presque sûrement.
- $\forall t, N_t$  suit une loi de Poisson de paramètre  $\lambda t$ .
- $\forall (t_1, t_2, \dots, t_n)$  tels que  $0 < t_1 < t_2 < \dots < t_n$  les variables  $N_{t_1}, N_{t_2} - N_{t_1}, \dots, N_{t_n} - N_{t_{n-1}}$  sont indépendantes.
- si  $s < t$ , la loi de  $N_t - N_s$  est la même que celle de  $N_{t-s}$ .

Ces deux dernières propriétés disent que  $N$  est un **processus à accroissements indépendants homogène**.

### 3.3.3 Définition Modèle

Ainsi, après avoir vu tous les outils qui sont utilisés au sein de ce modèle, revenons-en à sa définition en elle même. Plus précisément, revnons en à ses particularités qui sont les notions de pression et résistance à l'épidémie. On va indexer la population de la façon suivante : les infectés initiaux seront notés  $-(m-1), -(m-2), \dots, -1, 0$  et les susceptibles de 1 à  $n$ . On associe à chaque individu un temps de contagion  $I = (m-1), \dots, I_n$  indépendantes et identiquement distribuées de loi I. A chaque susceptible on associe aussi des seuils  $Q_1, Q_n$  indépendants et identiquement distribués suivant une loi exponentielle de paramètre 1.

On peut alors définir à chaque temps  $t$ , avec  $Y(t)$  le nombre d'infectés, la pression de l'épidémie :

$$A(t) = \frac{\lambda}{n} \int_0^t Y(u) du$$

Un susceptible  $j$  est alors infecté quand la pression dépasse le seuil  $Q_j$ . Il devient contagieux pendant le temps  $I_j$

### 3.3.4 Taille finale de l'épidémie

On réordonne les individus susceptibles en fonction de leur seuil croissant que l'on noteras  $Q_1, \dots, Q_n$ . On peut noter que l'épidémie s'arrête lorsque la pression exercée par les individus infectés n'est pas suffisante pour atteindre le prochain seuil. Chaque individu infecté participe à la pression ce qui nous donne la pression exercée après la  $i$ ème infection :  $\frac{\lambda}{n} \sum_{j=-(m-1)}^i I_j$ . Si  $Q_{i+1}$  est supérieur à la valeur de la dernière expression, l'épidémie s'arrête. On a donc que la taille finale de l'épidémie  $Z$  est :

$$Z = \min \left\{ \frac{\lambda}{n} \sum_{j=-(m-1)}^i I_j \right\}$$

**Identité de Wald :**

$$\forall \theta \geq 0, \mathbb{E} \left[ \frac{e^{-\theta P(\infty)}}{\Phi\left(\frac{\lambda \theta}{n}\right)^{Z+m}} \right] = 1$$

où  $\Phi(\theta) = \mathbb{E}[e^{-\theta T}]$  est la fonction de transformée de Laplace de  $T$ .

---

### 3.4 Que fait-on du début de l'épidémie

# Conclusion

**Loi faible des grands nombres :** Soit  $(X_n)_{n \in \mathbf{N}}$  une suite de variable aléatoire indépendante et identiquement distribuée de même loi que  $X$  (loi mère). Si  $\mathbb{E}[|X|] < +\infty$ , alors  $\overline{X_n} \rightarrow \mathbb{E}[X]$

On ne rappelle pas la loi faibles des grands nombres pour rien. En effet, elle peut être observée dans les modèles SIR déterministes et stochastiques. Plus précisément, on peut montrer le modèle stochastique converge vers le modèle déterministe correspondant lorsque la taille de la population tend vers l'infini. Ainsi, par essence, la faible loi des grands nombres est un concept qui fournit une justification mathématique à l'utilisation de modèles déterministes pour approcher le comportement des modèles stochastiques parmi une grande population, tel que pendant une épidémie mondiale.

# List of Figures

# List of Tables