

LES EPIDÉMIES ET L'ALÉATOIRE

Laboratoire de Mathématiques Jean Leray, Université de Nantes

MODÈLES DÉTERMINISTES

Une bactérie dans les conditions idéales (boîte de Petri) peut se diviser en deux une fois par heure. À partir d'une bactérie, la population de bactéries est rapidement croissante :

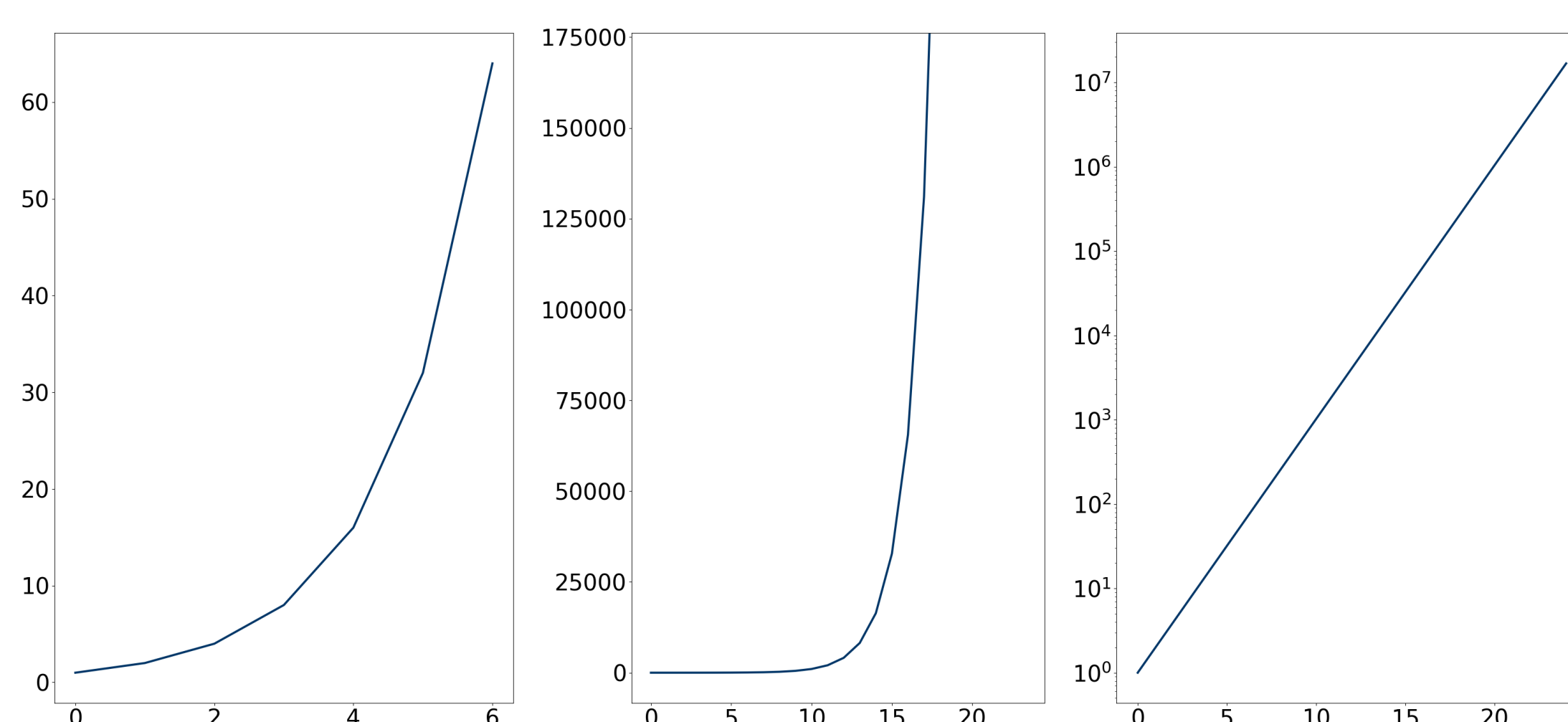
$$N(\text{bactéries après } H \text{ heures}) = 2^H = 1, 2, 4, 8, 16, 32, 64, 128, \dots$$

Le modèle le plus simple pour une population — bactéries, souris, victimes d'une maladie contagieuse — est la *croissance exponentielle*,

$$P(t) = e^{ct},$$

où on suppose que la population est assez grande pour qu'on puisse considérer la population et le temps comme des quantités continues.

Mais si on trace la courbe on la perd rapidement de vue ; c'est pour cela qu'on utilise une échelle *logarithmique*.



La croissance exponentielle ne peut s'appliquer qu'en temps plutôt petits, sinon, la masse des bactéries issues d'une seule bactérie dépasserait la masse de la terre après 5 jours, 13 heures !^a

Pour aller plus loin, il y a le modèle de Verhulst avec une limitation de population (espace, nourriture ...),

$$P'(t) = \alpha P(t) \left(1 - \frac{\alpha}{P_{\max}}\right).$$

Il y a le modèle de Lotka–Volterra avec une compétition prédateur-proie,

$$\begin{aligned} x'(t) &= \alpha x(t) - \beta x(t)y(t), \\ y'(t) &= \gamma x(t)y(t) - \delta y(t). \end{aligned}$$

On peut même considérer des modèles civils / zombies / combattants avec déplacement géographique ... !^b Voici le résultat d'une simulation de Rodolphe Turpault (Bordeaux) avant (en haut) et 50 jours après (en bas) une attaque de zombies, avec une population moins entraînée à gauche et plus entraînée à droite.



Certes, c'est plus de la science-fiction que de la science, mais la progression d'une épidémie peut être très différente si on change les conditions au départ !

^a. C'est $\log_2(5.972 \times 10^{24} \text{kg}(1 \times 10^{-15} \text{kg/bactérie})^{-1})$.

^b. Turpault, R. *Modélisation Mathématique, Calcul Scientifique et Zombies*

PROPAGATION ALÉATOIRE

Si le nombre d'infectés / descendants par cas positif est constant, alors les chaînes de contamination / de reproduction sont très régulières.

Mais il y a toujours un peu de chance dans la vraie vie ! Pour inclure l'aléatoire, on suppose que le nombre d'infections suit un variable aléatoire X :

$$\mathbb{P}(\text{nombre d'infections} = i) = \mathbb{P}(X = i).$$

Le nombre *moyen* d'infections par infecté est R_0 . Mais plus la variance de X est élevée, plus il y a d'*hétérogénéité* dans la progression de l'épidémie.

La loi *binomiale négative*

$$\mathbb{P}(X = i) = \frac{\Gamma(i+n)}{\Gamma(i+1)\Gamma(n)} p^n (1-p)^i$$

nous permet de modéliser une variance très élevée, qui nous donne une proportion importante de *zéro contamineurs* qui n'infectent personne et aussi des super-contamineurs qui infectent au moins 10 autres personnes. Pour le même $R_0 = 2,5$, on compare des hétérogénéités différentes :

Hétérogénéité	Forte	Moyenne	Faible
n	0.1	1	10
Zéro contamineurs	72 %	28 %	10 %
Super contamineurs	7,7 %	3,4 %	0,15 %

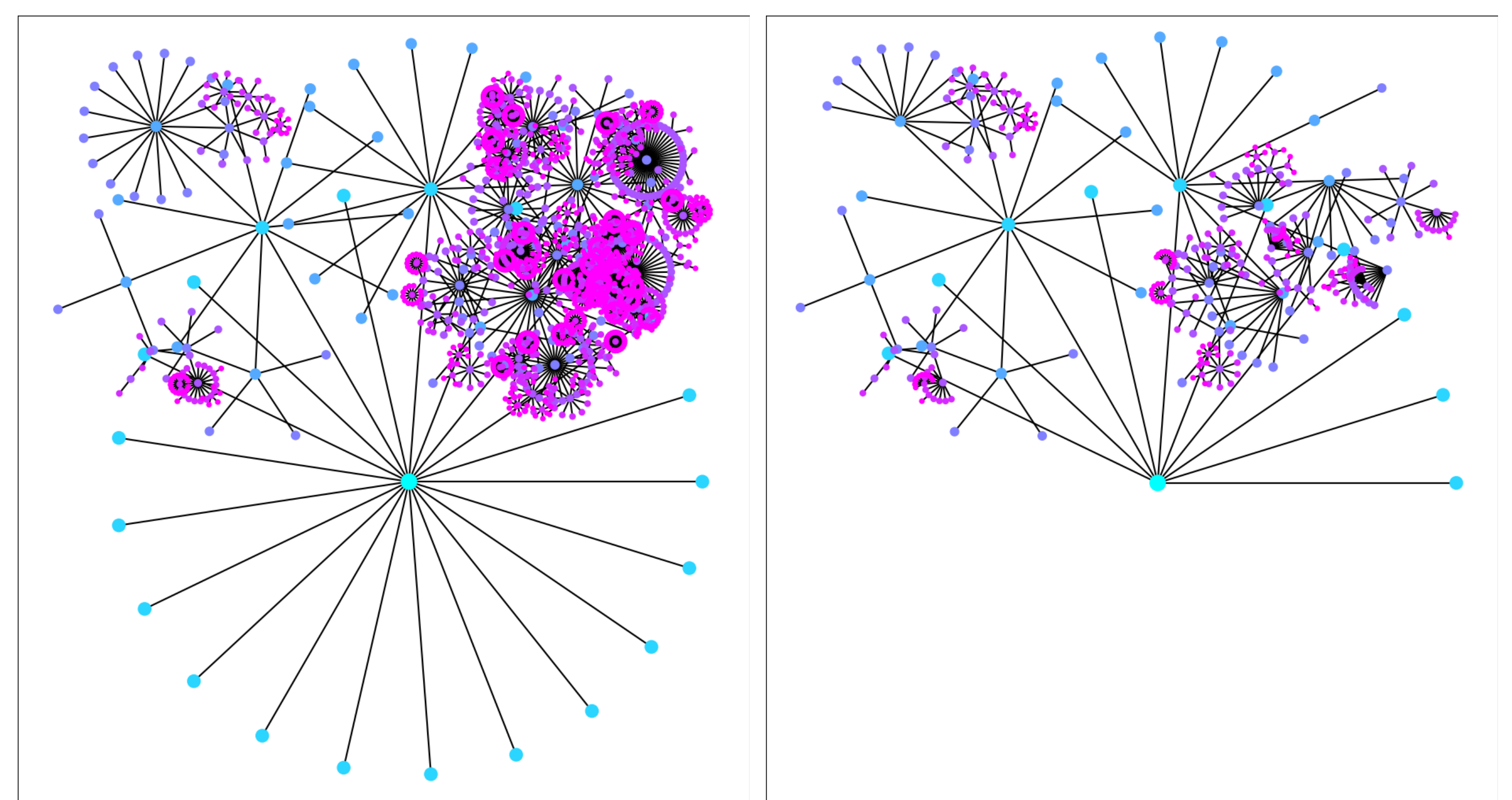
En utilisant les données de petites épidémies survenues en février 2020 dans une cinquantaine de pays, une étude^a dit que les paramètres donnant les résultats les plus proches des données disponibles sont

$$\boxed{R_0 = 2,5} \quad \text{et} \quad \boxed{n = 0,1}, \quad (1)$$

mais les données sont très difficiles à obtenir et la situation évolue rapidement.

On représente à gauche un cluster particulièrement mauvais (2038 infectés dans les 6 premières générations !) issu de la loi binomiale négative avec $n = 0,1$ et p tel que $R_0 = 2$. On voit que la majorité des infectés sont des zéro contamineurs, mais les super-contamineurs font propager rapidement l'épidémie.

Face à une telle propagation, on peut tenter plusieurs stratégies : à droite, on regarde le même arbre mais en ayant limité le nombre de contacts de chaque personne à 10 maximum. C'est une réussite partielle : le nombre d'infectés dans les 6 premières générations est 342 au lieu de 2038, mais l'épidémie continue !



^a. Endo, A., Sam, A., Adam, K., and Sebastian, F. (2020) *Wellcome Open Research*