

PROJET M1

ESTIMATION DE PARAMETRES DE CHAINES DE MARKOV POUR MODELES D'EPIDEMIES

par

SOBOLAK VALERIAN

TOUZANI AMINE

FOUX QUENTIN

Master 1 - Mathématiques de l'Information et de la Décision &
Biostatistiques



FACULTÉ DES SCIENCES
UNIVERSITÉ DE MONTPELLIER

2020 - 2021

Résumé

L'objectif de ce projet est la modélisation d'un modèle d'épidémie et l'estimation de ses paramètres. Nous nous intéresserons pour cela à un modèle Markovien de l'évolution d'une épidémie dans une population donnée. Nous essaierons alors également de déterminer le temps d'extinction de l'épidémie lorsque ce sera possible.

Remerciements

Nous souhaitons avant tout remercier notre encadrante de projet, Madame Benoîte de Saporta, qui nous a fourni des informations indispensables à la réalisation de ce projet. Nous remercions également les auteurs des sources bibliographiques qui nous ont inspirés dans la rédaction de ce rapport, ainsi que les membres du jury pour avoir pris le temps de juger tant la qualité du rapport que la présentation orale de ce projet.

Table des matières

Introduction	5
1 Étude générale d'un modèle d'épidémie	7
1.1 Présentation du modèle Markovien	8
1.2 Cas d'une population finie N	10
1.2.1 Présentation du sous-modèle	10
1.2.2 Temps moyen d'extinction de la maladie pour $N=2$	15
1.3 Cas d'une population infinie	21
1.3.1 Approfondissement du modèle Markovien	21
1.3.2 Simulations	23
2 Estimations des paramètres	31
2.1 Ajustement du modèle	31
2.2 Estimation	34
2.2.1 Expression des estimateurs	34
2.2.2 Convergence des estimateurs	37
Conclusion	43
Références	45
Annexe	46

Liste des graphiques

1.1	Graphe de $(X_n)_{n \in \mathbb{N}}$ en population finie N	11
1.2	Graphe de $(X_n)_{n \in \mathbb{N}}$ pour $N = 2$	15
1.3	Graphe de $(X_n)_{n \in \mathbb{N}}$ pour une population infinie	21
1.4	Plusieurs simulations du nombre total d'individus infectés partant de 250 individus infectés suivant différentes valeurs de λ et μ	24
1.5	Histogramme du temps d'extinction de l'épidémie en partant de 250 indivi- dus infectés avec $\lambda = 0.2$, $\mu = 0.4$ et pour 1000 simulations	28
1.6	Histogramme du temps d'extinction de l'épidémie en partant de 250 indivi- dus infectés avec $\lambda = \mu = 0.8$ et pour 1000 simulations	29
2.1	Graphe du modèle ajusté	32
2.2	Estimation des paramètres lorsque $\lambda < \mu$	40
2.3	Estimation des paramètres lorsque $\lambda = \mu$	41

Liste des tableaux

1.1	Temps moyens d'extinction de la maladie, à partir d'une population de deux individus, en partant de l'état 1, selon les valeurs de λ et μ	19
1.2	Temps moyens d'extinction de la maladie, à partir d'une population de deux individus, en partant de l'état 2, selon les valeurs de λ et μ	19
1.3	Temps moyens d'extinction de l'épidémie par la méthode de Monte-Carlo, suivant les valeurs de λ et μ	27

Introduction

Au cours de ce projet, nous étudierons une population dans laquelle une maladie infectieuse se propage. Une maladie infectieuse est une maladie provoquée par la transmission d'un germe pathogène à un hôte sensible. Dans notre cas, les agents infectieux sont transmis à un individu directement et uniquement à partir d'autres individus infectés.

Quand on observe dans notre population, un nombre de cas exceptionnellement élevé ou inattendu pour l'endroit et l'instant considéré, on parlera alors d'épidémie.

Lorsqu'un système, à un instant donné, est susceptible de connaître des comportements différents dans le temps, on peut introduire une suite de variables aléatoires décrivant son évolution. Si, par ailleurs, ces évolutions dépendent de probabilités, et que l'avenir du système n'est déterminé qu'au travers du présent et non au travers du chemin parcouru pour y arriver, alors le système étudié peut être représenté par un modèle Markovien. Dans un tel modèle, le système étudié est supposé être une chaîne de Markov.

Une chaîne de Markov $(X_n)_{n \in \mathbb{N}}$ est une suite de variables aléatoires pour laquelle la loi conditionnelle de la $n + 1$ -ième coordonnée sachant toutes les coordonnées précédentes ne dépend que de la n -ième, et ce pour tout n . X_n définit l'état du système à l'instant n . On peut alors modéliser l'épidémie par l'intermédiaire d'une chaîne de Markov. On la note $(X_n)_{n \in \mathbb{N}}$ et elle représente le nombre d'individus infectés à l'instant n dans la population étudiée.

Le but de ce projet est de déterminer les valeurs des paramètres qui minimisent le temps d'extinction de l'épidémie. Pour cela, nous nous intéresserons à l'estimation de nos paramètres selon différentes valeurs de ceux-ci. Ainsi, par le biais des chaînes de Markov, nous modéliserons l'évolution de l'épidémie au cours du temps avec des issues aléatoires (probabilités de guérison et de contamination). Enfin, nous étudierons la dynamique de l'épidémie en temps long selon différentes valeurs des paramètres afin de déterminer celles qui favorisent l'extinction de l'épidémie.

Chapitre 1

Étude générale d'un modèle d'épidémie

Soit E un ensemble fini de cardinal N ou bien un ensemble infini dénombrable. On appelle états les éléments de $i \in E$, et E s'appelle l'espace d'états. Dans tout ce chapitre, les variables aléatoires seront à valeurs dans E .

Après avoir placé les bases du modèle étudié, nous tenterons avant tout de répondre à la question “Est-il possible d'éradiquer la maladie infectieuse ?”, en examinant la structure de classes de $(X_n)_{n \in \mathbb{N}}$. Si tel est le cas, nous nous intéresserons ensuite au temps moyen de son extinction.

Le plus intéressant serait de considérer le cas d'une population infinie, puisque beaucoup plus proche de la réalité. Néanmoins, dû à son caractère infini, répondre à la première question ne sera pas évident. Le cas fini sera alors d'une grande aide afin de comprendre le fonctionnement de cette chaîne de Markov.

1.1 Présentation du modèle Markovien

On possède une population infinie d'individus dont un certain nombre est infecté par la maladie. On considère un pas de temps Δ_t donné. Sur Δ_t , chaque individu infecté peut indépendamment des autres :

- contaminer, au plus, un autre individu avec probabilité λ ,
- guérir avec probabilité μ .

Sur un même pas de temps Δ_t , un individu qui guérit ne peut pas être réinfecté, et de même un individu qui est contaminé par un individu infecté ne peut pas guérir.

On suppose par ailleurs qu'un individu qui a guéri de la maladie peut de nouveau être contaminé, mais pas dans le même pas de temps, et qu'il n'y a pas de vaccin mis à disposition pour développer une immunité contre cette maladie infectieuse. De plus, aucun individu ne meurt de cette maladie. Ainsi, sur chaque pas de temps Δ_t , on conservera toujours tous les individus de la population de départ, et l'immunité collective ne pourra jamais être atteinte.

On considère dans la suite de ce chapitre que si tous les individus guérissent de la maladie, aucun facteur exogène ne peut relancer l'épidémie.

Afin de déterminer à chaque instant n le nombre d'individus infectés dans la population étudiée, représenté par X_n , on pose les processus stochastiques suivants :

$$\left\{ \begin{array}{l} (I_n)_{n \in \mathbb{N}} \text{ comptant le nombre de nouveaux contaminés entre l'instant } n-1 \text{ et l'instant } n, \\ (G_n)_{n \in \mathbb{N}} \text{ comptant le nombre de nouvelles guérisons entre l'instant } n-1 \text{ et l'instant } n, \end{array} \right.$$

où le rang n correspond à l'instant $n\Delta_t$.

Par construction de nos processus stochastiques, le nombre d'infectés au rang $n + 1$ peut au maximum être deux fois plus grand que le nombre d'infectés total au rang n . De plus, le nombre de guérisons est au maximum égal au nombre d'infectés total au rang n .

Conditionnellement à $X_n = i$, on a donc :

$$\forall n \in \mathbb{N}, \begin{cases} 0 \leq I_{n+1} \leq 2i, \\ 0 \leq G_{n+1} \leq i. \end{cases}$$

Comme chaque individu malade peut contaminer une nouvelle personne avec probabilité λ indépendamment des autres, conditionnellement à $X_n = i$, le nombre total de nouveaux contaminés I_{n+1} , au rang $n + 1$ de la chaîne, suit une loi binomiale $B(i, \lambda)$.

De même, le nombre total de guérisons au rang $n + 1$ de la chaîne suit une loi binomiale $B(i, \mu)$.

On rappelle ci-dessous la probabilité d'une loi binomiale, qui sera utilisée dans toute la suite :

$$Si \ X \sim B(n, p), \text{ alors } \mathbb{P}(X = k) = \binom{n}{k} p^k (1 - p)^{n-k}, \quad \forall k \in \llbracket 0 ; n \rrbracket.$$

Par définition de notre modèle, en connaissant le nombre d'infectés au rang n , nous pouvons calculer le nombre d'infectés au rang $n + 1$. C'est en effet le nombre d'individus infectés au rang n plus le nombre de nouveaux contaminés entre le rang n et le rang $n + 1$, auquel on retire le nombre d'individus guéris entre le rang n et le rang $n + 1$:

$$\boxed{X_{n+1} = X_n + I_{n+1} - G_{n+1}.}$$

Dans la sous-partie [1.2](#), on traitera tout d'abord le cas d'une population finie, avant de s'intéresser dans la sous-partie [1.3](#) au cas d'une population infinie.

1.2 Cas d'une population finie N

Dans toute cette sous-partie, nous étudierons le cas d'une population finie de N individus. Après avoir présenté le sous-modèle, nous nous intéresserons tout particulièrement au cas d'une population finie de deux individus. Cela nous permettra d'illustrer par un cas simple les limites de calculs analytiques lorsque les populations sont plus importantes.

1.2.1 Présentation du sous-modèle

Dans le cas d'une population finie N , l'espace d'états de $(X_n)_{n \in \mathbb{N}}$ est $E = \{0, \dots, N\}$. De plus, le nombre total d'infectés au rang $n + 1$ ne pourra jamais dépasser la population totale étudiée, soit N . Ainsi, on considèrera que cette quantité est égale au minimum entre N et X_{n+1} :

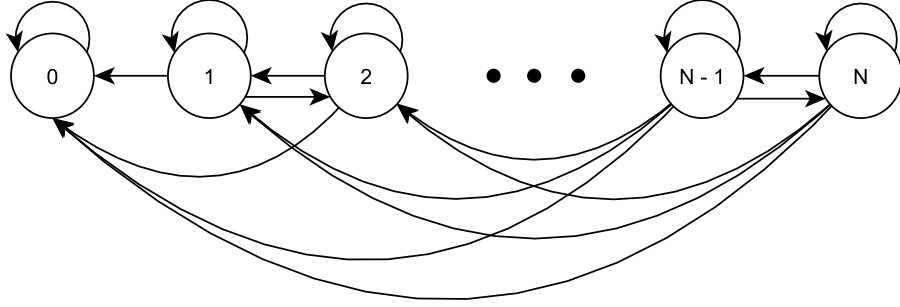
$$X_{n+1} = \min\{X_n - G_{n+1} + I_{n+1}, N\}.$$

Définition 1.2.1. Une matrice de transition $P = (p_{ij})_{(i,j) \in E}$ sur E est une matrice positive dont la somme de chaque ligne vaut 1 :

$$\begin{cases} p_{ij} \geq 0 & \forall (i, j) \in E^2, \\ \sum_{j \in E} p_{ij} = 1 & \forall i \in E. \end{cases}$$

Afin de faciliter la compréhension de notre chaîne de Markov, on peut au préalable représenter sa matrice de transition par un graphe dont les sommets sont les états de E . De plus, une flèche reliant l'état i à l'état j , étiquetée p_{ij} , y est représentée si et seulement si $p_{ij} > 0$.

Le graphe de notre chaîne de Markov est donné par le graphique 1.1 :



Graphique 1.1 – Graphe de $(X_n)_{n \in \mathbb{N}}$ en population finie N

Théorème 1.2.1. *La matrice de transition de cette chaîne de Markov, avec probabilité p_{ij} de passer de l'état i à l'état j , est :*

$$P = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & \cdots & 0 \\ p_{10} & p_{11} & p_{12} & 0 & \cdots & 0 \\ p_{20} & p_{21} & p_{22} & p_{23} & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \cdots & \vdots \\ p_{N0} & p_{N1} & p_{N2} & p_{N4} & \cdots & p_{NN} \end{pmatrix}.$$

Conditionnellement à $X_n = i$, dans le cas fini, on peut donner une expression de la probabilité de passer de l'état i à l'état j :

$$p_{ij} = \begin{cases} \sum_{k=0}^i C_i^k \lambda^k (1-\lambda)^{i-k} C_i^{k-j+i} \mu^{k-j+i} (1-\mu)^{j-k} & \text{si } j \neq N, \\ 1 - \sum_{k=0}^i C_i^k \lambda^k (1-\lambda)^{i-k} \sum_{l=0}^{N-1} C_i^{k-l+i} \mu^{k-l+i} (1-\mu)^{l-k} & \text{si } j = N. \end{cases}$$

Démonstration 1.2.1. *Conditionnellement à $X_n = i$, pour tout $j \neq N$ on a :*

$$\begin{aligned}
p_{ij} &= \mathbb{P}(X_{n+1} = j) \\
&= \mathbb{P}(\min\{X_n + I_{n+1} - G_{n+1}, N\} = j) \\
&= \mathbb{P}(X_n + I_{n+1} - G_{n+1} = j) \\
&= \mathbb{P}(I_{n+1} - G_{n+1} = j - i) \\
&= \sum_{k=0}^i \mathbb{P}(I_{n+1} = k, G_{n+1} = k - j + i) \\
&= \sum_{k=0}^i \mathbb{P}(I_{n+1} = k) \mathbb{P}(G_{n+1} = k - j + i) \\
&= \sum_{k=0}^i C_i^k \lambda^k (1 - \lambda)^{i-k} C_i^{k-j+i} \mu^{k-j+i} (1 - \mu)^{j-k}.
\end{aligned}$$

De même, pour tout $j = N$, on obtient :

$$\begin{aligned}
p_{iN} &= \mathbb{P}(X_{n+1} = N) \\
&= \mathbb{P}(\min\{X_n + I_{n+1} - G_{n+1}, N\} = N) \\
&= \mathbb{P}(X_n + I_{n+1} - G_{n+1} \geq N) \\
&= 1 - \mathbb{P}(X_n + I_{n+1} - G_{n+1} < N) \\
&= 1 - \sum_{l=0}^{N-1} \mathbb{P}(X_n + I_{n+1} - G_{n+1} = l) \\
&= 1 - \sum_{l=0}^{N-1} \mathbb{P}(I_{n+1} - G_{n+1} = l - i) \\
&= 1 - \sum_{l=0}^{N-1} \sum_{k=0}^i \mathbb{P}(I_{n+1} = k, G_{n+1} = k - l + i)
\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
p_{iN} &= 1 - \sum_{l=0}^{N-1} \sum_{k=0}^i \mathbb{P}(I_{n+1} = k) P(G_{n+1} = k - l + i) \\
&= 1 - \sum_{l=0}^{N-1} \sum_{k=0}^i C_i^k \lambda^k (1 - \lambda)^{i-k} C_i^{k-l+i} \mu^{k-l+i} (1 - \mu)^{l-k}.
\end{aligned}$$

□

Intéressons-nous à présent à la structure de classes de notre chaîne de Markov.

Soit P une matrice de transition, et i et j deux états de E .

Définition 1.2.2. Notons $p_{ij}^n = (P^n)_{ij}$.

On dit que i mène à j et on note $i \rightarrow j$ s'il existe un entier $n \geq 0$ tel que $p_{ij}^n > 0$. On dit que i communique avec j et on note $i \leftrightarrow j$ si i mène à j et j mène à i .

Proposition 1.2.2. La relation de communication est une relation d'équivalence.

Démonstration 1.2.2. Voir la preuve, page 24, [1].

□

Les classes d'équivalence pour la relation de communication forment une partition de E .

On les appelle classes communicantes ou classes de communication.

Définition 1.2.3. Une classe communicante C est fermée si pour tout $i \in C$, pour tout $j \in E$, $i \rightarrow j$ implique que $j \in C$. Par ailleurs, on dit qu'un état est absorbant si la classe C , fermée, ne contient que cet état.

Nous pouvons alors donner les différentes classes de $(X_n)_{n \in \mathbb{N}}$:

- $\{0\}$ est un état absorbant car $p_{00} = 1$,
- $\{1, \dots, N\}$ est une classe de cardinal fini, en effet $1 \rightarrow \dots \rightarrow N-1 \rightarrow N \rightarrow N-1 \rightarrow \dots \rightarrow 1$, avec N fini. Par ailleurs, elle est non fermée car $1 \rightarrow 0$ et $0 \notin \{1, \dots, N\}$.

Définition 1.2.4. Soit i un état de E . On dit que i est :

- *récurrent* si $\mathbb{P}_i(\exists \text{ une infinité de } n; X_n = i) = 1$,
- *transitoire* si $\mathbb{P}_i(\exists \text{ une infinité de } n; X_n = i) = 0$.

Finalement nous avons donc 2 classes :

- $\{0\}$, une classe récurrente car elle est fermée et finie,
- $\{1, \dots, N\}$, une classe transitoire car elle est non fermée.

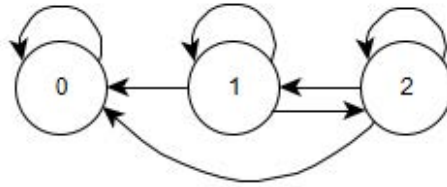
Ces classes nous permettent de conclure qu'en population finie, la probabilité d'atteindre 0 (i.e. la probabilité d'extinction) en temps long partant de n'importe quel état est de 1. En effet, nous avons une classe transitoire finie et une classe récurrente, donc en temps long, nous allons presque sûrement terminer dans la classe récurrente.

En d'autres termes, peu importe les valeurs de λ et de μ , il existe presque sûrement à partir d'un certain rang $K \in \mathbb{N}$ tel que pour tout n supérieur à ce rang, $X_n = 0$.

1.2.2 Temps moyen d'extinction de la maladie pour $N=2$

Comme en population finie nous venons de voir qu'il était presque sûr d'éteindre la maladie infectieuse en temps long, nous pouvons désormais calculer le temps moyen de retour en 0. Les calculs étant analytiquement conséquents, nous allons illustrer le cas fini avec une petite population de deux individus. Dans la suite, nous aurons alors $N = 2$ et donc $E = \{0, 1, 2\}$.

Le graphe de $(X_n)_{n \in \mathbb{N}}$ est représenté par le graphique 1.2 :



Graphique 1.2 – Graphe de $(X_n)_{n \in \mathbb{N}}$ pour $N = 2$

- En étant à l'état 0, nous sommes certains d'y rester puisque $\{0\}$ est un état absorbant, d'où : $\mathbb{P}(X_{n+1} = 0 | X_n = 0) = 1$.
- En étant à l'état 1, le seul individu infecté peut soit rester infecté et contaminer l'autre individu, soit rester infecté et ne pas contaminer l'autre individu, soit guérir et contaminer l'autre individu, soit guérir et ne pas contaminer l'autre individu.
- En étant à l'état 2, soit les 2 individus guérissent, soit les 2 restent infectés, soit l'un des deux guérit et l'autre reste infecté.

Théorème 1.2.2. *En utilisant le théorème 1.2.1, pour le cas d'une population de taille $N = 2$, on obtient les probabilités suivantes :*

$$\left\{ \begin{array}{lcl} p_{10} & = & (1 - \lambda)\mu, \\ p_{11} & = & (1 - \lambda)(1 - \mu) + \lambda\mu, \\ p_{12} & = & (1 - \mu)\lambda, \\ p_{20} & = & (1 - \lambda)^2\mu^2, \\ p_{21} & = & 2(1 - \lambda)\mu((1 - \lambda)(1 - \mu) + \lambda\mu), \\ p_{22} & = & 1 - p_{20} - p_{21}. \end{array} \right.$$

Ainsi, la matrice de transition P est :

$$P = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ (1 - \lambda)\mu & (1 - \lambda)(1 - \mu) + \lambda\mu & \lambda(1 - \mu) \\ (1 - \lambda)^2\mu^2 & 2(1 - \lambda)\mu((1 - \lambda)(1 - \mu) + \lambda\mu) & 1 - p_{20} - p_{21} \end{pmatrix}.$$

Démonstration 1.2.3. *Conditionnellement à $X_n = i$, nous pouvons donner une expression de la probabilité de passer de l'état i à l'état j :*

- si $j \neq N$:

$$\begin{aligned} p_{10} &= \sum_{k=0}^1 C_1^k \lambda^k (1 - \lambda)^{1-k} C_1^{k+1} \mu^{k+1} (1 - \mu)^{-k} \\ &= C_1^0 \lambda^0 (1 - \lambda) C_1^1 \mu (1 - \mu)^0 + C_1^1 \lambda (1 - \lambda)^0 C_1^2 \mu^2 (1 - \mu)^{-1} \\ &= (1 - \lambda)\mu. \end{aligned}$$

Le raisonnement pour calculer les autres probabilités (p_{11} , p_{20} et p_{21}) est exactement le même.

- si $j = N$:

$$\begin{aligned}
p_{12} &= 1 - \sum_{k=0}^1 C_1^k \lambda^k (1-\lambda)^{1-k} \sum_{l=0}^1 C_1^{k-l+1} \mu^{k-l+1} (1-\mu)^{l-k} \\
&= 1 - \sum_{k=0}^1 C_1^k \lambda^k (1-\lambda)^{1-k} [C_1^{k+1} \mu^{k+1} (1-\mu)^{-k} + C_1^k \mu^k (1-\mu)^{1-k}] \\
&= 1 - (1-\lambda)[\mu + 1 - \mu] - \lambda\mu \\
&= 1 - (1-\lambda) - \lambda\mu \\
&= \lambda(1-\mu).
\end{aligned}$$

On retrouve également la formule de p_{22} en utilisant la même expression de p_{ij} .

□

Définition 1.2.5. On appelle temps d'atteinte de 0 la variable aléatoire

$$T_0 = \inf\{n \geq 0 | X_n = 0\}.$$

Soit i un état de E . On définit $v_i = \mathbb{E}_i[T_0] \leq \infty$ le temps moyen d'atteinte de 0 partant de i .

Théorème 1.2.3. Soit $v = (v_i, i \in E)$. Alors v est la plus petite solution positive ou nulle du système

$$\begin{cases} v_i = 0 & \text{si } i = 0, \\ v_i = 1 + \sum_{j \in E} p_{ij} v_j & \text{si } i \neq 0. \end{cases}$$

Démonstration 1.2.4. Voir la preuve, pages 33-34, en posant $A = \{0\}$ de la référence [1].

□

Théorème 1.2.4. *Les expressions du temps moyen d'extinction de la maladie s'expriment de la manière suivante :*

$$\begin{cases} v_0 &= 0, \\ v_1 &= \frac{1}{1-p_{11}} + \frac{p_{12}(1-p_{11}+p_{21})}{(1-p_{11})(1-p_{11}-p_{22}+p_{11}p_{22}-p_{12}p_{21})}, \\ v_2 &= \frac{1-p_{11}+p_{21}}{1-p_{11}-p_{22}+p_{11}p_{22}-p_{12}p_{21}}. \end{cases}$$

Démonstration 1.2.5. *On s'intéresse au temps moyen d'atteinte de 0 en partant de l'état 1 ou 2. On pose $v_i = \mathbb{E}_i[T_0]$ où T_0 est le temps d'atteinte de 0.*

On sait que $v = (v_i, i \in E)$ est la plus petite solution positive du système tel que :

$$\begin{aligned} \begin{cases} v_0 &= 0 \\ v_i &= 1 + \sum_{j \in E} p_{ij}v_j \end{cases} \quad \begin{matrix} si \ i = 0 \\ si \ i \neq 0 \end{matrix} &\iff \begin{cases} v_0 &= 0 \\ v_1 &= 1 + p_{10}v_0 + p_{11}v_1 + p_{12}v_2 \\ v_2 &= 1 + p_{20}v_0 + p_{21}v_1 + p_{22}v_2 \end{cases} \\ &\iff \begin{cases} v_0 &= 0, \\ v_1 &= \frac{1}{1-p_{11}}(1 + p_{12}v_2) \\ v_2 &= \frac{1}{1-p_{22}}(1 + p_{21}v_1) \end{cases} &\iff \begin{cases} v_0 &= 0 \\ v_1 &= \frac{1}{1-p_{11}} + \frac{p_{12}}{1-p_{11}}v_2 \\ v_2 &= 1 + \frac{p_{21}}{1-p_{11}} + v_2(p_{22} + \frac{p_{12}p_{21}}{1-p_{11}}) \end{cases} \\ &\iff \begin{cases} v_0 &= 0 \\ v_1 &= \frac{1}{1-p_{11}} + \frac{p_{12}(1-p_{11}+p_{21})}{(1-p_{11})(1-p_{11}-p_{22}+p_{11}p_{22}-p_{12}p_{21})} \\ v_2 &= \frac{1-p_{11}+p_{21}}{1-p_{11}-p_{22}+p_{11}p_{22}-p_{12}p_{21}} \end{cases} \end{aligned}$$

□

Après avoir calculé les valeurs des temps de retour en 0 en partant de l'état 1 et de l'état 2, selon les valeurs de λ et de μ , nous les avons placés dans les tableaux 1.1 et 1.2 :

$\lambda \backslash \mu$	0.1	0.2	0.3	0.4	0.5	0.6	0.7	0.8	0.9
0.1	16,67	6,72	4,13	2,96	2,31	1,9	1,61	1,4	1,24
0.2	27,37	9,37	5,31	3,64	2,75	2,21	1,85	1,59	1,4
0.3	45,16	13,64	7,14	4,64	3,39	2,65	2,17	1,85	1,61
0.4	76,16	20,87	10,16	6,25	4,37	3,31	2,65	2,21	1,9
0.5	134	34	15,48	9	6	4,37	3,34	2,75	2,31
0.6	253,17	60,42	25,91	14,23	9	6,25	4,64	3,64	2,96
0.7	540,05	122,62	49,88	25,91	15,48	10,16	7,14	5,31	4,13
0.8	1450	315,91	122,63	60,42	34	20,87	13,64	9,37	6,72
0.9	6895,76	1450	540,05	253,17	134	76,16	45,16	27,37	16,67

Tableau 1.1 – Temps moyens d’extinction de la maladie, à partir d’une population de deux individus, en partant de l’état 1, selon les valeurs de λ et μ

$\lambda \backslash \mu$	0.1	0.2	0.3	0.4	0.5	0.6	0.7	0.8	0.9
0.1	22,22	9,34	5,75	4,09	3,13	2,5	2,05	1,71	1,44
0.2	33,98	12,5	7,26	5	3,75	2,96	2,42	2,01	1,71
0.3	63,16	17,43	9,52	6,31	4,63	3,6	2,91	2,42	2,05
0.4	86,08	25,57	13,11	8,33	5,93	4,51	3,6	2,96	2,5
0.5	146,67	40	19,26	11,67	8	5,93	4,63	3,75	3,13
0.6	270,07	68,4	30,94	17,78	11,67	8,33	6,31	5	4,09
0.7	564,18	133,98	57	30,94	19,26	13,11	9,52	7,26	5,75
0.8	1488,89	334,09	133,98	68,4	40	25,57	17,43	12,5	9,34
0.9	6979,66	1488,89	564,18	270,07	146,67	86,08	53,16	33,98	22,22

Tableau 1.2 – Temps moyens d’extinction de la maladie, à partir d’une population de deux individus, en partant de l’état 2, selon les valeurs de λ et μ

On remarque que pour une valeur de λ fixée, plus on fait augmenter celle de μ , plus le temps de retour en 0 sera faible. C'est cohérent avec ce à quoi on aurait pu s'attendre : plus la probabilité de guérison est élevée, plus vite on atteindra l'état 0 de la chaîne de Markov.

À l'inverse, plus la probabilité de contamination est élevée pour une probabilité de guérison fixée, plus on mettra de temps pour revenir en 0.

On remarque un effet miroir par rapport à la diagonale ascendante qui s'explique par la symétrie de la loi binomiale.

Exemple 1. *Le temps moyen d'extinction de la maladie pour $\lambda = 0.3$ et $\mu = 0.4$ est le même que lorsque $\lambda = 0.6$ et $\mu = 0.7$. Par ailleurs, pour des probabilités de contamination et de guérison égales, il est préférable de choisir $\lambda = \mu = 0.5$ pour avoir le temps moyen d'extinction de la maladie le plus faible possible.*

◇

Pour un cas si simple, les calculs pour obtenir les expressions des probabilités p_{ij} , ainsi que les temps moyens d'extinction de la maladie, sont déjà fastidieux.

Après avoir essayé pour une population $N = 4$, on s'est rendus compte que le calcul analytique du système, pour les temps moyens de retour en 0, était difficilement réalisable. Il serait par conséquent inconcevable de faire de même pour des populations significativement plus grandes. C'est pour ces raisons que l'on va estimer ces temps moyens par l'intermédiaire de simulations consultables dans la sous-partie [1.3.2](#).

1.3 Cas d'une population infinie

Dans toute cette sous-partie, nous étudierons le cas d'une population infinie d'individus. Nous commencerons par apporter des précisions sur le modèle général étudié, puis nous réaliserons différentes simulations dans le but de comprendre le comportement de $(X_n)_{n \in \mathbb{N}}$ en temps long et suivant différentes probabilités de guérison et de contamination.

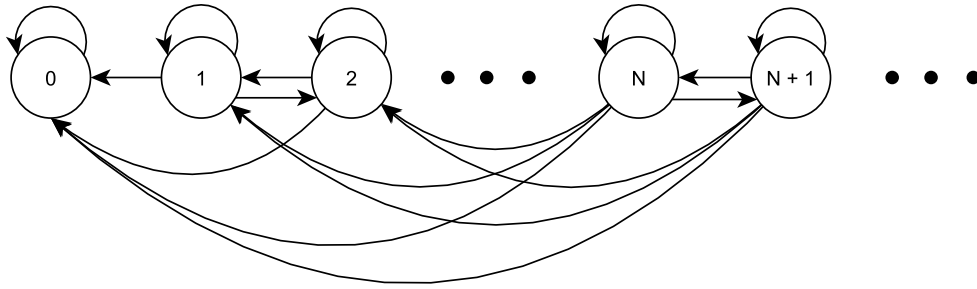
1.3.1 Approfondissement du modèle Markovien

Ici, notre espace d'états est $E = \{0, \dots, N, N+1, \dots\} = \mathbb{N}$.

En cas de population infinie, $(X_n)_{n \in \mathbb{N}}$ n'est pas bornée. Ainsi, comme expliqué dans la sous-partie 1.1 nous pouvons l'exprimer comme suit :

$$X_{n+1} = X_n + I_{n+1} - G_{n+1}.$$

Le graphe de notre chaîne de Markov est alors représenté par le graphique 1.3 :



Graphique 1.3 – Graphe de $(X_n)_{n \in \mathbb{N}}$ pour une population infinie

Théorème 1.3.1. *En population infinie, la matrice de transition avec probabilité p_{ij} de passer de l'état i à l'état j de cette chaîne de Markov est :*

$$P = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & \cdots & 0 & \cdots \\ p_{10} & p_{11} & p_{12} & 0 & \cdots & 0 & \cdots \\ p_{20} & p_{21} & p_{22} & p_{23} & \cdots & 0 & \cdots \\ \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \cdots & \vdots & \vdots \\ p_{N0} & p_{N1} & p_{N2} & p_{N4} & \cdots & p_{NN} & \cdots \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \ddots \end{pmatrix}.$$

Conditionnellement à $X_n = i$, l'expression des p_{ij} est la suivante :

$$p_{ij} = \begin{cases} \sum_{k=0}^i C_i^k \lambda^k (1-\lambda)^{i-k} C_i^{k-j+i} \mu^{k-j+i} (1-\mu)^{j-k} & \text{si } 0 \leq j \leq 2i, \\ 0 & \text{si } j > 2i. \end{cases}$$

Démonstration 1.3.1. *Dans le cas infini, nous n'avons pas de limitation de population, donc l'expression des p_{ij} est toujours la même :*

$\forall j \in \{0, \dots, 2i\},$

$$p_{ij} = \mathbb{P}(X_{n+1} = i | X_n = j) = \sum_{k=0}^i C_i^k \lambda^k (1-\lambda)^{i-k} C_i^{k-j+i} \mu^{k-j+i} (1-\mu)^{j-k}.$$

Cf la démonstration [1.2.1](#), dans le cas où $j \neq N$.

□

Finalement nous avons donc 2 classes :

- $\{0\}$, une classe récurrente car elle est fermée et finie,
- $\{1, \dots, N, N+1, \dots\} = \mathbb{N}^*$, une classe transitoire car elle n'est pas fermée, en effet:
 $1 \rightarrow 0$ et $0 \notin \{1, \dots, N, N+1, \dots\}$.

Contrairement au cas fini, même si nous n'avons toujours que 2 classes, nous ne pouvons pas conclure quant à l'extinction de l'épidémie. Effectivement, on peut terminer dans la classe récurrente, mais on peut aussi rester dans la classe transitoire, et tendre vers l'infini. Dans ce cas là, toute la population serait infectée.

Il est difficile de calculer analytiquement, tout comme dans le cadre d'une population finie, les probabilités p_{ij} et le temps moyen d'extinction. Par conséquent, nous allons réaliser une simulation de notre chaîne de Markov.

1.3.2 Simulations

Dans toutes nos simulations, on fixe notre nombre d'infectés de départ à 250 individus. On considère, par ailleurs, que l'épidémie ne s'éteindra jamais si plus de cent millions de personnes sont infectées par la maladie, dans le cas de notre modèle.

Ainsi, en prenant en compte ces conditions, on construit notre simulateur, de la manière suivante :

```
# Simulation d'une chaîne de Markov en population infinie.
simulation <- function(lambda, mu, EDep) {
  X <- NULL
  X[1] <- EDep # État de départ
  i = 1
  while (X[i] != 0 & X[i] <= 100000000) {
    Gn <- rbinom(1, X[i], prob = mu)
    In <- rbinom(1, X[i], prob = lambda)
    X[i+1] <- X[i] + In - Gn
  }
}
```



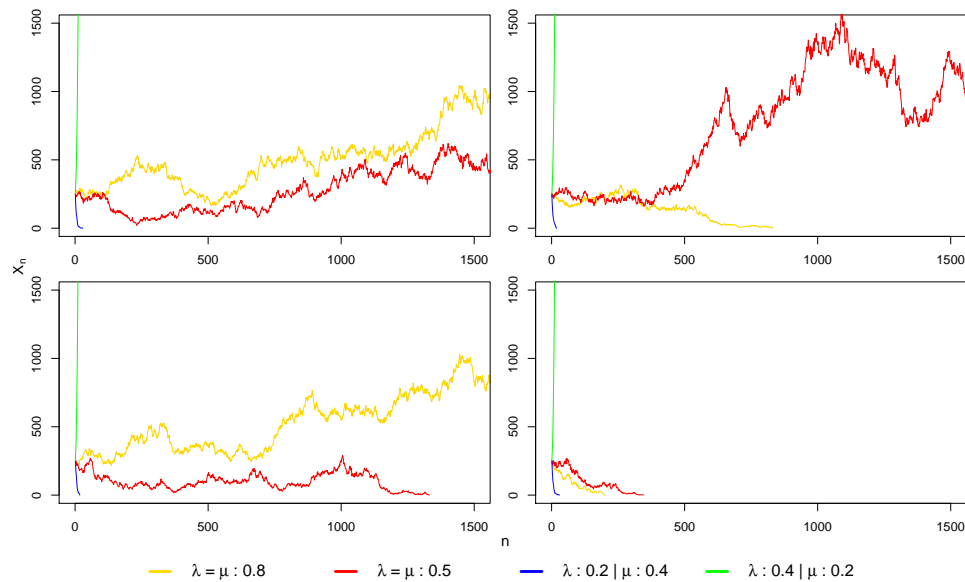
```

    i = i+1
}
if (X[i] == 0){
    cat("L'état 0 est atteint en", i, "étapes \n")
    return(X)
}else{
    cat("Diverge vers l'infini, dernier état :", X[i], "en", i, "étapes \n")
    return(X)
}
}

```

S'il paraît logique qu'une plus grande ou plus petite probabilité de contamination par rapport à la probabilité de guérison, influence fortement la fin ou non de l'épidémie, on peut se demander, cependant, ce qu'il en est lorsque ces probabilités sont égales.

On commence donc par observer le comportement de certaines simulations suivant différentes valeurs de λ et de μ , dans le graphique 1.4.



Graphique 1.4 – Plusieurs simulations du nombre total d'individus infectés partant de 250 individus infectés suivant différentes valeurs de λ et μ

Ce que l'on peut retenir de ces quatre simulations :

- Lorsque $\lambda \gg \mu$, le nombre de contaminations explose, laissant penser que la maladie restera éternellement.
- Au contraire, quand $\lambda \ll \mu$, il semble qu'on atteigne très rapidement notre état 0 qui signifie la fin de l'épidémie.
- Dans le cas où $\lambda = \mu$, la conclusion est moins évidente. On peut très rapidement converger vers l'état 0 comme ne jamais l'atteindre.

On peut à présent regarder pour un nombre plus poussé de simulations, si une tendance se dégage, lorsque $\lambda = \mu$. Quelle est la probabilité pour que l'épidémie disparaisse ? Pour répondre à cette question, on va s'aider de deux fonctions, *Mult_simu* qui réalise un grand nombre de simulations pour des valeurs de λ et μ données et *Maladie* qui compte le nombre de simulations atteignant l'état absorbant 0. Ces fonctions sont consultables en annexe [2.2.2](#).

Après avoir effectué 1000 simulations pour des valeurs de $\lambda = \mu = 0.8$ et $\lambda = \mu = 0.5$, on remarque que la totalité des simulations mènent à la fin de l'épidémie.

Que se passe-t-il lorsqu'on augmente notre λ de seulement 0.01 ?

On réalise une nouvelle fois une pléthore de simulations grâce aux deux fonctions précédentes en prenant $\lambda = 0.301$ et $\mu = 0.3$. Cette fois-ci, les résultats sont radicalement différents. En effet, seulement 291 simulations sur les 1000 mènent à la fin de l'épidémie. Ainsi en augmentant le λ de seulement 0.01, par rapport à μ , on augmente considérablement les chances de faire perdurer l'épidémie.

On a vu précédemment qu'on atteignait, presque sûrement, l'état 0 de la chaîne de Markov lorsque la probabilité de contamination était inférieure ou égale à la probabilité de guérison. On peut donc s'intéresser au temps de retour en 0, comme on a fait pour le

cas fini. On estime ces temps par la méthode de Monte-Carlo.

Définition 1.3.1. *La simulation de Monte-Carlo est une méthode d'estimation d'une quantité numérique qui utilise des nombres aléatoires. [4]*

Ainsi, on crée un code permettant, grâce à la méthode de Monte-Carlo, d'estimer le temps moyen d'extinction de l'épidémie.

```
# Estimation du temps moyen de retour en 0 (pour  $\mu \geq \lambda$ ) par Monte-
Carlo
MC <- function(simu){
  liste <- NULL
  p = 1
  for (i in 1:1000){
    if (simu[[i]][length(simu[[i]])] == 0){ # Vérifie si l'état 0 a été
      atteint dans la simulation i
      liste[p] <- which(simu[[i]] == 0) # Rentre le nombre de pas nécessaire
      pour parvenir à l'état absorbant dans la simulation i
      p = p+1
    }
  }
  res <- cat("Le temps moyen de retour en 0 est de", round(mean(liste)), "é
    tapes")
  return(res)
}
```

On réalise, de la même façon que dans la sous-partie 1.2.2, le tableau 1.3 donnant les estimations des temps moyens d'extinction de l'épidémie selon différentes valeurs de λ et de μ dans le cadre d'une population infinie et par la méthode de Monte-Carlo.

$\lambda \backslash \mu$	0.1	0.2	0.3	0.4	0.5	0.6	0.7	0.8	0.9
0.1	34312	53	27	18	13	10	8	6	5
0.2	X	12017	50	26	17	13	10	8	6
0.3	X	X	9242	49	26	17	13	10	8
0.4	X	X	X	7300	48	26	17	13	10
0.5	X	X	X	X	7282	48	26	18	13
0.6	X	X	X	X	X	7782	48	26	18
0.7	X	X	X	X	X	X	10893	50	27
0.8	X	X	X	X	X	X	X	13024	53
0.9	X	X	X	X	X	X	X	X	22985

Tableau 1.3 – Temps moyens d’extinction de l’épidémie par la méthode de Monte-Carlo, suivant les valeurs de λ et μ

On remarque, en premier lieu, que si notre probabilité de contamination est supérieure à notre probabilité de guérison, toutes nos simulations indiquent que l’épidémie restera de façon permanente (ce qui est représenté par les croix dans le tableau 1.3). De plus, si ces probabilités sont égales, on constate que l’extinction de cette épidémie mettra beaucoup plus de temps par rapport à une probabilité μ qui serait légèrement supérieure à λ .

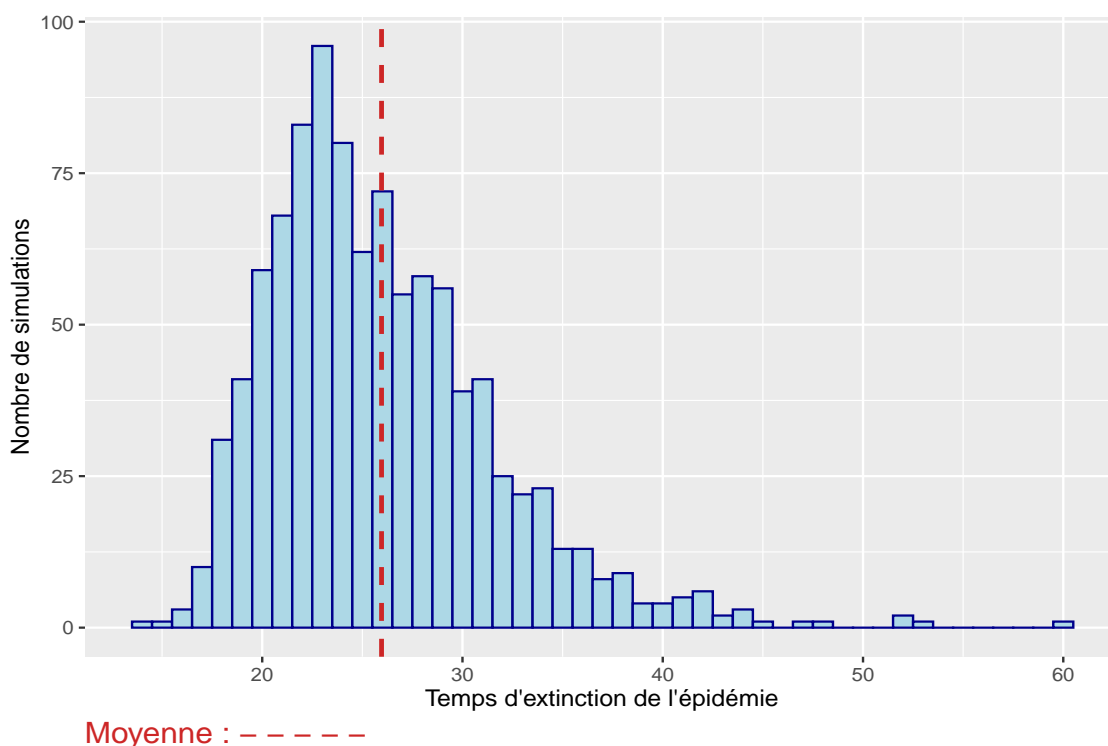
Par ailleurs, on ne retrouve pas d’effet de proportionnalité entre les λ et les μ , tel que l’illustre l’exemple 2.

Exemple 2. *Le temps moyen d’extinction est, environ, 650 fois plus important lorsque $\lambda = \mu = 0.1$ par rapport à la même valeur de λ et à une valeur de μ plus grande de 0.1. Or, si on reprend $\lambda = 0.1$ et $\mu = 0.2$ et que l’on compare les temps moyens, en gardant la même probabilité de contamination et avec une probabilité de guérison à 0.9, on mettra seulement 11 fois moins de temps à éradiquer l’épidémie alors qu’on a plus que triplé la probabilité de guérison.*

◇

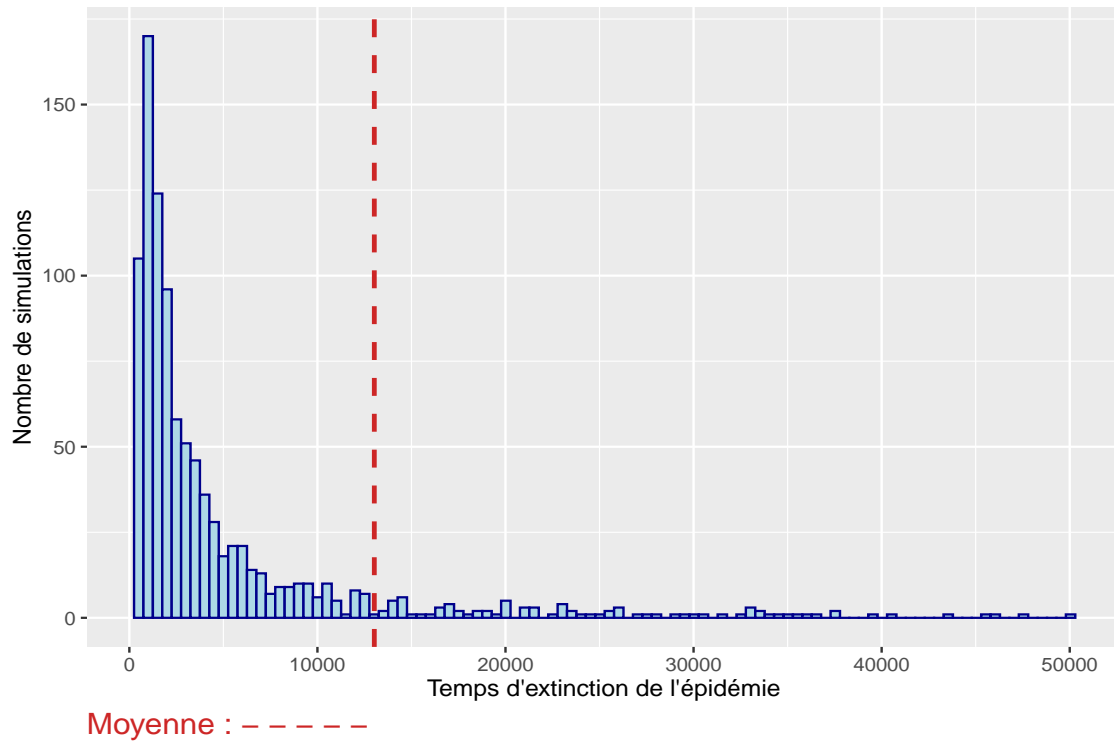
De manière générale, on retrouve la même dynamique vu précédemment dans les tableaux 1.1 et 1.2, pour une valeur de λ fixée, plus on augmente celle de μ , plus le temps moyen d'extinction sera faible.

À présent, après avoir vu une estimation de ces temps moyens d'extinction par Monte-Carlo, on va s'intéresser à la répartition de ce temps lorsqu'on réalise 1000 simulations de notre chaîne de Markov pour des valeurs de λ et μ données. On regroupe ces informations dans les histogrammes 1.5 et 1.6.



Graphique 1.5 – Histogramme du temps d'extinction de l'épidémie en partant de 250 individus infectés avec $\lambda = 0.2$, $\mu = 0.4$ et pour 1000 simulations

Au premier abord, on retrouve en l'histogramme 1.5 l'allure d'une loi normale d'espérance environ égale à 26. On remarque que 95% des simulations ont un temps d'extinction de l'épidémie compris entre 16 et 36, ainsi la très grande majorité des simulations aura un temps d'extinction proche de la moyenne.



Graphique 1.6 – Histogramme du temps d'extinction de l'épidémie en partant de 250 individus infectés avec $\lambda = \mu = 0.8$ et pour 1000 simulations

On s'intéresse maintenant au cas $\lambda = \mu = 0.8$. Pour cet histogramme, on a décidé d'afficher les temps d'extinction de l'épidémie compris entre 0 et 50 000 pour une meilleure visibilité. Cependant la moyenne représentée est réalisée sur les temps des 1000 simulations.

Environ 85% de ces simulations ont un temps d'extinction de l'épidémie qui se trouve entre 1 et 10 000, or on peut constater un contraste avec la moyenne qui est d'environ 13

000. En effet, certaines simulations ont dépassé le million de pas nécessaires pour revenir à l'état 0, ce qui influence la moyenne. Quand $\lambda = \mu$, pour estimer le temps d'extinction d'une simulation dû à la trop grande disparité des résultats, il est préférable de se fier à la médiane (2293 ici) plutôt qu'à la moyenne.

On voulait savoir s'il était possible d'éteindre l'épidémie dans le cadre de notre modèle. La réponse à cette question dépend de plusieurs facteurs :

- d'une part du caractère fini ou infini de la population,
- d'autre part des probabilités de contamination et de guérison.

En effet, dans le cas d'une population finie, la question n'est pas de savoir si l'épidémie s'éteindra mais plutôt de savoir en combien de temps. Celui-ci est déterminé par les probabilités de contamination et de guérison, par la taille de la population ainsi que par le nombre d'individus infectés initial.

En revanche, on a vu que dans le cas d'une population infinie, les paramètres de notre modèle λ et μ sont les facteurs déterminants de la disparition de l'épidémie, et de son temps d'extinction.

Chapitre 2

Estimations des paramètres

Tout comme dans le chapitre 1, E est un ensemble fini de cardinal N ou bien un ensemble infini dénombrable.

Dans notre modèle de départ, nous avons des expressions des p_{ij} qui dépendaient de λ et μ . Pour estimer ces paramètres, nous avons besoin au minimum de 2 probabilités pour résoudre un système d'équations à 2 inconnues. On décide de choisir les probabilités avec les expressions les plus simples possibles, contenant λ et μ .

Après avoir présenté le modèle ajusté, on s'intéressera à la partie estimation avec en premier lieu, l'expression numérique de ces estimateurs puis l'étude de leur convergence.

2.1 Ajustement du modèle

Avec le modèle de départ, on ne peut pas estimer p_{10} . En effet, comme l'état 0 est absorbant, lorsqu'on l'atteint, on n'en sort plus, et on ne peut par conséquent pas réitérer le passage de l'état 1 à l'état 0. Pour remédier à ce problème, on décide de l'ajuster en permettant à un facteur extérieur de pouvoir contaminer un unique individu lorsque le nombre d'infectés est nul.

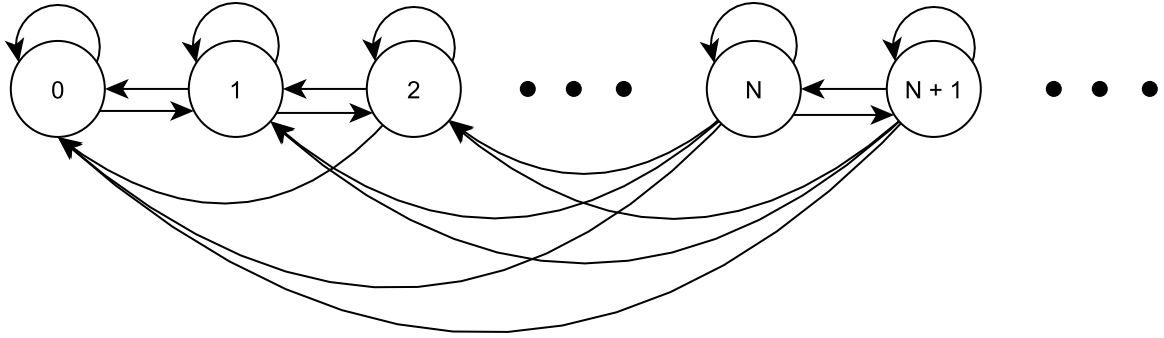
Pour y parvenir, on décide d'intégrer un paramètre α tel que la probabilité de passer de l'état 0 à l'état 1 est α , et celle de rester en 0 est $1 - \alpha$.

Il sera aussi intéressant par la suite d'estimer ce nouveau paramètre α .

On s'intéresse maintenant à notre nouveau modèle. On rappelle que dans le cas d'une population infinie, notre espace d'états est $E = \mathbb{N}$. De plus, nous pouvons exprimer notre chaîne de Markov $(X_n)_{n \in \mathbb{N}}$ comme suit :

$$X_{n+1} = X_n + I_{n+1} - G_{n+1}.$$

Le graphe de ce nouveau modèle est donné par le graphique 2.1 :



Graphique 2.1 – Graphe du modèle ajusté

Théorème 2.1.1. *La matrice de transition du modèle ajusté est :*

$$P = \begin{pmatrix} 1-\alpha & \alpha & 0 & 0 & \cdots & 0 & \cdots \\ p_{10} & p_{11} & p_{12} & 0 & \cdots & 0 & \cdots \\ p_{20} & p_{21} & p_{22} & p_{23} & \cdots & 0 & \cdots \\ \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \cdots & \vdots & \vdots \\ p_{N0} & p_{N1} & p_{N2} & p_{N4} & \cdots & p_{NN} & \cdots \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \ddots \end{pmatrix}.$$

Conditionnellement à $X_n = i$, l'expression des p_{ij} est la suivante :

$$p_{0j} = \begin{cases} 1-\alpha & \text{si } j = 0 \\ \alpha & \text{si } j = 1 \\ 0 & \text{si } j > 2. \end{cases}$$

Et pour tout $i \neq 0$:

$$p_{ij} = \begin{cases} \sum_{k=0}^i C_i^k \lambda^k (1-\lambda)^{i-k} C_i^{k-j+i} \mu^{k-j+i} (1-\mu)^{j-k} & \text{si } 0 \leq j \leq 2i, \\ 0 & \text{si } j > 2i. \end{cases}$$

Démonstration 2.1.1. *Cf le théorème 1.2.1.*

□

Définition 2.1.1. *Si la matrice de transition P d'une chaîne de Markov $(X_n)_{n \in \mathbb{N}}$ a une seule classe de communication, on dit qu'elle est irréductible.*

On s'intéresse maintenant à la structure de classes du nouveau modèle.

Contrairement à notre premier modèle, nous avons cette fois une unique classe qui est l'espace d'états E car $0 \rightarrow 1 \rightarrow \dots \rightarrow N \rightarrow \dots \rightarrow 1 \rightarrow 0$.

La matrice P de $(X_n)_{n \in \mathbb{N}}$ est alors irréductible.

Ce dernier résultat aurait pu éventuellement nous conduire à des résultats plus forts, comme le théorème ergodique. Néanmoins, nous n'avions plus assez de temps pour faire les calculs nécessaires à la justification de leur utilisation, et nous n'étions même pas certains d'aboutir. Nous avons donc choisi de ne pas nous y pencher par la suite.

2.2 Estimation

2.2.1 Expression des estimateurs

La première étape, pour estimer les paramètres, est de pouvoir les exprimer en fonction des probabilités p_{ij} . Afin d'estimer les paramètres λ et μ , seulement deux d'entre elles devraient suffir. On choisit ainsi p_{10} et p_{12} de par la simplicité de leurs expressions. Concernant $\hat{\alpha}$, il suffira simplement d'estimer la probabilité p_{01} puisqu'elle est égale à α .

Proposition 2.2.1. *Les expressions possibles des estimateurs $\hat{\lambda}$ et $\hat{\mu}$ sont :*

$$\left\{ \begin{array}{l} \hat{\lambda}_1 = \frac{1-p_{10}+p_{12}+\sqrt{(1-p_{10}+p_{12})^2-4p_{12}}}{2}, \\ \hat{\mu}_1 = \frac{2p_{10}}{1+p_{10}-p_{12}-\sqrt{(1+p_{10}-p_{12})^2-4p_{12}}}. \end{array} \right. \quad \text{ou} \quad \left\{ \begin{array}{l} \hat{\lambda}_2 = \frac{1-p_{10}+p_{12}-\sqrt{(1-p_{10}+p_{12})^2-4p_{12}}}{2}, \\ \hat{\mu}_2 = \frac{2p_{10}}{1+p_{10}-p_{12}+\sqrt{(1+p_{10}-p_{12})^2-4p_{12}}}. \end{array} \right.$$

Démonstration 2.2.1. *On démarre en utilisant les expressions de p_{10} et p_{12} .*

$$\begin{aligned} \left\{ \begin{array}{l} p_{10} = (1-\lambda)\mu \\ p_{12} = (1-\mu)\lambda \end{array} \right. &\iff \left\{ \begin{array}{l} \mu = \frac{p_{10}}{1-\lambda} \\ \lambda = \frac{p_{12}}{1-\frac{p_{10}}{1-\lambda}} \end{array} \right. \iff \left\{ \begin{array}{l} \mu = \frac{p_{10}}{1-\lambda} \\ \lambda(1 - \frac{p_{10}}{1-\lambda}) = p_{12} \end{array} \right. \\ &\iff \left\{ \begin{array}{l} \mu = \frac{p_{10}}{1-\lambda} \\ \lambda(1-\lambda-p_{10}) = p_{12}(1-\lambda) \end{array} \right. \iff \left\{ \begin{array}{l} \mu = \frac{p_{10}}{1-\lambda}, \\ -\lambda^2 + \lambda(1-p_{10}+p_{12}) - p_{12} = 0. \end{array} \right. \end{aligned}$$

On résout l'équation du second ordre et on obtient les solutions suivantes :

$$\lambda_1 = \frac{1 - p_{10} + p_{12} + \sqrt{(1 - p_{10} + p_{12})^2 - 4p_{12}}}{2},$$

$$\lambda_2 = \frac{1 - p_{10} + p_{12} - \sqrt{(1 - p_{10} + p_{12})^2 - 4p_{12}}}{2}.$$

Ainsi, les expressions possibles de $\hat{\lambda}$ et $\hat{\mu}$ sont :

$$\left\{ \begin{array}{l} \hat{\lambda}_1 = \frac{1 - p_{10} + p_{12} + \sqrt{(1 - p_{10} + p_{12})^2 - 4p_{12}}}{2}, \\ \hat{\mu}_1 = \frac{2p_{10}}{1 + p_{10} - p_{12} - \sqrt{(1 - p_{10} - p_{12})^2 - 4p_{12}}}, \end{array} \right. \quad \text{ou} \quad \left\{ \begin{array}{l} \hat{\lambda}_2 = \frac{1 - p_{10} + p_{12} - \sqrt{(1 - p_{10} + p_{12})^2 - 4p_{12}}}{2}, \\ \hat{\mu}_2 = \frac{2p_{10}}{1 + p_{10} - p_{12} + \sqrt{(1 - p_{10} - p_{12})^2 - 4p_{12}}}. \end{array} \right.$$

□

Pour comprendre quel couple d'expressions il faut choisir dans le but de pouvoir estimer ces paramètres, on va essayer de trouver des valeurs aberrantes telles qu'un des λ soit négatif ou supérieur à 1.

On a donc calculé les couples (λ_1, λ_2) pour toutes les valeurs possibles de λ et μ , variant de 0 à 1, par pas de 0.01.

Malheureusement l'ensemble des résultats était compris entre 0 et 1, ne permettant donc pas de tirer certaines conclusions. Les paramètres du modèle ne sont donc pas identifiables. Cependant, après plusieurs calculs, avec différentes valeurs de λ et μ , pour essayer d'identifier une logique mathématique, on est convenus à une condition qui nous permettrait de savoir quel couple d'expressions choisir pour les estimateurs.

Proposition 2.2.2. *Soit Δ le discriminant du polynôme $\lambda^2 - \lambda(1 - p_{10} + p_{12}) + p_{12}$. Alors, pour tout λ et μ , dans le cas de notre modèle, on a :*

- (i) $\lambda + \mu = 1 \iff \Delta = 0 \iff \lambda_1 = \lambda_2 = \lambda.$
- (ii) $\lambda + \mu > 1 \Rightarrow \lambda = \lambda_1.$
- (iii) $\lambda + \mu < 1 \Rightarrow \lambda = \lambda_2.$

Démonstration 2.2.2. *La démonstration consiste à procéder selon la valeur du discriminant Δ .*

- Si $\Delta = 0$, alors $\lambda_1 = \lambda_2 = \lambda$ et $(1 - p_{10} + p_{12})^2 - 4p_{12} = 0$

$$\begin{aligned} &\iff (1 - \mu(1 - \lambda) + \lambda(1 - \mu))^2 - 4(1 - \mu)\lambda = 0 \\ &\iff (1 - \mu + \lambda\mu + \lambda - \lambda\mu)^2 - 4\lambda + 4\lambda\mu = 0 \\ &\iff 1 + \mu^2 + \lambda^2 - 2\mu + 2\lambda - 4\lambda + 4\lambda\mu - 2\lambda\mu = 0 \\ &\iff 1 + \mu^2 + \lambda^2 - 2\mu - 2\lambda + 2\lambda\mu = 0 \\ &\iff (\mu + \lambda)^2 - 2(\mu + \lambda) + 1 = 0 \\ &\iff (1 - (\mu + \lambda))^2 = 0 \\ &\iff \mu + \lambda = 1. \end{aligned}$$

- Si $\Delta > 0$:

N'ayant pas réussi à le démontrer de manière analytique, on le fait numériquement. Le procédé est simple, on calcule les valeurs de λ_1 et λ_2 en faisant varier les probabilités de contamination et de guérison par pas de 0.01 chacun. On compare ensuite la vraie valeur λ à celle de λ_1 . Si elles correspondent, on observe alors que le résultat de la somme de μ et de λ est supérieur ou égale à 1. Dans le cas contraire λ vaut λ_2 et la somme est inférieure ou égale à 1. Le code est disponible en annexe [2.2.2](#) pour plus de détails.

En résumé :

- (i) $\lambda + \mu = 1 \iff \Delta = 0 \iff \lambda_1 = \lambda_2 = \lambda$.
- (ii) $\lambda + \mu > 1 \Rightarrow \lambda = \lambda_1$.
- (iii) $\lambda + \mu < 1 \Rightarrow \lambda = \lambda_2$.

□

Ainsi, pour contourner le problème d'identifiabilité et pour pouvoir approfondir l'étude de ces estimateurs, on décide de rajouter une condition initiale. Cette dernière porte sur la somme des probabilités λ et μ . En utilisant la proposition [2.2.2](#), si celle-ci est supérieure

à 1, alors on choisira le couple $(\hat{\lambda}_1, \hat{\mu}_1)$. Au contraire, si elle est inférieure à 1, alors on choisira le couple $(\hat{\lambda}_2, \hat{\mu}_2)$.

2.2.2 Convergence des estimateurs

On rappelle que, dans toutes nos simulations, le nombre d'individus infectés de départ est toujours de 250. On considère également que l'épidémie ne s'éteindra jamais si plus de cent millions d'individus sont infectés par la maladie, à un instant n donné.

Avant de commencer à vouloir estimer les paramètres λ , μ et α , il nous faut construire le simulateur de notre modèle adapté. Il est similaire au premier simulateur, nous ajoutons seulement en argument le nouveau paramètre α ainsi que n qui représente, dans le code, la taille de notre chaîne de Markov.

```
# Simulation d'une chaine de Markov en population infini
simulation2 <- function(lambda, mu, alpha, EDep, n){
  X <- NULL
  X[1] <- EDep
  proba <- c(1-alpha, alpha)
  i = 1
  while (i < n & X[i] <= 100000000){
    if (X[i] != 0){
      Gn <- rbinom(1, X[i], prob = mu)
      In <- rbinom(1, X[i], prob = lambda)
      X[i+1] <- X[i] + In - Gn
      i = i+1
    } else {
      Un <- sample(c(0,1), 1, prob = proba)
      X[i+1] <- X[i] + Un
      i = i+1
    }
  }
  if (X[i] == 0){
```

```

    cat("L'état 0 est atteint en", i, "étapes \n")
    return(X)
} else {
    cat("Diverge vers l'infini, dernier état :", X[i], "en", i, "étapes \n")
    return(X)
}
}

```

Afin de pouvoir estimer les paramètres λ et μ , il nous faut au préalable estimer les probabilités p_{10} et p_{12} . De même pour α avec la probabilité p_{01} . Pour ce faire, nous avons créé six fonctions différentes, toutes consultables en annexe :

- la première se nomme *Mult_simu2*, elle réalise un grand nombre de simulations de taille n pour des valeurs de λ , μ et α ;
- la suivante, *Compt_prob* qui compte le nombre de passages d'un état à un autre pour les probabilités associées et pour une seule simulation (par exemple pour p_{10} , on compte le nombre de passages entre l'état 1 et l'état 0) ;
- la fonction *MC2*, qui utilise la fonction précédente pour renvoyer le nombre de passages moyen associé à chaque probabilité par la méthode de Monte-Carlo ;
- la fonction *Compt_etat0* (respectivement *Compt_etat1*), qui compte le nombre de fois où chaque simulation passe par l'état 0 (respectivement 1) puis en renvoie la moyenne ;
- enfin, *Parametre*, qui donne une estimation des paramètres en utilisant le couple d'expressions adapté à la condition sur la somme de λ et μ .

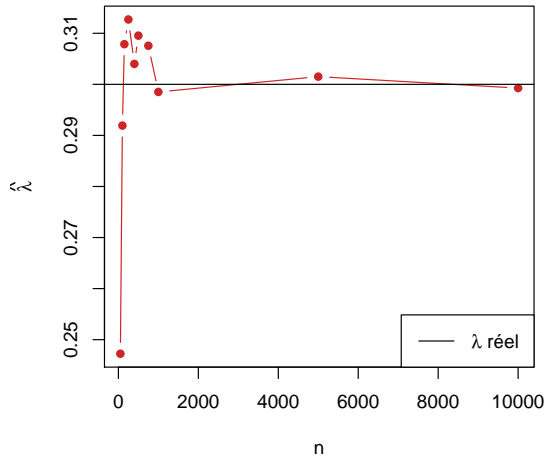
Pour faire le lien entre toutes ces fonctions, on en réalise une générale que l'on appelle *Estimation* :

```
Estimation <- function(lambda, mu, alpha, Edep, n){
  set.seed(20)
  simu <- Mult_simu2(lambda, mu, alpha, Edep, n) # Liste de 1000 simulations diff
    érentes
  Nb_moy <- MC2(simu) # Nombre moyen de passages entre les états des
    probabilités associées
  etat1 <- Compt_etat1(simu) # Réalise la moyenne du nombre de passages par l
    'état 1
  etat0 <- Compt_etat0(simu) # Réalise la moyenne du nombre de passages par l
    'état 0
  prob_est <- c(Nb_moy[1:2]/etat1, Nb_moy[3]/etat0) # Estimation des
    probabilités
  para <- Parametre(prob_est[1], prob_est[2], prob_est[3], lambda, mu) #
    Estimation des paramètres
  return(cat("lambda estimé :", para[1],
            "mu estimé :", para[2],
            "alpha estimé :", para[3]))
}
```

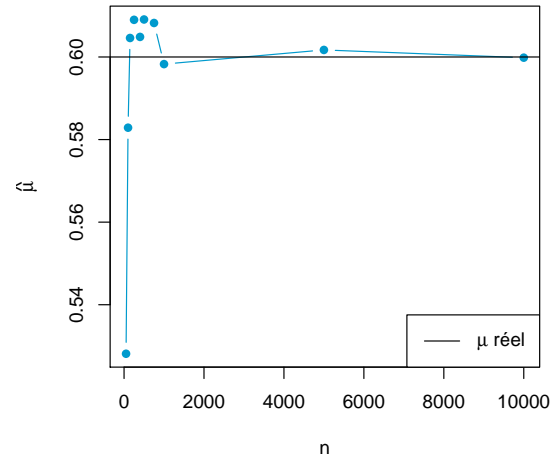
C'est par le biais de celle-ci que l'on obtient nos différents estimateurs et elle va nous servir de support pour illustrer la convergence.

Il est important de spécifier que lorsque $\lambda > \mu$, on est presque sûrs de ne jamais atteindre l'état 0 ainsi que l'état 1 et 2. Il est donc difficile de pouvoir estimer ces paramètres. On s'intéressera alors seulement aux cas où $\lambda \leq \mu$.

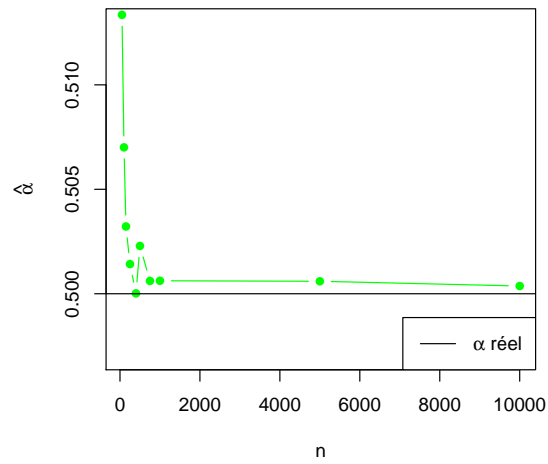
Dans un premier temps, on s'intéresse à une probabilité de contamination strictement inférieure à la probabilité de guérison, dans le graphique 2.2.



(a) Estimation de λ



(b) Estimation de μ

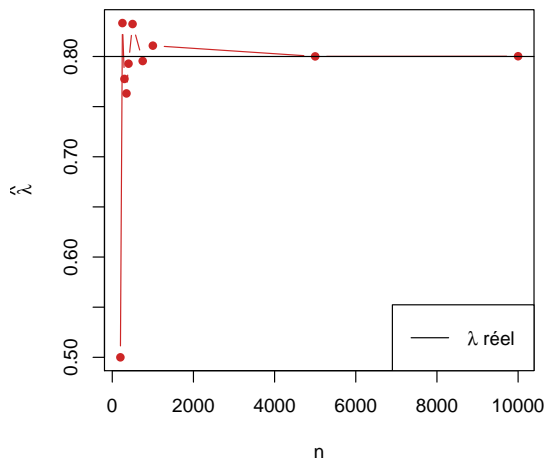


(c) Estimation de α

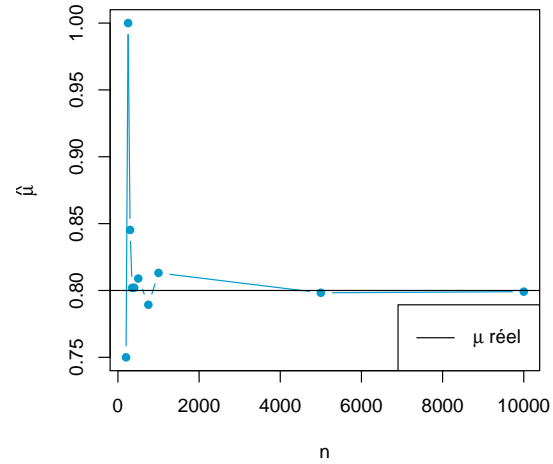
Graphique 2.2 – Estimation des paramètres lorsque $\lambda < \mu$

Dans ces représentations graphiques, on fait varier, entre 50 et 10 000, la taille n des simulations des chaînes de Markov. Dès $n = 100$, on observe un résultat de l'estimateur

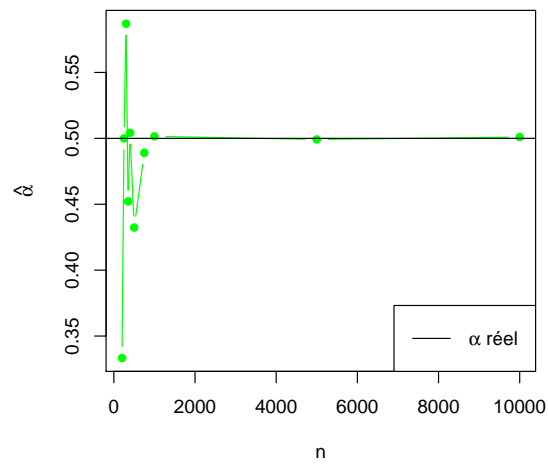
très proche des valeurs réelles avec moins de 0.01 de différence. De plus, on peut considérer qu'à partir de $n = 750$ l'estimateur $\hat{\alpha}$ reflète quasiment la vraie valeur de α et dès $n = 1000$ pour $\hat{\lambda}$ et $\hat{\mu}$. Qu'en est-il du cas $\lambda = \mu$?



(a) Estimation de λ



(b) Estimation de μ



(c) Estimation de α

Graphique 2.3 – Estimation des paramètres lorsque $\lambda = \mu$

Contrairement au temps moyen d'extinction, la convergence des estimateurs est tout aussi rapide que pour le cas $\mu > \lambda$. En effet, dès $n = 750$, les valeurs des estimateurs sont déjà presque égales aux valeurs réelles.

Conclusion

Nous avons pu, au travers de ce projet, modéliser l'évolution d'une épidémie selon certains paramètres. Le premier objectif était de déterminer s'il était possible d'éteindre l'épidémie, et dans ce cas, comment favoriser son extinction suivant ces paramètres. Par la suite, on s'est demandé s'il était possible d'estimer les probabilités de contamination et de guérison dans le modèle étudié.

Dans un premier temps, quand notre probabilité de guérison est supérieure à notre probabilité de contamination, il est presque certain d'éteindre l'épidémie. Plus on favorise le paramètre qui influe sur la guérison, plus l'extinction sera, en général, rapide.

De même, dans le cas où les probabilités sont égales, l'épidémie est éradiquée dans la quasi-totalité des simulations. Cependant, son temps d'extinction est très variable, le seul moyen de le maximiser et de choisir ces probabilités égales à 0.5.

Enfin, on s'est rendu compte que, lorsque la probabilité de contamination est supérieure à la probabilité de guérison, on est, presque-sûrs, de ne pas éradiquer l'épidémie. C'est une information qui nous a été utile pour l'estimation des paramètres dans le chapitre 2. En effet, l'estimation des premières probabilités de la matrice de transition du modèle n'est pas réalisable si notre chaîne de Markov $(X_n)_{n \in \mathbb{N}}$ ne traverse, de manière presque sûre, jamais les premiers états.

Par ailleurs, l'estimation de ces paramètres a été rendue possible non seulement par l'ajustement du modèle initial, mais également par la connaissance d'une information sur

les paramètres.

Lors de ce projet, nous aurions aussi pu tenter d'estimer les paramètres du modèle à partir d'observations partielles, tels que l'observation du nombre de nouveaux infectés uniquement, ou connaître seulement une observation sur deux.

Tous nos codes sont disponibles sur github à l'adresse suivante :

<https://github.com/fawerewaf/EpidemioSimu>.

Références

- [1] Benoîte de Saporta. *Chapitre 3 : “Chaîne de Markov”*, Processus Stochastiques, HMMA103, 2020-2021.
- [2] Isabelle Carrière. *Introduction à l’épidémiologie*, Introduction à l’épidémiologie, HMMA208, 2020-2021.
- [3] ENSAI. *Statistiques des processus 3A*, 2015,
<http://ensai.fr/wp-content/uploads/2019/06/polystatdesprocessus2.pdf>.
- [4] Bruno Tuffin. *La simulation de Monte-Carlo*, 2017,
<https://interstices.info/la-simulation-de-monte-carlo/>.

Annexe

Compteur de simulations atteignant l'état 0

```
# Réalise plusieurs simulations de notre chaîne de Markov.
Mult_simu <-function(lambda, mu, EDep){
  simu <- list()
  for (i in 1:1000){
    simu[i] <- list(simu(lambda, mu, EDep))
  }
  return(simu)
}

# Compte le nombre de simulations atteignant l'état 0.
Maladie <- function(simu){
  L = 0
  for (i in 1:1000){
    if ((simu[[i]][length(simu[[i]])] == 0) == TRUE){
      L = L + 1
    }
  }
  return(cat(L,"simulations, sur 1000, ont menés à la fin de la maladie."))
}
```

```

set.seed(20)
simulation1 <- Mult_simu(0.5,0.5,250)
Maladie(simulation1) # 1000/1000 -> 100%
set.seed(20)
simulation2 <- Mult_simu(0.8,0.8,250)
Maladie(simulation2) # 1000/1000 -> 100%
set.seed(20)
simulation3 <- Mult_simu(0.301,0.3,250)
Maladie(simulation3) # 294/1000 -> 29,4%

```

Vérification numérique du couple d'expressions adéquat

```

# On veut récupérer la somme des paramètres lambda et mu dans une liste en
# les faisant chacun varier par pas de 0.01
somme <- NULL
vrai_lbd <- NULL
lambda1 <- NULL
p = 1
for (i in 1:100){
  for (j in 1:100){
    lbd <- i/100
    mu <- j/100
    p10 = (1-lbd)*mu
    p12 = (1-mu)*lbd
    lbd1 = (1 - p10 + p12 + sqrt(round((1-p10+p12)**2-4*p12,10)))/2
    lbd2 = (1 - p10 + p12 - sqrt(round((1-p10+p12)**2-4*p12,10)))/2
    lambda1[p] <- round(lbd1,10) # Liste des lambda1
    vrai_lbd[p] <- lbd # Réelle valeur de lambda
    somme[p] <- lbd + mu
    p = p + 1
  }
}

```



```

# On compare ensuite la valeur réelle de lambda avec celle de lambda1. Si c'
est la même, on place la somme des paramètres associés dans une nouvelle
liste somme_lbd1. Sinon, on rentre la valeur de cette somme dans une
autre liste nommée somme_lbd2.

somme_lbd1 <- NULL
somme_lbd2 <- NULL
p = 1
l = 1
for (i in 1:length(vrai_lbd)){
  if (lambda1[i] == vrai_lbd[i]){
    somme_lbd1[p] <- somme[i] # Somme lambda + mu lorsque lambda1 est égal à
    lambda
    p = p + 1
  }else{
    somme_lbd2[l] <- somme[i] # Somme lambda + mu lorsque lambda2 est égal à
    lambda
    l = l + 1
  }
}

# On vérifie enfin si les conditions sont respectées
all(somme_lbd1 >= 1 ) # TRUE
all(somme_lbd2 <= 1) # TRUE

```

Estimation des paramètres

```

# Réalise plusieurs simulations de notre chaîne de Markov.
Mult_simu2 <-function(lambda, mu, alpha, EDep, n){
  simu <- list()
  for (i in 1:1000){
    simu[i] <- list(simulation2(lambda, mu, alpha, EDep, n))
  }
}

```

```

    return(simu)
}

# Compte le nombre de passages d'un état à un autre des probabilités associées.
Compt_prob <- function(simu){
  p10 = 0
  p12 = 0
  p01 = 0
  for (i in 1:(length(simu)-1)){
    if (simu[i] == 1 & simu[i+1] == 0){
      p10 = p10 + 1
    } else if (simu[i] == 1 & simu[i+1] == 2){
      p12 = p12 + 1
    } else if (simu[i] == 0 & simu[i+1] == 1){
      p01 = p01 + 1
    }
  }
  return(c(p10, p12, p01))
}

# Estimation, par Monte Carlo, des différentes probabilités.
MC2 <- function(simu){
  p10 <- NULL
  p12 <- NULL
  p01 <- NULL
  for (i in 1:length(simu)){
    p10[i] <- Compt_prob(simu[[i]])[1]
    p12[i] <- Compt_prob(simu[[i]])[2]
    p01[i] <- Compt_prob(simu[[i]])[3]
  }
  return(c(mean(p10), mean(p12), mean(p01)))
}

# Compte le nombre de fois où l'on passe par l'état 1 dans chaque simulation
et en retourne la moyenne.

```

```

Compt_etat1 <- function(simu){
  etat1 <- NULL
  for (i in 1:length(simu))
    etat1[i] <- length(which(simu[[i]] == 1))
  return(mean(etat1))
}

# Compte le nombre de fois où l'on passe par l'état 0 dans chaque simulation
# et en retourne la moyenne.
Compt_etat0 <- function(simu){
  etat0 <- NULL
  for (i in 1:length(simu))
    etat0[i] <- length(which(simu[[i]] == 0))
  return(mean(etat0))
}

# Renvoie les paramètres estimés lambda, mu et alpha.
Parametre <- function(p10, p12, p01, lambda, mu){
  if (lambda + mu <= 1){ # Condition que l'on a implémentée
    lambda = (1-p10+p12-sqrt((1-p10+p12)**2-(4*p12)))/2
    mu = 2*p10/(1+p10-p12+sqrt((1-p10+p12)**2-(4*p12)))
    alpha = p01
  }else{
    lambda = (1-p10+p12+sqrt((1-p10+p12)**2-(4*p12)))/2
    mu = 2*p10/(1+p10-p12-sqrt((1-p10+p12)**2-(4*p12)))
    alpha = p01
  }
  return(c(lambda, mu, alpha))
}

```