

Formalisation d'un modèle compartimentale

Modèle SIRD

Quentin Leprat

Mai 2021

1 Modèle SIRD déterministe

1.1 Définition

On considère une population de $N > 0$ individus **homogène**. Un modèle SIRD ou plus généralement, un modèle compartimentale permet de modéliser la circulation d'une maladie infectieuse dans cette population. Dans un modèle SIRD, cette population est classée dans 4 compartiments :

- Susceptible (S) : les personnes susceptibles de contracter la maladie
- Infected (I) : les personnes infectés par la maladie
- Recovered (R) : les personnes guéris de la maladie
- Death (D) : les personnes décédés des suites de la maladie

La quantité de personnes dans chacun des compartiments est susceptible de changer au cours du temps, on souhaiterait justement connaître cette dynamique, pour cela, on se doit de faire quelques hypothèses, à la fois sur notre maladie et sur la population considérée.

1.2 Hypothèses

1.2.1 Sur la population

On suppose que la population considérée est homogène, c'est-à-dire que sa répartition au sein de chacun des compartiments est uniforme. En d'autres termes, on s'affranchit de toutes considération spatiale pour la circulation de la maladie, cette approximation peut sembler raisonnable lorsque l'on considère la transmission d'une maladie infectieuse au sein d'une ville, ou d'un lieu public (hospital, école), mais est toutefois moins évidente à l'échelle d'une région ou même d'un pays tout entier.

Par ailleurs, on supposera aussi que la population est isolée du reste du monde, il n'y a pas de naissance de nouvelles personnes ni de décès autre que ceux engendrés par la maladie. Cela se traduit par le fait que:

$$N = S(t) + I(t) + R(t) + D(t), \quad \forall t \in \mathbb{R}^+ \tag{1}$$

1.2.2 Sur la maladie

Les hypothèses sur la maladie peuvent être modifiées comme on le souhaite, mais pour commencer par un exemple simple, on supposera que les personnes guéris de la maladie ne peuvent plus être réinfectés.

1.3 Équations de la dynamique

Dans le cas de notre maladie, on a supposé qu'il ne pouvait pas y avoir de réinfection, il est alors simple de visualiser de quelle manière les flux de population se déplacent entre les compartiments. On peut modéliser ces flux par un graphe :

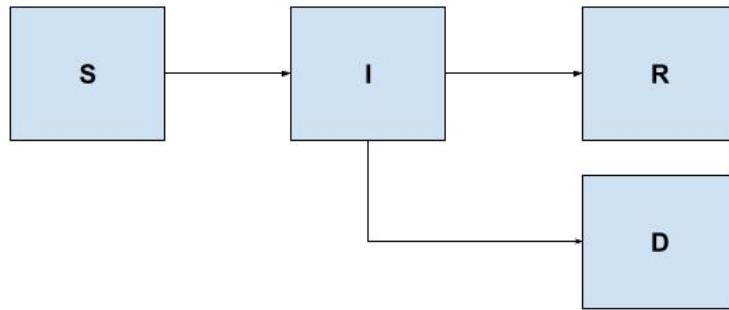


Figure 1: Graphe d'un modèle SIRD

Dans ce graphe les compartiments sont les noeuds et les flèches sont les flux de population entre ces compartiments.

On voit que les déplacements possibles sont :

- $S \rightarrow I$: seules les personnes susceptibles de contracter la maladie peuvent être infectées
- $I \rightarrow R$: les personnes infectés peuvent guérir
- $I \rightarrow D$: les personnes infectés peuvent en mourir

Grâce à ce graphe et nos hypothèses, on peut relever des informations très intéressantes concernant les propriétés de nos compartiments :

- Les fonctions $S(t)$, $R(t)$ et $D(t)$ sont des fonctions monotones, et en particulier :
 - $S(t)$ est décroissante : si la maladie circule, le nombre de Susceptible ne peut que diminuer
 - $R(t)$ et $D(t)$ sont croissantes : si la maladie circule, le nombre de guéris et de morts ne peut qu'augmenter
- La fonction $I(t)$ n'est pas monotone, car le compartiment I peut à la fois se vider dans R et se remplir grâce à S .

On peut maintenant construire les équations du modèle, considérons un intervalle de temps Δt petit, et supposons que l'on connaisse la valeur de chacun des compartiments à l'instant t , on veut savoir ce qu'il se passe à l'instant $t + \Delta t$.

Pour le compartiment **S** :

Un individu susceptible devient infecté en entrant en contact avec un malade, le nouveau nombre de susceptible $S(t + \Delta t)$ est donc diminué du nombre de susceptible \times le nombre d'infectés qu'il a rencontré pendant la période de temps Δt .

En outre, tous les susceptibles qui rencontrent les infectés ne tombent pas forcément malade, mais seulement une partie d'entre eux, on note ce taux β , il correspondra au taux de transmission de la maladie. Ainsi, on a :

$$S(t + \Delta t) = S(t) - \beta S(t)I(t)\Delta t$$

Pour le compartiment **I** :

Les individus entrant dans le compartiment **I** à l'instant $t + \Delta t$ sont ceux qui étaient Susceptible et qui sont devenus malades soit donc $\beta S(t)I(t)\Delta t$.

Par ailleurs, il faut prendre en compte les personnes sortantes qui guérissent/meurent de la maladie, comme pour le compartiment **S**, c'est seulement une partie des infectés qui vont guérir/mourir, notons ces taux : γ , qui correspondra au taux de guérison de la maladie, et ν qui correspondra au taux de mortalité de la maladie. Ainsi on a :

$$I(t + \Delta t) = I(t) + \beta S(t)I(t)\Delta t - (\gamma + \nu)I(t)\Delta t$$

Pour le compartiment **R** et **D** :

Les individus entrant dans ces compartiments sont ceux qui sont sortis du compartiment **I**, soit respectivement, les individus infectés qui sont guéris pour le compartiment **R** et ceux qui sont morts pour le compartiment **D**. Ainsi, on a :

$$R(t + \Delta t) = R(t) + \gamma I(t)\Delta t$$

et,

$$D(t + \Delta t) = D(t) + \nu I(t)\Delta t$$

Pour finir il ne faut pas oublier la contrainte sur le système isolé :

$$N = S(t + \Delta t) + I(t + \Delta t) + R(t + \Delta t) + D(t + \Delta t), \quad \forall t \in \mathbb{R}^+$$

En résumé,

$$\begin{cases} S(t + \Delta t) - S(t) = -\beta S(t)I(t)\Delta t \\ I(t + \Delta t) - I(t) = +\beta S(t)I(t)\Delta t - (\gamma + \nu)I(t)\Delta t \\ R(t + \Delta t) - R(t) = +\gamma I(t)\Delta t \\ D(t + \Delta t) - D(t) = +\nu I(t)\Delta t \\ N = S(t + \Delta t) + I(t + \Delta t) + R(t + \Delta t) + D(t + \Delta t) \end{cases}$$

En divisant par Δt , et en faisant tendre $\Delta t \rightarrow 0$, on obtient les équations du modèle déterministe :

$$\begin{cases} \dot{S}(t) = -\beta S(t)I(t) \\ \dot{I}(t) = \beta S(t)I(t) - (\gamma + \nu)I(t) \\ \dot{R}(t) = \gamma I(t) \\ \dot{D}(t) = \nu I(t) \\ N = S(t) + I(t) + R(t) + D(t) \end{cases} \quad (2)$$

avec la notation $\dot{X} = \frac{dX}{dt}$.

Dans cette équation, le paramètre β correspond à un taux de transmission qui dépend de la taille de la population considérée. C'est donc une "densité de transmission", afin d'obtenir un taux de transmission qui ne dépend pas de la taille de la population, on peut diviser par N ce taux : $\frac{\beta}{N}$.

1.4 Une analogie pratique : cas déterministe

Les équations de la dynamique des modèles compartimentaux sont sans rappeler celles de la dynamique de remplissage de plusieurs cuves reliées par des tuyaux, c'est en effet sensiblement la même dynamique que l'on étudie ici.

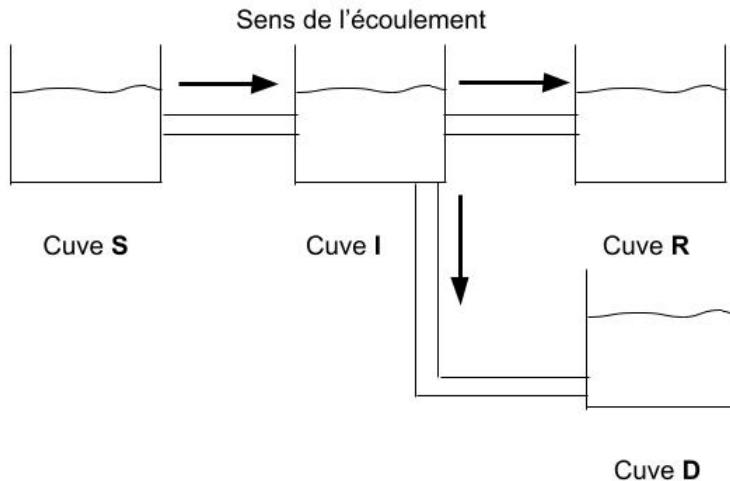


Figure 2: Analogie du modèle SIRD avec le remplissage de cuves

Cette analogie est très pratique, car on peut maintenant identifier les paramètres du modèle comme réglant à la fois la viscosité du liquide dans les cuves et à la fois l'ouverture des tuyaux les reliant.

Par exemple,

$$\beta = \underbrace{\beta_{visqueux}}_{\text{Correspond au type de population considérée}} * \underbrace{\beta_{ouverture}}_{\text{Correspond à la contagion intrinsèque au pathogène}}$$

Dans un modèle compartimental par âge, plusieurs liquides de viscosité différentes sont présents dans la cuve, permettant de modéliser un taux de transmission, de guérison ou bien de mortalité différent en fonction de l'âge.

2 Modèles Stochastiques

Dans cette partie, on considère que les fonctions $S(t)$, $I(t)$, $R(t)$ et $D(t)$ sont des variables aléatoires et non plus des fonctions déterministes. On fera la modélisation en considérant premièrement que le temps est discret (DTMC) avec les variables aléatoires discrètes, puis on passera en temps continu (CTMC) avec les variables aléatoires toujours discrètes, puis on finira par le temps continu et variables aléatoires continues (SDE).

2.1 SIRD - Chaîne de Markov en Temps Discret (DTMC)

Soit $S(t)$, $I(t)$, $R(t)$ et $D(t)$ des variables aléatoires **discrètes** à valeur dans $\Omega = \{0, 1, \dots, N\}$, N désignant toujours la population totale étudiée.

Dans le modèle DTMC, on suppose que le temps est discret, $t \in \{0, \Delta t, 2\Delta t, \dots\}$

Les hypothèses sur la dynamique du modèle sont les mêmes que celles de la partie déterministe, en particulier, le système est toujours isolé, et on a pour tout $t \in \{0, \Delta t, 2\Delta t, \dots\}$,

$$N = S(t) + I(t) + R(t) + D(t)$$

Ceci permet de s'affranchir de l'étude d'un compartiment en remarquant simplement que $D(t) = N - S(t) - I(t) - R(t)$.

On manipule dès lors un processus stochastique tri-varié : $\{S(t), I(t), R(t)\}_{t=0}^{\infty}$, à ce processus on peut attribuer une fonction de probabilité notée $p_{(s,i,r)}(t)$, qui renseigne la probabilité d'avoir un nombre s de susceptibles dans le compartiment **S**, un nombre i d'infectés dans le compartiment **I** et un nombre r dans le compartiment **R** à un instant t .

$$p_{(s,i,r)}(t) = \mathbb{P}(S(t) = s, I(t) = i, R(t) = r) \quad (3)$$

2.1.1 Propriété de Markov

Dans le modèle déterministe, pour connaître l'état du système à un instant $t + \Delta t$, on a eu besoin de connaître uniquement l'état du système à l'instant t et non pas aux instant $t - \Delta t$, $t - 2\Delta t$ etc.

On souhaite conserver cette propriété pour les modèles stochastiques, pour cela on impose au processus $\{S(t), I(t), R(t)\}_{t=0}^{\infty}$ de satisfaire la propriété de

Markov.

Pour simplifier les notations, posons $\mathbf{X}_t = (S(t), I(t), R(t))$ le vecteur d'état du processus à l'instant t , la propriété de Markov impose que :

$$\begin{aligned} \mathbb{P}(\mathbf{X}_{t+\Delta t} = \mathbf{x}_{t+\Delta t} | \mathbf{X}_0 = \mathbf{x}_0, \mathbf{X}_1 = \mathbf{x}_1, \dots, \mathbf{X}_t = \mathbf{x}_t) &= \\ \mathbb{P}(\mathbf{X}_{t+\Delta t} = \mathbf{x}_{t+\Delta t} | \mathbf{X}_t = \mathbf{x}_t) \end{aligned} \quad (4)$$

qui traduit en terme probabiliste par le fait que la probabilité d'observer l'état du système à l'instant $t + \Delta t$ sachant toutes les observations du système aux temps antérieurs est la même chose que d'observer le système à l'instant $t + \Delta t$ sachant l'observation au temps t précédent.

Par ailleurs cette chaîne de Markov est homogène, autrement dit, la transition d'état entre t et $t + \Delta t$ ne dépend pas du temps, ce qui fait référence, dans le cas déterministe au fait que les paramètres du système ne dépendent pas du temps : les équations différentielles sont autonomes.

$$\mathbb{P}(\mathbf{X}_{t+\Delta t} = \mathbf{x}_{t+\Delta t} | \mathbf{X}_t = \mathbf{x}_t) = \mathbb{P}(\mathbf{X}_{\Delta t} = \mathbf{x}_{\Delta t} | \mathbf{X}_t = \mathbf{x}_t) \quad (5)$$

2.1.2 Transitions d'état

Comme pour le modèle déterministe, il nous faut établir une relation entre l'état du système à l'instant t et son état à l'instant $t + \Delta t$.

Notons s, i, r l'état du système (c'est-à-dire la valeur des compartiments) à l'instant t . Sans présupposition, on peut imaginer que le système à l'instant $t + \Delta t$ se retrouve dans un état $s+k, i+j$ et $r+l$, avec $(k, j, l) \in \{-N, \dots, -1, 0, 1, \dots, N\}^3$. On notera ces transitions d'état :

$$s \rightarrow s+k, \quad i \rightarrow i+j, \quad r \rightarrow r+l$$

Ce qui fait un nombre de changement considérable à prendre en compte, chaque combinaisons de changement doit être considérée et une probabilité doit y être associée...

Pour simplifier la modélisation, on suppose que l'on a choisi un Δt , suffisemment petit, pour que l'on puisse observer uniquement des petits changements d'états : $(k, j, l) \in \{-1, 0, 1\}^3$, ce qui correspond à des ajouts, retraits ou ni ajout ni retrait dans les compartiments. Approcher le problème dans ce sens semble déjà plus simple.

2.1.3 Transitions d'état autorisés par la modélisation

Reprendons l'analogie des cuves, et supposons que Δt soit suffisemment petit pour que l'on puisse observer entre t et $t + \Delta t$, une élévation, une diminution de la hauteur d'eau d'une seule unité, ou ne rien observer.

Avec ce schéma on peut identifier toutes les transitions d'états qui ont une probabilité non nulle d'avvenir :

- Si la cuve **S** diminue d'une unité alors la cuve **I** doit forcément se remplir d'une unité. (1)

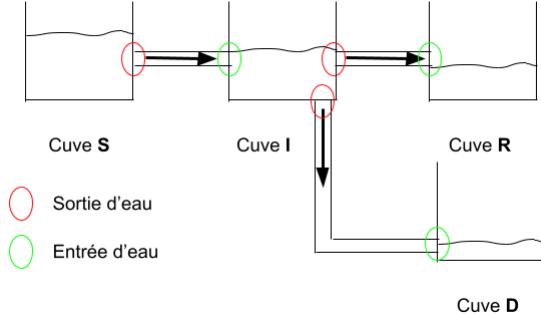


Figure 3: Entrée et sortie d'eau des cuves

- Si la cuve **I** diminue d'une unité, alors la cuve **R** (resp. la cuve **D**) doit forcément se remplir d'une unité. (2) resp. (3)

À noter que la cuve **S** ne peut pas se remplir et les cuves **R** et **D** ne peuvent que se vider, on conserve donc les propriétés du modèle déterministes données plus haut.

Ce qui fait les transitions d'état possibles suivantes :

- $(s, i, r) \rightarrow (s - 1, i + 1, r)$, (1)
- $(s, i, r) \rightarrow (s, i - 1, r + 1)$, (2)
- $(s, i, r) \rightarrow (s, i - 1, r)$, (3), sous entendu $(s, i - 1, r, d + 1)$
- $(s, i, r) \rightarrow (s, i, r)$ (lorsqu'il ne se passe rien)

2.1.4 Probabilité de transition d'état

Si on note $\mathbf{X}_t = \{S(t), I(t), R(t)\}$, le vecteur d'état du système, et l'état du système $\mathbf{E}_t = (s, i, r)$ au temps t , alors la fonction qui associe une probabilité à chaque changement d'état possible entre t et $t + \Delta t$ est donnée par :

$$p_{(\mathbf{E}_t, \mathbf{E}_{\Delta t})}(\Delta t) = \mathbb{P}(\mathbf{X}_{\Delta t} = \mathbf{E}_{\Delta t} | \mathbf{X}_t = \mathbf{E}_t) \quad (6)$$

avec $\mathbf{E}_{\Delta t} = (s + k, i + j, r + l)$, pour $(k, j, l) \in \{-1, 0, 1\}^3$.

Dans le modèle déterministe, on disait que le nombre de nouveau infectés pendant une courte période était le nombre de susceptibles \times le nombre d'infectés \times un taux de transmission.

Ici on observe un nouvel infecté dans le compartiment **I** et on veut connaître la probabilité qu'il soit atterri là, on sait par ce qui précède que son arrivée est le fruit d'une diminution d'une unité du compartiment **S**. (Transition d'état $(s, i, r) \rightarrow (s - 1, i + 1, r)$)

La probabilité qu'il y ait un infecté en plus dans le compartiment **I** correspond à la probabilité qu'un individu **S** rencontre un individu **I** pendant une courte

période de temps \times la probabilité que l'agent pathogène se soit transmis.

Le nombre de rencontres pendant Δt peut donc s'exprimer comme $si\Delta t$, et la probabilité de transmission par $\frac{\beta}{N}$, ce qui donne :

$$p_{(s-1,i+1,r)}(\Delta t) = \beta \frac{si}{N} \Delta t$$

Pour obtenir les probabilités de transition (2) et (3), il suffit de remarquer que la probabilité qu'un individu guérisse (respectivement décède) est le nombre d'infectés dans $\mathbf{I} \times$ le taux de guérisons γ (respectivement taux de mortalité ν) de la maladie.

$$p_{(s,i-1,r+1)}(\Delta t) = \gamma i \Delta t$$

$$p_{(s,i-1,r)}(\Delta t) = \nu i \Delta t$$

Finalement, la probabilité qu'il ne se passe rien est donnée par :

$$\begin{aligned} p_{(s,i,r)}(\Delta t) &= 1 - [p_{(s-1,i+1,r)}(\Delta t) + p_{(s,i-1,r+1)}(\Delta t) + p_{(s,i-1,r)}(\Delta t)] \\ p_{(s,i,r)}(\Delta t) &= 1 - \beta \frac{si}{N} \Delta t - (\gamma + \nu)i \Delta t \end{aligned}$$

Ainsi, la fonction $p_{(s+k,i+j,r+l),(s,i,r)}(\Delta t)$ peut s'écrire :

$$p_{(s+k,i+j,r+l),(s,i,r)}(\Delta t) = \begin{cases} \beta \frac{si}{N} \Delta t, & \text{si } (k,j,l) = (-1,1,0) \\ \gamma i \Delta t, & \text{si } (k,j,l) = (0,-1,1) \\ \nu i \Delta t, & \text{si } (k,j,l) = (0,-1,0) \\ 1 - \beta \frac{si}{N} \Delta t - (\gamma + \nu)i \Delta t, & \text{si } (k,j,l) = (0,0,0) \\ 0 & \text{sinon} \end{cases} \quad (7)$$

Il faut s'assurer que Δt est suffisamment petit pour que :

$$\max_{(s,i,r) \in \{0,\dots,N\}^3} \{|1 - [\beta \frac{si}{N} \Delta t + (\gamma + \nu)i \Delta t]| \} \leq 1 \quad (8)$$

ceci permettant que l'on manipule bien des probabilités.

2.1.5 Simulation numérique DTMC

Dans la partie précédente, on a vu qu'il y avait 4 changements d'états possibles pour le système, à ces changements d'états sont attribués des probabilités p_1 , p_2 , p_3 et p_4 :

$$\begin{aligned} p_1(s, i) &= \beta \frac{si}{N} \Delta t \\ p_2(s, i) &= \gamma i \Delta t \\ p_3(s, i) &= \nu i \Delta t \\ p_4(s, i) &= 1 - (p_1 + p_2 + p_3)(s, i) \end{aligned}$$

Les transitions d'état possibles sont dans $\mathcal{S} = \{1, 2, 3, 4\}$, notons $Y_{(s,i,r)}$ la variable aléatoire à valeur dans \mathcal{S} , la réalisation de $Y_{(s,i,r)}$ est conditionnée par les probabilités p_1, p_2, p_3 et p_4 .

On souhaite obtenir une réalisation de Y à chaque étape de notre simulation, on utilise alors la méthode de la transformée inverse : on génère un nombre $u \sim \mathcal{U}[0, 1]$ et on applique la méthode :

$$Y = \begin{cases} 1, & \text{si } 0 < u \leq p_1 \\ 2, & \text{si } p_1 < u \leq p_1 + p_2 \\ 3, & \text{si } p_1 + p_2 < u \leq p_1 + p_2 + p_3 \\ 4, & \text{si } p_1 + p_2 + p_3 < u \leq 1 \end{cases} \quad (9)$$

On peut donc à chaque itération Δt , tirer la transition que va faire la solution $X_{t+\Delta t}$.

L'algorithme pour la simulation est donc le suivant :

1. Initialiser les paramètres β, γ et ν du modèle, la population totale N , le temps de simulation T et le pas de temps Δt , on note $n = \frac{T}{\Delta t}$ le nombre d'itérations.
2. Créer une matrice M de taille $n \times 4$, avec en colonne la valeur des compartiments et en ligne le nombre d'itérations (le temps).
 - (a) Initialiser la matrice M avec des 0
 - (b) Initialiser le vecteur $X_0 = (S_0, I_0, R_0, D_0)$, en sachant que l'on a $R_0 = D_0 = 0$, $S_0 = N - I_0$
 - (c) La première ligne de la matrice correspond au temps $t = 0$, initialiser $M(0, :) = X_0$
3. Pour $i = 1$ à $i = n - 1$
 - (a) calculer p_1, p_2, p_3 et p_4
 - (b) générer $u \in \mathcal{U}[0, 1]$
 - (c) générer une réalisation de Y grâce à u
 - i. Si $Y = 1$, mise à jour de $X_{i+1} = (S_i - 1, I_i + 1, R_i, D_i)$.
 - ii. Si $Y = 2$, mise à jour de $X_{i+1} = (S_i, I_i - 1, R_i + 1, D_i)$.
 - iii. Si $Y = 3$, mise à jour de $X_{i+1} = (S_i, I_i - 1, R_i, D_i + 1)$.
 - iv. Si $Y = 4$, mise à jour de $X_{i+1} = (S_i, I_i, R_i, D_i)$.
 - (d) Mise à jour de $M(i+1, :) = X_{i+1}$
 - (e) $i \leftarrow i + 1$

Après implémentation de cet algorithme sous Python 3.8.5, on obtient le graphe suivant pour le compartiment **I** du modèle :

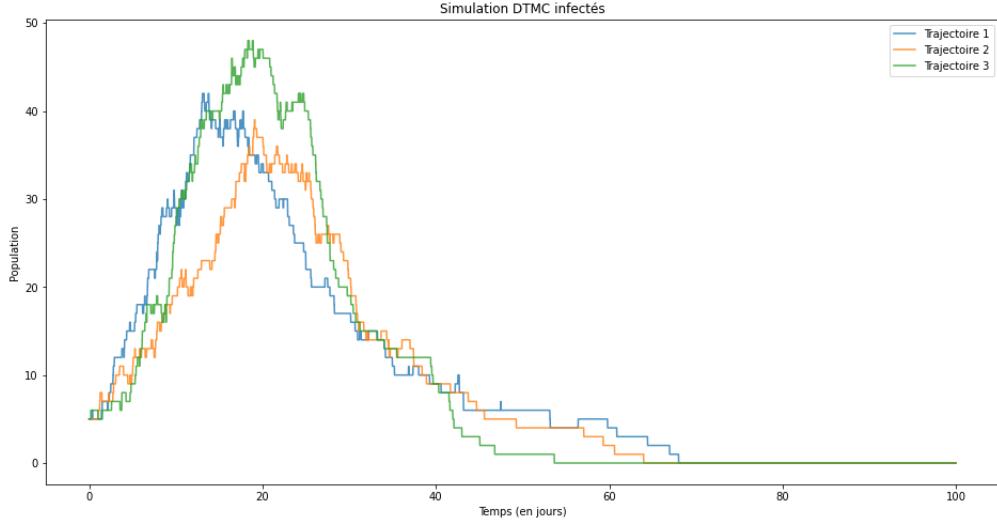


Figure 4: Simulation DTMC, $N = 100$, $I_0 = 5$, $\beta = 0.3$, $\gamma = \frac{1}{10}$, $\nu = 0.001$ et $\Delta t = 0.01$

La possibilité de réaliser cette simulation est intégrée au module Python Coveille, on pourra dès lors modifier comme on le souhaite les paramètres de la simulation.

2.2 SIRD - Chaîne de Markov en Temps Continu (CTMC)

On suppose dans cette partie, que $t \in T = \mathbb{R}^+$, et non plus $t \in \{0, \Delta t, 2\Delta t, \dots\}$, ceci implique que le système ne change pas d'état tous les Δt , mais peut rester dans son état actuel, disons l'état \mathbf{E}_n pendant une période T_n .

Reprenons la notation $\mathbf{X}_t = (S(t), I(t), R(t))$, le processus \mathbf{X}_t respecte toujours la propriété de Markov :

$$\mathbb{P}(\mathbf{X}_t = \mathbf{E}_t | \mathbf{X}_s = \mathbf{E}_s, \mathbf{X}_{t_k} = \mathbf{E}_k, 0 \leq k \leq n) = \mathbb{P}(\mathbf{X}_t = \mathbf{E}_t | \mathbf{X}_s = \mathbf{E}_s)$$

pour tous $0 \leq t_0 < t_1 < \dots < t_n < s < t$ et $\mathbf{E}_0, \dots, \mathbf{E}_{n-1}, \mathbf{E}_n, \mathbf{E}_s, \mathbf{E}_t \in \{0, 1, 2, \dots, N\}^3$.

La probabilité de transition de l'état \mathbf{E}_s vers l'état \mathbf{E}_t s'écrit, par analogie au cas discret :

$$p_{(\mathbf{E}_t, \mathbf{E}_s)}(t-s) = \mathbb{P}(\mathbf{X}_t = \mathbf{E}_t | \mathbf{X}_s = \mathbf{E}_s)$$

Comme le processus est homogène, cette probabilité de transition ne dépend pas de s mais uniquement du temps $\Delta t = t - s$ passé dans l'état \mathbf{E}_s , ainsi :

$$p_{(\mathbf{E}_t, \mathbf{E}_s)}(t-s) = \mathbb{P}(\mathbf{X}_t = \mathbf{E}_t | \mathbf{X}_0 = \mathbf{E}_0) = p_{(\mathbf{E}_t, \mathbf{E}_s)}(\Delta t)$$

On peut alors montrer que le temps passé dans l'état \mathbf{E}_s suit une loi exponentielle.

2.2.1 Construction de la matrice génératrice

On suppose que pour $\Delta t = 0$, il n'y a pas de transition d'état, $p_{(\mathbf{E}_t, \mathbf{E}_s)}(\Delta t = 0) = 0$, on suppose que si le système est dans un certain état, alors pendant $\Delta t = 0$, il reste dans cette état avec une probabilité de 1, $p_{(\mathbf{E}_s, \mathbf{E}_s)}(\Delta t = 0) = 1$.

On cherche à connaître la variation de la probabilité de transition pendant une courte période Δt autour de $\Delta t = 0^+$ pour deux états distincts (on veut connaître l'état du système dans un futur proche). Ceci revient à calculer :

$$\lim_{\Delta t \rightarrow 0^+} \frac{p_{(\mathbf{E}_t, \mathbf{E}_s)}(\Delta t) - p_{(\mathbf{E}_t, \mathbf{E}_s)}(0)}{\Delta t} = \lim_{\Delta t \rightarrow 0^+} \frac{p_{(\mathbf{E}_t, \mathbf{E}_s)}(\Delta t)}{\Delta t} = q_{(\mathbf{E}_t, \mathbf{E}_s)}$$

Soit donc avec les notations pour le modèle SIRD :

$$q_{(s+k, i+j, r+l), (s, i, r)} = \lim_{\Delta t \rightarrow 0^+} \frac{p_{(s+k, i+j, r+l), (s, i, r)}(\Delta t)}{\Delta t}$$

Le coefficient $q_{(\mathbf{E}_t, \mathbf{E}_s)}$ quantifie la vitesse de transition de l'état \mathbf{E}_t à l'état \mathbf{E}_s .

On rappelle les changements d'états possibles du modèle SIRD sont :

- $(s, i, r) \rightarrow_{\Delta t} (s - 1, i + 1, r)$
- $(s, i, r) \rightarrow_{\Delta t} (s, i - 1, r + 1)$
- $(s, i, r) \rightarrow_{\Delta t} (s, i - 1, r)$
- $(s, i, r) \rightarrow_{\Delta t} (s, i, r)$

Notons $U = \{(-1, 1, 0), (0, -1, 1), (0, -1, 0), (0, 0, 0)\}$ l'ensemble des changements d'états possibles du système, on sait que la probabilité totale de transition dans tous les états possibles vaut 1, ce que l'on peut noter par:

$$\sum_{(k, j, l) \in U} p_{(s+k, i+j, r+l), (s, i, r)}(\Delta t) = 1$$

La probabilité de rester dans le même état pendant Δt est donnée par :

$$1 - p_{(s, i, r), (s, i, r)}(\Delta t) = \sum_{(k, j, l) \in U \setminus (0, 0, 0)} p_{(s+k, i+j, r+l), (s, i, r)}(\Delta t)$$

Ainsi,

$$\begin{aligned} q_{(s, i, r), (s, i, r)} &= \lim_{\Delta t \rightarrow 0^+} \frac{p_{(s, i, r), (s, i, r)}(\Delta t) - p_{(s, i, r), (s, i, r)}(0)}{\Delta t} \\ &= \lim_{\Delta t \rightarrow 0^+} \frac{p_{(s, i, r), (s, i, r)}(\Delta t) - 1}{\Delta t} \\ &= \lim_{\Delta t \rightarrow 0^+} \frac{- \sum_{(k, j, l) \in U \setminus (0, 0, 0)} p_{(s+k, i+j, r+l), (s, i, r)}(\Delta t)}{\Delta t} \end{aligned}$$

On peut exprimer ces limites avec la notation $o(\Delta t)$:

$$\begin{cases} p_{(s+k,i+j,r+l),(s,i,r)}(\Delta t) = q_{(s+k,i+j,r+l),(s,i,r)} \Delta t + o(\Delta), & \text{si } (k,j,l) \in U \setminus (0,0,0) \\ p_{(s,i,r),(s,i,r)}(\Delta t) - 1 = q_{(s,i,r),(s,i,r)} \Delta t + o(\Delta), & \text{si } (k,j,l) = (0,0,0) \end{cases} \quad (10)$$

On se souvient que le temps passé dans le même état suit une loi exponentielle, de moyenne $\lambda_{(s,i,r)}$, le temps passé dans cet état est donné par le coefficient $-q_{(s,i,r),(s,i,r)}$, ainsi, $\lambda_{(s,i,r)} = \frac{-1}{q_{(s,i,r),(s,i,r)}}$.

Par ailleurs la probabilité de transition d'un état (s, i, r) à un état $(s+k, i+j, r+l)$ pendant Δt peut être exprimé par :

$$\frac{q_{(s+k,i+j,r+l)}}{\sum_{(k,j,l) \in U \setminus (0,0,0)} q_{(s+k,i+j,r+l),(s,i,r)}} \quad (11)$$

Il en résulte que pour le modèle SIRD CTMC, la fonction de transition est donnée par :

$$p_{(s+k,i+j,r+l),(s,i,r)}(\Delta t) = \begin{cases} \beta \frac{si}{N} \Delta t + o(\Delta t), & \text{si } (k,j,l) = (-1, 1, 0) \\ \gamma i \Delta t + o(\Delta t), & \text{si } (k,j,l) = (0, -1, 1) \\ \nu i \Delta t + o(\Delta t), & \text{si } (k,j,l) = (0, -1, 0) \\ 1 - \beta \frac{si}{N} \Delta t - (\gamma + \nu) i \Delta t + o(\Delta t), & \text{si } (k,j,l) = (0, 0, 0) \\ o(\Delta t) & \text{sinon} \end{cases} \quad (12)$$

On peut dès lors calculer les probabilités de transitions infinitésimales :

- Transition $(s, i, r) \rightarrow_{\Delta t} (s-1, i+1, r)$:

$$\frac{q_{(s-1,i+1,r),(s,i,r)}}{\sum_{(k,j,l) \in U \setminus (0,0,0)} q_{(s+k,i+j,r+l),(s,i,r)}} = \frac{\beta \frac{si}{N}}{\gamma i + \nu i + \beta \frac{si}{N}}$$

- Transition $(s, i, r) \rightarrow_{\Delta t} (s, i-1, r+1)$:

$$\frac{q_{(s,i-1,r+1),(s,i,r)}}{\sum_{(k,j,l) \in U \setminus (0,0,0)} q_{(s+k,i+j,r+l),(s,i,r)}} = \frac{\gamma i}{\gamma i + \nu i + \beta \frac{si}{N}}$$

- Transition $(s, i, r) \rightarrow_{\Delta t} (s-1, i, r)$:

$$\frac{q_{(s,i-1,r),(s,i,r)}}{\sum_{(k,j,l) \in U \setminus (0,0,0)} q_{(s+k,i+j,r+l),(s,i,r)}} = \frac{\nu i}{\gamma i + \nu i + \beta \frac{si}{N}}$$

- Transition $(s, i, r) \rightarrow_{\Delta t} (s, i, r)$:

$$\frac{-1}{q_{(s,i,r),(s,i,r)}} = \frac{1}{\gamma i + \nu i + \beta \frac{si}{N}}$$

2.2.2 Simulation numérique CTMC

Pour simuler une loi exponentielle, on peut utiliser la méthode de la transformée inverse, la fonction de répartition de la loi exponentielle est :

$$F_X(x) = (1 - e^{-\lambda x}) \mathbb{1}_{\mathbb{R}^+}(x)$$

Pour obtenir un tirage de la loi exponentielle il suffit de tirer dans $\mathcal{U}[0, 1]$, puis de calculer $\frac{-1}{\lambda} \ln(1 - U)$.

L'algorithme pour la simulation CTMC reprend sensiblement celui pour DTMC, en y ajoutant le temps d'attente dans un état qui n'est pas fixe mais qui suit une loi exponentielle.

1. Initialiser les paramètres β , γ et ν du modèle, la population totale N , le temps de simulation T .
2. Créer une matrice M de taille $2N \times 4$, avec en colonne la valeur des compartiments et en ligne le nombre d'itérations (le temps). Créer un vecteur t de zéros de taille $2N$
 - (a) Initialiser la matrice M avec des 0
 - (b) Initialiser le vecteur $X_0 = (S_0, I_0, R_0, D_0)$, en sachant que l'on a $R_0 = D_0 = 0$, $S_0 = N - I_0$
 - (c) La première ligne de la matrice correspond au temps $t = 0$, initialiser $M(0, :) = X_0$
3. Tant que $M(i, 1) > 0$ et que $t(i) < T$:
 - (a) calculer $p_1 = \frac{\beta \frac{s_i}{N}}{\gamma i + \nu i + \beta \frac{s_i}{N}}$, $p_2 = \frac{\gamma i}{\gamma i + \nu i + \beta \frac{s_i}{N}}$, $p_3 = \frac{\nu i}{\gamma i + \nu i + \beta \frac{s_i}{N}}$.
 - (b) générer $u_1, u_2 \in \mathcal{U}[0, 1]$
 - (c) générer une réalisation de Y grâce à u
 - i. Si $0 < u_1 \leq p_1$, mise à jour de $X_{i+1} = (S_i - 1, I_i + 1, R_i, D_i)$.
 - ii. Si $p_1 < u_1 \leq p_1 + p_2$, mise à jour de $X_{i+1} = (S_i, I_i - 1, R_i + 1, D_i)$.
 - iii. Si $p_1 + p_2 < u_1 \leq p_1 + p_2 + p_3$, mise à jour de $X_{i+1} = (S_i, I_i - 1, R_i, D_i + 1)$.
 - (d) Mise à jour de $M(i + 1, :) = X_{i+1}$
 - (e) Mise à jour du temps avant la prochaine transition d'état $t(i + 1) = t(i) - \frac{1}{\gamma i + \nu i + \beta \frac{s_i}{N}} \ln(1 - u_2)$
 - (f) $i \leftarrow i + 1$

Après implémentation de cet algorithme sous Python 3.8.5, on obtient le graphe suivant pour le compartiment **I** du modèle :

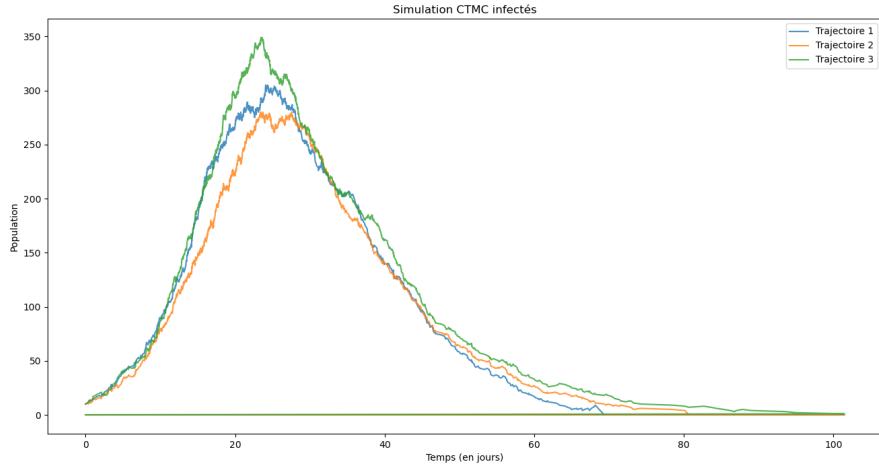


Figure 5: Simulation CTMC, $N = 1000$, $I_0 = 10$, $\beta = 0.3$, $\gamma = \frac{1}{10}$, $\nu = 0.001$, et $T = 100$

2.3 SIRD - Équations différentielles stochastiques

Dans cette partie, on considère que les variables $S(t)$, $I(t)$, $R(t)$ et $D(t)$ sont des variables aléatoires **continues** à valeurs dans $[0, N]$. Le temps est lui aussi continue, $t \in \mathbb{R}^+$.

La différence entre le modèle CTMC et la description du modèle par des équations différentielles stochastiques est le fait que dans le premier modèle, les changements d'états sont incrémentaux $(-1, 0, +1)$ dans les compartiments, alors que dans le dernier, les changements d'états sont continus.

Dans cette partie, nous allons voir comment passer du premier modèle au deuxième, tout comme nous sommes passé du modèle DTMC au modèle CTMC en ajoutant une hypothèse de continuité sur les variables du système.

Reprendons la fonction de transition du modèle CTMC :

$$p_{(s+k, i+j, r+l), (s, i, r)}(\Delta t) = \begin{cases} \beta \frac{s_i}{N} \Delta t + o(\Delta t), & \text{si } (k, j, l) = (-1, 1, 0) \\ \gamma i \Delta t + o(\Delta t), & \text{si } (k, j, l) = (0, -1, 1) \\ \nu i \Delta t + o(\Delta t), & \text{si } (k, j, l) = (0, -1, 0) \\ 1 - \beta \frac{s_i}{N} \Delta t - (\gamma + \nu) i \Delta t + o(\Delta t), & \text{si } (k, j, l) = (0, 0, 0) \\ o(\Delta t) & \text{sinon} \end{cases}$$

On peut écrire le changement de l'état du système par la variation $\Delta \mathbf{X} = \mathbf{X}(t + \Delta t) - \mathbf{X}(t)$, la fonction de transition p renseigne alors sur la probabilité que tel ou tel changement intervienne. Dans cette partie, on fait l'hypothèse

que $\Delta \mathbf{X} \sim \mathcal{M}(\mu, \Sigma^2)$, où \mathcal{M} désigne une loi multinormal, μ son espérance et Σ^2 sa matrice de variance-covariance.

2.3.1 Espérance et Variance-Covariance de $\Delta \mathbf{X}$.

À partir de la fonction de transition (12) pour le modèle CTMC, il est simple de calculer l'espérance de $\Delta \mathbf{X}$, il suffit de se référer à la formule de l'espérance dans le cas d'une variable aléatoire discrète :

$$\mathbb{E}(\Delta \mathbf{X}) = (\mathbb{E}(\Delta S), \mathbb{E}(\Delta I), \mathbb{E}(\Delta R))$$

Pour $\mathbb{E}(\Delta S)$,

$$\begin{aligned}\mathbb{E}(\Delta S) &= \sum_{(k,j,l) \in U} kp_{(s+k,i+j,r+l)}(\Delta t) \\ &= (-1) \times \beta \frac{si}{N} \Delta t + o(\Delta t) + (0) \times \gamma i \Delta t + o(\Delta t) \\ &\quad + (0) \times \nu i \Delta t + o(\Delta t) + (0) \times (1 - \beta \frac{si}{N} \Delta t - (\gamma + \nu) i \Delta t + o(\Delta t)) \\ &= -\beta \frac{si}{N} \Delta t + o(\Delta t)\end{aligned}$$

Pour $\mathbb{E}(\Delta I)$,

$$\begin{aligned}\mathbb{E}(\Delta I) &= \sum_{(k,j,l) \in U} jp_{(s+k,i+j,r+l)}(\Delta t) \\ &= (+1) \times \beta \frac{si}{N} \Delta t + o(\Delta t) + (-1) \times \gamma i \Delta t + o(\Delta t) \\ &\quad + (-1) \times \nu i \Delta t + o(\Delta t) + (0) \times (1 - \beta \frac{si}{N} \Delta t - (\gamma + \nu) i \Delta t + o(\Delta t)) \\ &= \beta \frac{si}{N} \Delta t - (\gamma + \nu) i \Delta t + o(\Delta t)\end{aligned}$$

Pour $\mathbb{E}(\Delta R)$,

$$\begin{aligned}\mathbb{E}(\Delta R) &= \sum_{(k,j,l) \in U} rp_{(s+k,i+j,r+l)}(\Delta t) \\ &= (0) \times \beta \frac{si}{N} \Delta t + o(\Delta t) + (1) \times \gamma i \Delta t + o(\Delta t) \\ &\quad + (0) \times \nu i \Delta t + o(\Delta t) + (0) \times (1 - \beta \frac{si}{N} \Delta t - (\gamma + \nu) i \Delta t + o(\Delta t)) \\ &= \gamma i \Delta t + o(\Delta t)\end{aligned}$$

En résumé,

$$\begin{aligned}\mathbb{E}(\Delta \mathbf{X}) &= \begin{pmatrix} -\beta \frac{si}{N} \Delta t + o(\Delta t) \\ \beta \frac{si}{N} \Delta t - (\gamma + \nu) i \Delta t + o(\Delta t) \\ \gamma i \Delta t + o(\Delta t) \end{pmatrix} \\ &= \begin{pmatrix} -\beta \frac{si}{N} \\ \beta \frac{si}{N} - (\gamma + \nu) i \\ \gamma i \end{pmatrix} \Delta t + \mathbf{o}(\Delta t) = \mu(\mathbf{X}(t))\end{aligned}$$

On s'attaque maintenant à la matrice de variance-covariance de $\Delta \mathbf{X}$ donnée par

$$\Sigma^2 = \mathbb{E}(\Delta \mathbf{X} \Delta \mathbf{X}^T) - \mathbb{E}(\Delta \mathbf{X}) \mathbb{E}(\Delta \mathbf{X})^T$$

Pour le terme de droite $\mathbb{E}(\Delta \mathbf{X}) \mathbb{E}(\Delta \mathbf{X})^T$, la matrice est en $o([\Delta t]^2)$ on peut donc la négliger et garder seulement le terme de gauche qui est en $o(\Delta t)$, il suit :

$$\Sigma^2 \approx \mathbb{E}(\Delta \mathbf{X} \Delta \mathbf{X}^T)$$

Les changements possibles de ΔX sont dans $U = \{(-1, 1, 0), (0, -1, 1), (0, -1, 0), (0, 0, 0)\}$,

- Pour le changement $(-1, 1, 0)$

$$\Delta \mathbf{X} \Delta \mathbf{X}^T = \begin{pmatrix} -1 \\ 1 \\ 0 \end{pmatrix} (-1 \ 1 \ 0) = \begin{pmatrix} 1 & -1 & 0 \\ -1 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}$$

- Pour le changement $(0, -1, 1)$

$$\Delta \mathbf{X} \Delta \mathbf{X}^T = \begin{pmatrix} 0 \\ -1 \\ 1 \end{pmatrix} (0 \ -1 \ 1) = \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & -1 \\ 0 & -1 & 1 \end{pmatrix}$$

- Pour le changement $(0, -1, 0)$

$$\Delta \mathbf{X} \Delta \mathbf{X}^T = \begin{pmatrix} 0 \\ -1 \\ 0 \end{pmatrix} (0 \ -1 \ 0) = \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}$$

- Pour le changement $(0, 0, 0)$

$$\Delta \mathbf{X} \Delta \mathbf{X}^T = \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}$$

Donc,

$$\begin{aligned} \mathbb{E}(\Delta \mathbf{X} \Delta \mathbf{X}^T) &= (\beta \frac{si}{N} \Delta t + o(\Delta t)) \begin{pmatrix} 1 & -1 & 0 \\ -1 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} \\ &\quad + (\gamma i \Delta t + o(\Delta t)) \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & -1 \\ 0 & -1 & 1 \end{pmatrix} \\ &\quad + (\nu i \Delta t + o(\Delta t)) \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} \\ &= \begin{pmatrix} \beta \frac{si}{N} + & -\beta \frac{si}{N} + & 0 \\ -\beta \frac{si}{N} + & \beta \frac{si}{N} + \gamma i + \nu i + & -\gamma i + \\ 0 & -\gamma i + & \gamma i + \end{pmatrix} \Delta t \approx \Sigma^2(\mathbf{X}(t)) \end{aligned}$$

2.3.2 Mise sous la forme d'équation différentielle stochastique

On dispose maintenant de $\Delta \mathbf{X} \sim \mathcal{M}(\mu, \Sigma^2)$, en utilisant le fait que $\mathbf{X}(t + \Delta t) = \mathbf{X}(t) + \Delta \mathbf{X}$,

$$\mathbf{X}(t + \Delta t) = \mathbf{X}(t) + \mu(\mathbf{X}(t)) + \Sigma(\mathbf{X}(t))\eta\sqrt{\Delta t}$$

où $\eta \sim \mathcal{M}(0, dtI_4)$. On reconnaît ici l'équation différentielle stochastique quand $\Delta t \rightarrow 0$,

$$d\mathbf{X}(t) = \mu(\mathbf{X}(t))dt + \sigma(\mathbf{X}(t))dB(t) \quad (13)$$

où $dB(t) = B(t + \Delta t) - B(t) \sim \mathcal{M}(0, I_4)$ est un mouvement Brownien multidimensionnel.

2.3.3 Simulation numérique EDS

Pour intégrer l'équation différentielle stochastique (13), on utilise le schéma d'Euler-Maruyama,

On considère un maillage composé de N points \mathbf{x}_i pour $i = 0, \dots, N - 1$ régulièrement espacés avec un pas Δt tel que $t_i = i\Delta t$, on va noter \mathbf{X}_i le processus aléatoire au temps t_i .

Le schéma d'Euler-Maruyama est donnée par :

$$\mathbf{X}_{i+1} = \mathbf{X}_i + \mu(\mathbf{X}_i, t_i) + V_i^{1/2} \eta\sqrt{\Delta t}, \quad i = 0, \dots, N \quad (14)$$

où V_i est la matrice de covariance Σ^2 calculée plus haut et $\eta_j \sim \mathcal{N}(0, 1)$, $j = 1, 2, 3$.

L'algorithme pour la simulation est donc le suivant :

1. Initialiser les paramètres β , γ et ν du modèle, la population totale N , le temps de simulation T et le pas de temps Δt , on note $n = \frac{T}{\Delta t}$ le nombre d'itérations.
2. Créer une matrice M de taille $n \times 4$, avec en colonne la valeur des compartiments et en ligne le nombre d'itérations (le temps).
 - (a) Initialiser la matrice M avec des 0
 - (b) Initialiser le vecteur $X_0 = (S_0, I_0, R_0, D_0)$, en sachant que l'on a $R_0 = D_0 = 0$, $S_0 = N - I_0$
 - (c) La première ligne de la matrice correspond au temps $t = 0$, initialiser $M(0, :) = X_0$
3. Pour $i = 1$ à $i = n - 1$
 - (a) Générer trois tirages indépendants sur une loi normale η_1, η_2, η_3
 - (b) Calculer $\sigma^2(M[i, 0 : 2])$ et $\mu(M[i, 0 : 2])$.
 - (c) Calculer $\sigma = \sqrt{\sigma^2}$,
 - (d) Mettre à jour $M[i + 1, 0 : 2] = M[i, 0 : 2] + \mu(M[i, 0 : 2]) + \sigma(M[i, 0 : 2])\eta\sqrt{\Delta t}$

- (e) Mettre à jour le dernier compartiment, $M[i+1, 3] = N - M[i+1, 1] - M[i+1, 2] - M[i+1, 3]$

Après implémentation de cet algorithme sous Python 3.8.5, on obtient les résultats suivant pour le compartiment **I** du modèle :

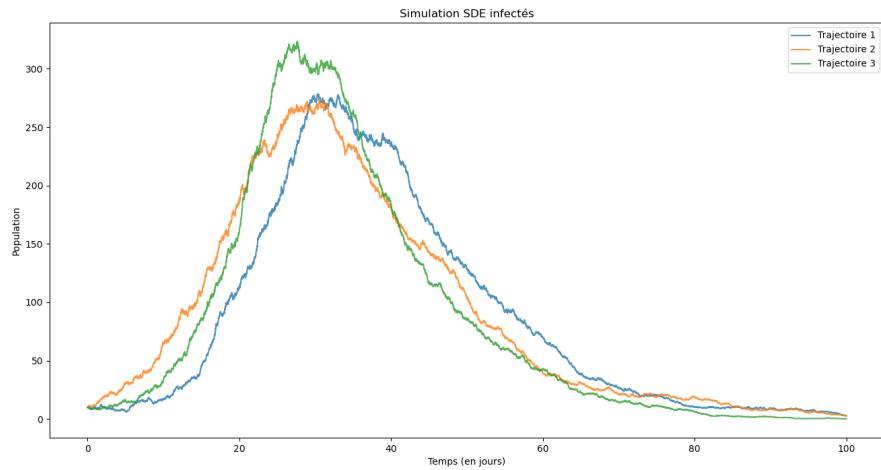


Figure 6: Simulation SDE, $N = 1000$, $I_0 = 10$, $\beta = 0.3$, $\gamma = \frac{1}{10}$, $\nu = 0.001$, et $T = 100$ et $\Delta = 0.01$

2.3.4 Calcul de la racine carré d'une matrice

Dans la modélisation, on doit faire le calcul $\sqrt{\Sigma^2}$, il s'agit ici de bien définir de quoi l'on parle lorsque l'on calcul la racine carré d'une matrice.

On peut naturellement définir la racine d'une matrice comme l'on pourrait le faire pour un réel de la manière suivante : soit une matrice $A \in \mathcal{M}_{n \times n}$, la racine de A , si elle existe, est une matrice $B \in \mathcal{M}_{n \times n}$ telle que $A = BB$, il est possible que cette matrice ne soit pas unique.

Dans notre cas, on travaille sur des matrices de variance-covariance, donc des matrices symétriques définies positives.

Proposition 1 Soit $A \in \mathcal{M}_{n \times n}$, symétrique définie positive (SDP), A admet une unique racine carré SDP.

Preuve. (Existence) Soit $A \in \mathcal{M}_{n \times n}$ une matrice SDP, par le théorème spectral, A est diagonalisable dans une base orthonormée formée de ses vecteurs propres, notons S la matrice de passage, et D la matrice diagonale formée des valeurs propres de A , que l'on note $\lambda_1, \dots, \lambda_n$, puisque A est définie positive, on a que $\lambda_1, \dots, \lambda_n > 0$

$$A = SDS^T$$

Posons maintenant $B = SD'S^T$, avec $D' = \text{diag}(\sqrt{\lambda_1}, \dots, \sqrt{\lambda_n})$, on remarque d'une part B est symétrique, car,

$$B^T = (SD'S^T)^T = (S^T)^T D' S^T = B$$

D'autre part, B est définie positive par construction car ses valeurs propres sont toutes positives $\sqrt{\lambda_1}, \dots, \sqrt{\lambda_n} > 0$.

Finalement,

$$B^2 = (SD'S^T)(SD'S^T) = SD'D'S^T = SDS^T = A$$

On admet l'hypothèse d'unicité.

Pour obtenir la racine carré de notre matrice Σ^2 , il suffit de la diagonaliser, en pratique, on utilisera les fonctions de la librairie Python `scipy.linalg.sqrtm` qui effectue une décomposition de Schur de la matrice (ce qui revient à diagonaliser une matrice SDP) et retourne la racine de la matrice. (Fonctions MATLAB, SCILAB, R : `sqrtm`)

3 Le nombre de reproduction de base \mathcal{R}_0

En épidémiologie et de manière générale dans les médias par exemple, il est courant de parler du \mathcal{R}_0 d'une maladie. Ce nombre, aussi appelé nombre de reproduction de base, permet de quantifier le degré de contagiosité de l'agent pathogène au sein d'une population donnée. Dans cette partie, nous allons définir ce nombre en nous appuyant sur les équations déterministes du modèle.

3.1 Définition

Le \mathcal{R}_0 est le nombre moyen de personnes qu'une personne contagieuse peut infecter. Ce taux s'applique, et se calcule à partir d'une population qui est entièrement susceptible d'être infectée, c'est-à-dire qui n'a pas encore été vaccinée ni immunisée contre un agent infectieux.

3.2 Calcul pratique du \mathcal{R}_0 à partir des paramètres du modèle SIRD

Le \mathcal{R}_0 est un seuil, on verra que :

- $\mathcal{R}_0 > 1$, mène à une épidémie.
- $\mathcal{R}_0 < 1$, l'épidémie "ne prend pas" (pas d'explosion des cas).

On cherche à connaître, étant donnée une population composée uniquement de susceptible, ce qu'il se passerait après l'introduction d'un infecté, à savoir, combien de personne cet infecté va infecter.

On peut réécrire les équations (2) en faisant spécifiquement apparaître ce qui rentre et ce qui sort des compartiments logeant les infectés, dans notre cas, il n'y a qu'un seul compartiment accueillant des infectés (le compartiment I), mais dans d'autres modèles, notamment dans les modèles SEIR, les infectés peuvent

être dans le compartiment E (exposed) et dans le compartiment I.

On note $\mathcal{F}_i(i, s, r, d)$ la vitesse d'apparition des nouveaux infectés en i , c'est à dire tout ce qui provient des autres compartiments menant à une infection. Dans notre cas,

$$\mathcal{F}_i(i, s, r, d) = \beta \frac{si}{N}$$

Ensuite, on note tout ce qui sort de ce compartiments et ce qui rentre de toute autre nature, (guérison, décès dans notre cas, infection à la naissance pour certaines maladies), $\mathcal{V}_i^+(i, s, r, d)$ ce qui entre, et $\mathcal{V}_i^-(i, s, r, d)$ ce qui sort. Dans notre cas,

$$\begin{aligned}\mathcal{V}_i^+(i, s, r, d) &= 0 \\ \mathcal{V}_i^-(i, s, r, d) &= \underbrace{\nu i}_{\text{décès}} + \underbrace{\gamma i}_{\text{guérisons}} = (\gamma + \nu)i\end{aligned}$$

Finalement, on observe la dynamique suivante dans le compartiment des infectés :

$$\frac{dI}{dt} = \mathcal{F}_i + \mathcal{V}_i^+ - \mathcal{V}_i^- \quad (15)$$

On veut s'intéresser au moment où il n'y a pas encore de maladie et étudier des variations d'infections autour de ce point, ce moment s'appelle le *DFE* (*Disease Free Equilibrium*), dans un modèle SIRD, cela correspond à l'état du système $x^* = (i = 0, s = s^*, r = r^*, d = d^*)$, (il suffit que qu'il n'y ait pas d'infectés). Autour de ce point on étudie les variations des fonctions $\mathcal{V}_i^+ - \mathcal{V}_i^-$, et \mathcal{F}_i .

$$\frac{\partial \mathcal{F}_i}{\partial i}(x^*) = \frac{\beta s}{N} \Big|_{x=x^*} = \frac{\beta s^*}{N}$$

et,

$$\frac{\partial(\mathcal{V}_i^+ - \mathcal{V}_i^-)}{\partial i}(x^*) = \frac{-\partial \mathcal{V}_i^-}{\partial i}(x^*) = -(\gamma + \nu) \Big|_{x=x^*} = -(\gamma + \nu)$$

En notant $F = \frac{\partial \mathcal{F}_i}{\partial i}$, et $V = \frac{\partial(\mathcal{V}_i^+ - \mathcal{V}_i^-)}{\partial i}$, le \mathcal{R}_0 est défini comme suit :

$$\mathcal{R}_0 = \rho(-FV^{-1}) \quad (16)$$

$\rho(-FV^{-1})$ désigne le rayon spectral de la matrice $-FV^{-1}$ (le maximum de ses valeurs propres), en pratique, dans notre cas, il n'y a qu'un seul compartiment accueillant les infectés donc nous sommes en dimension 1, ainsi,

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\frac{\beta s^*}{N}}{\gamma + \nu} = \frac{\beta s^*}{\gamma + \nu} \frac{1}{N} \quad (17)$$

où s^* désigne la population de susceptible initiale, si $s^* = N$, alors,

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta}{\gamma + \nu}$$

En résumé, si l'on introduit un individu infecté dans la population, le terme $-V^{-1}$ représente le temps moyen qu'il passe dans le compartiment des infectés et le terme F correspond à l'incidence qu'il génère dans ce compartiment, donc le terme $-FV^{-1}$ est le nombre d'infections générées dans le compartiment des infectés.

Théorème 1 Si $\mathcal{R}_0 > 1$, le point d'équilibre x^* est instable. Si $\mathcal{R}_0 < 1$, le point d'équilibre x^* est localement asymptotiquement stable

Ce théorème semble valide pour un modèle stochastique, car en moyenne les trajectoires correspondent à la solution probabiliste.

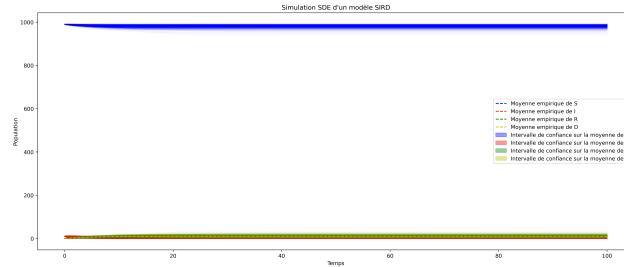


Figure 7: Simulation modèle SIRD, $\mathcal{R}_0 = 0.5$, $I_0 = 10$, $\beta = \gamma = \nu = 0.2$, $n_{trajectoires} = 1000$

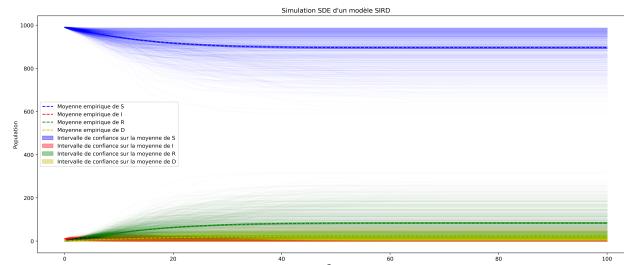


Figure 8: Simulation modèle SIRD, $\mathcal{R}_0 = 1$, $I_0 = 10$, $\beta = 0.5$, $\gamma = 0.4$, $\nu = 0.1$, $n_{trajectoires} = 1000$

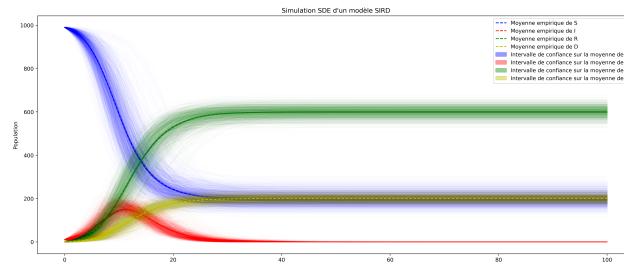


Figure 9: Simulation modèle SIRD, $\mathcal{R}_0 = 2$, $I_0 = 10$, $\beta = 0.8$, $\gamma = 0.3$, $\nu = 0.1$, $n_{trajectoires} = 1000$

3.3 Discussion sur le \mathcal{R}_0

Tel que calculé, le \mathcal{R}_0 nécessite de connaître entièrement les paramètres du modèle ainsi que ses conditions initiales, or en règle générale, les paramètres γ , β et ν sont estimés **après l'épidémie**, c'est pourquoi le \mathcal{R}_0 est en pratique très difficile à calculer en début d'épidémie.

En revanche, ce que l'on peut faire, c'est d'estimer un \mathcal{R}_t , (nombre de reproduction effectif), au fur et à mesure du développement de l'épidémie, le calcul est similaire au \mathcal{R}_0 sauf qu'au lieu de prendre $s^* = N$ en tant que population initiale, on prend la population susceptible restante s_t à l'instant t et on fait "comme si" il n'y avait pas encore d'infectés (on ignore les infectés déjà présents dans la population), on prend alors les valeurs des paramètres du modèles estimés au temps t , γ_t , β_t et ν_t et on tire :

$$\mathcal{R}_t = \frac{\beta_t s_t}{\gamma_t + \nu_t} \frac{1}{N} \quad (18)$$

Ainsi, lorsque l'on parle de \mathcal{R}_0 dans les médias, on fait très souvent référence à ce \mathcal{R}_t .

Voici un tableau répertoriant différents \mathcal{R}_0 calculés pour différentes maladies.

Maladie	Mode de transmission	\mathcal{R}_0
Rougeole	aérien	12-17
Coqueluche	aérien	12-17
Varicelle	aérien	10-12
Variole	contact	5-7
VIH/SIDA	contact(sang, sperme, sécrétions vaginales)	2-5

4 Épidémie de Covid-19

Dans cette partie, nous allons appliquer notre modèle SIRD au cas de l'épidémie de COVID-19 en France et dans le monde, afin d'en identifier les paramètres et tenter de faire des projections en fonction des données journalières de l'épidémie.

4.1 Définition et bref historique

La *Covid-19 (Coronavirus disease 2019)* est une maladie infectieuse affectant les hommes et certains animaux. Cette maladie est provoquée par le virus du SARS-CoV2 de la famille des coronavirus.

Le premier cas identifié était un homme de 55 ans dans la ville de Wuhan en Chine le 17 novembre 2019, le virus a été identifié par les autorités chinoises le 7 Janvier 2020. Le 22 Janvier 2020, la ville de Wuhan est placée en **confinement**. Le 11 mars 2020, l'OMS déclare que l'épidémie est mondiale, elle devient alors une pandémie.

En France, le premier foyer de l'épidémie est identifié dans l'Oise (60) avec 36 cas le 29 Février 2020. Face à l'augmentation exponentielle des cas, le président

de la République française, Emmanuel Macron, prononce une allocution à la télévision et annonce un confinement strict : déplacements limités à quelques km, écoles fermées, mise en place d'attestation dérogatoires de déplacements etc. Ce confinement sera levé le 10 mai 2020.

Même si le but de ce stage n'est pas spécifiquement d'évaluer l'impact des politiques sanitaires sur l'épidémie, il faudra bien entendu prendre en compte ces situations exceptionnelles de confinement dans la modélisation.

4.2 Données françaises disponibles

Pour alimenter le modèle SIRD, il nous faut connaître, au sein de la population, le nombre de susceptible, d'infectés, de guérison et de décès par jour. Le gouvernement français a mis en ligne publiquement un certain nombre de données concernant l'épidémie dont :

- Le nombre de nouveaux cas positifs journalier
- Le nombre de tests effectués journalier
- Le nombre de décès journalier, à l'hôpital
- Le nombre d'entrée/sorties à l'hôpital et en réanimation
- Le nombre de personnes vaccinées

Ces données sont disponibles sur le site gouvernementale data.gouv.fr en libre accès et sont classés (pour la plupart) par âge et par région/département (nombre de cas par jour, par âge et par département/région).

Un point notable sur ces données est que l'on ne connaît pas le nombre de personnes guéries de la maladie par jour, on donnera donc une estimation de ce chiffre sur la base de publications scientifiques concernant la maladie.

4.3 Retour sur les paramètres du modèle SIRD

Pour chacun des paramètres, il est important de spécifier à quoi ils se réfèrent, dans quels intervalles de valeurs se situent-ils ou encore comment ils peuvent varier au cours du temps, avant même de les estimer.

Tout d'abord, notons que ces paramètres sont tous des **taux**, (de transmission, de guérison, de létalité), il représente la division entre deux unités.

4.3.1 Taux de transmission β

Le taux de transmission représente le rapport du nombre total de personne en contact par le temps \times la probabilité d'être infecté. β contient deux informations que l'on pourrait isoler : la première étant une information intrinsèque à la population considérée : le nombre de contact au sein de la population française est différent de celui de la population chinoise à priori.

La deuxième information est intrinsèque à l'agent pathogène : quels sont les

mécanismes qu'il utilise, et à quel point sont-ils efficace pour infecter nos cellules et se reproduire ?

Ceci conduit à des estimations différentes du paramètre β en fonction des pays, pour un même agent pathogène, on verra à quel point ce taux diffère dans l'estimation des paramètres.

Par exemple, un taux de transmission $\beta = 0.3$ représente alors 30% de chance d'être infecté après un contact avec un infecté. Ce taux peut bien entendu varier dans le temps en fonction de divers phénomènes (saison, température, politique sanitaire). Le taux de transmission doit être compris entre 0 et 1.

4.3.2 Taux de guérison γ

Le taux de guérison représente l'inverse du temps passé dans un état infecté, si le temps moyen de guérison d'une maladie est de 15 jours, alors $\gamma = \frac{1}{15}$. On voit que γ pourrait être supérieur à 1 si on considérait une maladie dont on guérirait en moins d'une journée.

4.3.3 Taux de létalité ν

Le taux de létalité représente le nombre de mort parmi les infectés, un taux de létalité $\nu = 0.01$ signifie que la maladie tue en moyenne 1% des infectés.

4.4 Estimation des compartiments du modèle

À partir des données de Santé Publique France, on est capable de tracer les courbes de nouveaux cas confirmés journaliers, ainsi que des nouveaux décès. Ces données sont connues et facilement visualisables sur internet (par ex. via <https://covidtracker.fr/>). Étant donnée la trop grande fluctuation des données, nous allons les lisser en prenant la **moyenne mobile sur 7 jours**.

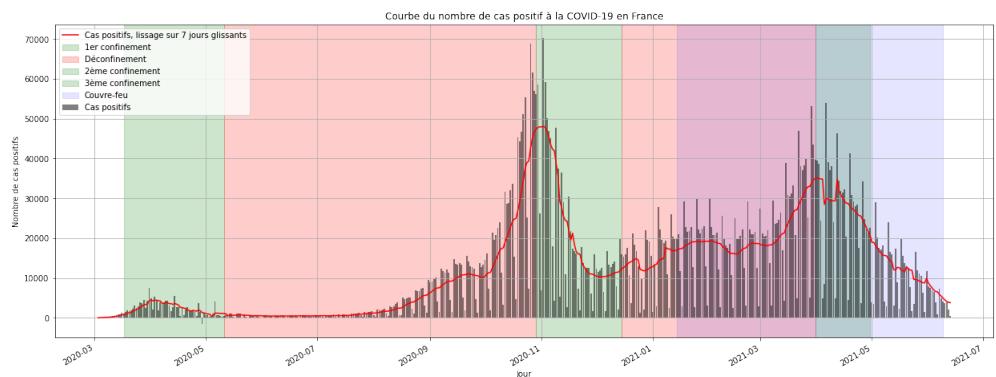


Figure 10: Nombre de nouveaux cas positifs en France (source : Santé Publique France)

Remarque. Le nombre de nouveaux cas positifs n'est pas égal au nombre de personnes dans le compartiment I à un instant t , étant donné que le com-

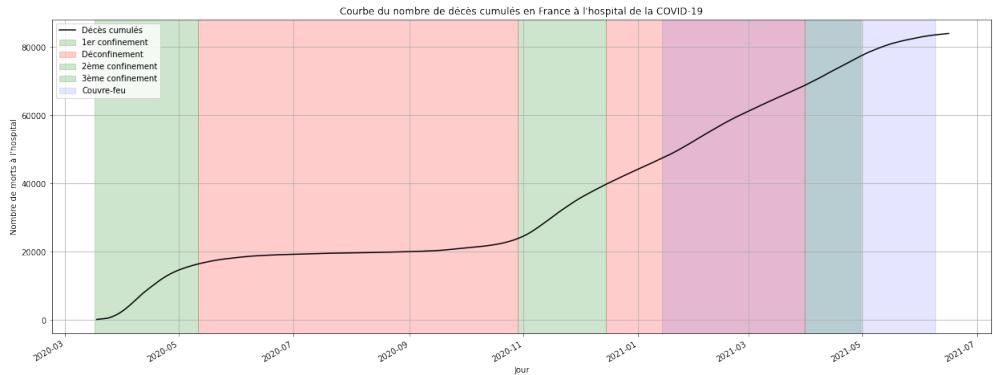


Figure 11: Nombre de décès cumulés en France (source : Santé Publique France)

partiment I décrit la quantité d'infectés, il faut prendre en compte les décès et les guéris dans le calcul.

4.4.1 Estimer les guéris

Les données de Santé Publique France ne renseignent pas sur le nombre de nouveaux guéris par jour, il faut dès lors faire une estimation de ce chiffre. Pour faire cette estimation, on part d'une hypothèse simple : "Ceux qui ont été infecté à l'instant t et ne sont pas morts à l'instant $t + \delta t$ sont guéris de la maladie.", reste à définir ce δt .

On pourrait fixer δt à 10 jours par exemple, ce qui reviendrait à fixer le taux de guérison du modèle, or ce temps de guérison est une moyenne parmi un grand nombre de patients et ne permet pas de représenter sa variabilité, tout dépend de ce que l'on veut faire, si l'on considère une population homogène il vaut mieux fixer le paramètre alors que si l'on veut représenter la dispersion du temps de guérison au sein de la population mieux vaut utiliser une variable aléatoire.

La variable aléatoire choisie est une gaussienne de moyenne $\mu = 14$ jours et de variance $\sigma^2 = 6$ jours. Ainsi, on a $\gamma \sim \mathcal{N}(14, 6)$ [ajouter source plus tard].

Une fois que l'on applique cette méthode de calcul au nombre de guéris on déduit facilement le nombre de susceptible avec la formule $S + I + R + D = N$.

4.4.2 Courbes SIRD estimées en France

Après estimations avec le temps de guérison gaussien et temps de guérison fixé, voici les résultats que l'on obtient pour les valeurs des compartiments SIRD en fonction du temps, il n'y pas de différence énorme, seulement que la courbe I pour taux de guérison fixe est un peu plus étalée dans le temps (on le voit sur les pics de vagues).

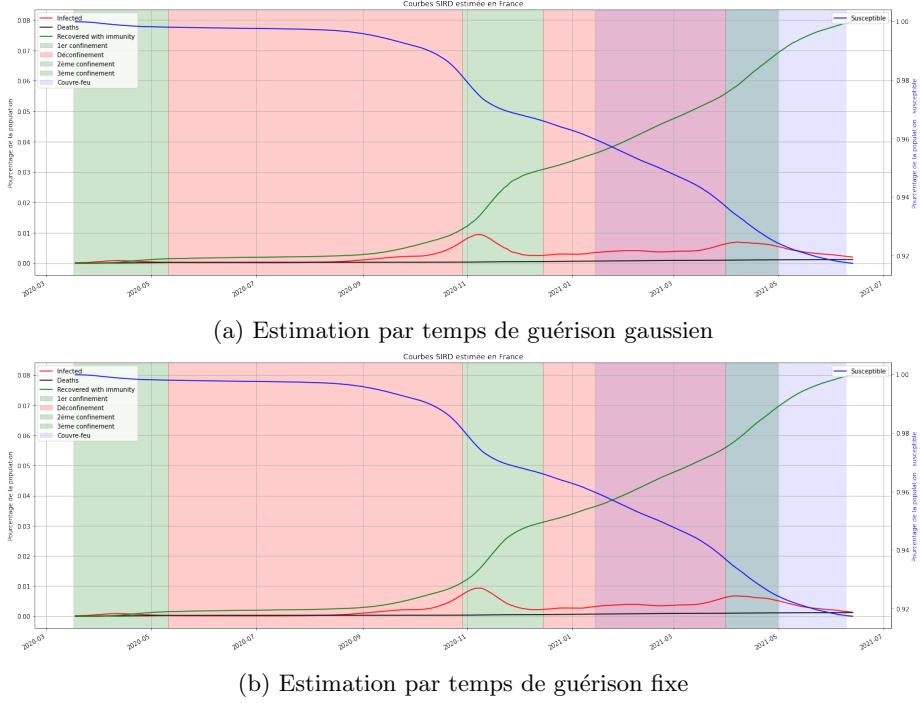


Figure 12: Courbes SIRD estimées en France

4.5 Estimation des paramètres (cas déterministe)

4.5.1 Méthode inverse

Supposons que nous disposons de la valeur des compartiments S , I , R et D à chaque instant t , alors pour connaître les valeurs de $\beta(t)$, $\gamma(t)$ et $\nu(t)$, il suffit d'inverser le système d'équations (2) au temps t , il suit,

$$\beta(t) = \frac{\dot{S}(t)}{S(t)I(t)} \quad (19)$$

$$\gamma(t) = \frac{\dot{R}(t)}{I(t)} \quad (20)$$

$$\nu(t) = \frac{\dot{D}(t)}{I(t)} \quad (21)$$

Pour faire l'approximation de la dérivée, on réalise un maillage en temps avec des noeuds équidistants : $t^n = n\Delta t$, $n = 0, \dots, N$ avec $\Delta t = 1$ jour, N le nombre d'échantillon de données.

On note X^n le compartiment X du modèle SIR au temps $t = n\Delta t$.

En appliquant une différence finie pour l'approximation de la dérivée d'ordre 1,

$$\frac{dX}{dt} \approx \frac{X^{n+1} - X^n}{\Delta t} = X^{n+1} - X^n, \text{ car } \Delta t = 1 \text{ jour}$$

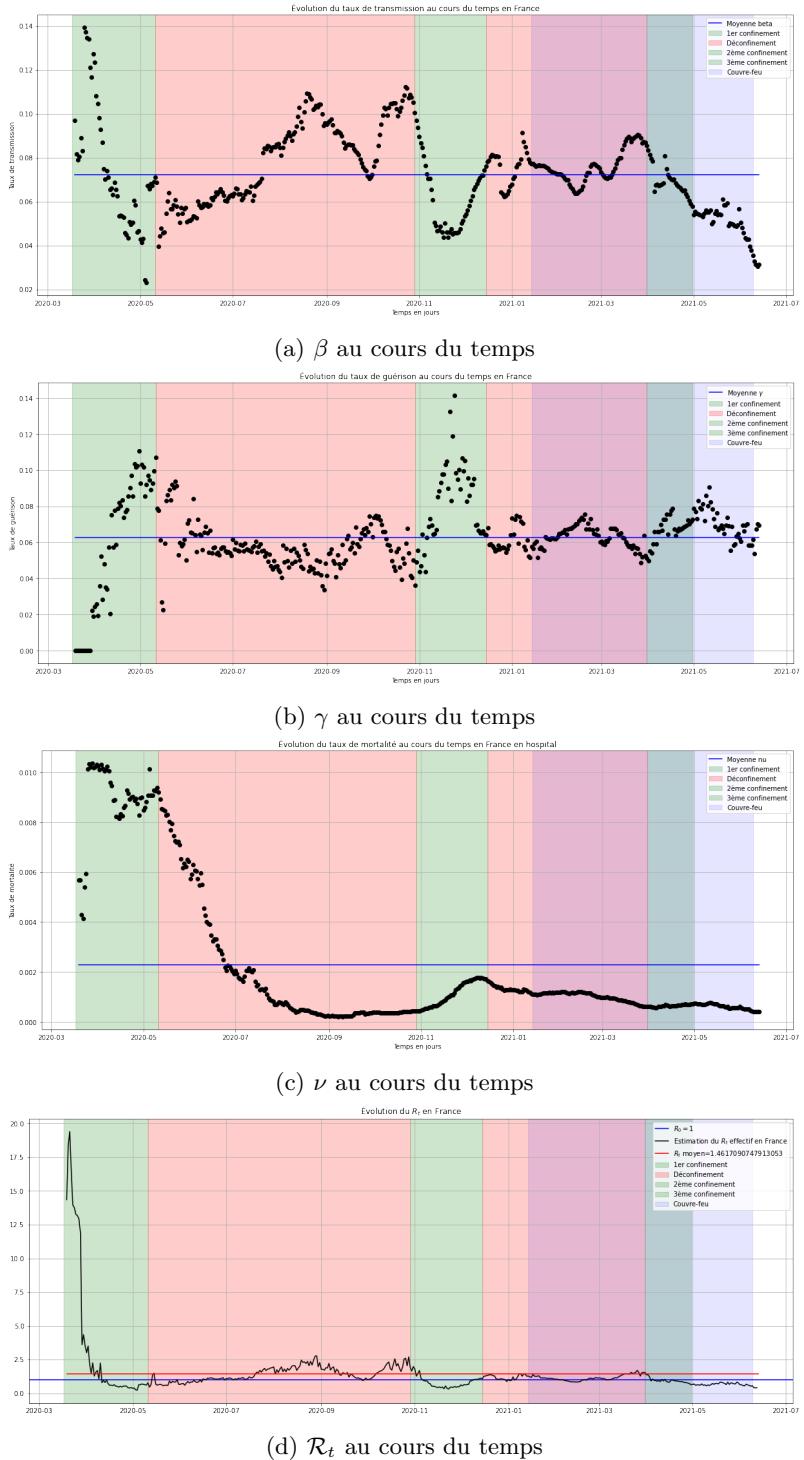


Figure 13: Paramètres du modèle SIRD estimés en France

Analyse des résultats.

- On voit que les paramètres (et surtout le R_t) s'emballent pendant la première vague épidémique (qui correspond au moment du premier confinement), il ne faut pas se leurrer et conclure que l'épidémie était plus "forte" à ce moment là, en réalité, la fiabilité des chiffres est à remettre en cause car l'estimation correspond à une époque où la France n'avait pas encore mis en place sa politique de test massive. Cependant il reste probable que le R_t était plus haut au début de l'épidémie car la France n'avait pas encore mis en plus les gestes barrières et autres mesures de distanciation.
- Le calcul du taux de transmission permet d'identifier en réalité **5 vagues**, correspondant aux 5 maximums de $\beta(t)$, seulement, on voit que trois sont vraiment espacés dans le temps, ce que l'on considère comme 3 vagues épidémiques à part entière.
- Le confinement s'accompagne systématiquement d'une baisse du taux de transmission du virus, cependant, rien ne nous indique qu'il en est entièrement responsable, on verra plus tard que le taux de transmission baisse dans tous les pays assez simultanément (même chez la Suède qui n'a pas confiné).
- Sur les graphes, on a dessiné les taux moyens sur toute la période de l'épidémie, cette moyenne est à titre indicatif, c'est la combinaison d'une estimation instantanée et d'une estimation moyenne qui permet réellement de rendre compte de la dynamique de l'épidémie.
- N'oublions pas que les données françaises sont à remettre en perspective avec un contexte sanitaire strict, il est assez probable que les estimations que l'on a là sont à la baisse par rapport à une situation où aucune mesure n'aurait été prise.

La méthode inverse nous permet d'obtenir des estimations **instantanées** des paramètres, (en réalité ici lissés sur 7 jours), elle permet donc d'avoir une bonne estimation de la dynamique de l'épidémie, on peut aussi obtenir des projections en temps réel du devenir de l'épidémie.