

République Algérienne Démocratique et Populaire  
Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche  
Scientifique



Université A.Mira de Béjaïa  
Faculté des Sciences Exactes  
Département de Mathématiques

# Mémoire

En vue de l'Obtention du Diplôme de

## Master en Mathématiques

Option : Probabilité Statistique et Application.

## Thème

*Modélisation stochastique de la propagation des  
épidémies.*

Présenté par :

**Abahour Rebiha.**

M <sup>lle</sup> L. Baiche	Présidente	M.C.B	U. A. Mira. Béjaïa.
M <sup>me</sup> K. Timeridjine	Examinatrice	Professeur	U. A. Mira. Béjaïa.
M <sup>r</sup> Y. Boumzaid	Promoteur	M.C.B	U. A. Mira. Béjaïa.

Béjaïa, le 12/07/2022.

# Remerciements

Au premier lieu et avant tout je tiens à remercier Dieu qui m'a donné la force et la patience d'accomplir ce modeste travail.

Je tiens à exprimer aussi toute ma gratitude à mon encadreur M<sup>r</sup> Y. Boumzaid qui m'a offert la possibilité de réaliser ce travail sous sa direction, je le remercie également pour ses discussions profitables, ses encouragements, son entière disponibilité, ses conseils judicieux, sa compréhension et ses suggestions, je suis lui reconnaissante de la liberté et la confiance qu'elle ma témoignée tout au long de ce travail.

J'adresse mes profonds remerciements aux membres de jury qui ont bien voulu évaluer et examiner mon travail :  
M<sup>lle</sup> L. Baiche qui ma fait l'honneur de présider mon jury de soutenance.  
M<sup>me</sup> K. Timeridjine qui ma fait l'honneur d'examiner mon travail.

Merci également à ma famille et en particulier mes parents, pour l'encouragement constant et leurs aides moraux sans retenue, et pour leurs soutiens inconditionnels tout au long de ces années d'études.

R. Abahour

## Résumé

Les modèles mathématiques sont des outils incontournables pour comprendre et anticiper la propagation des épidémies. En effet, la compréhension de la manière dont une épidémie se développe une fois qu'elle est apparue est cruciale si on veut espérer la contrôler. Pour ce faire, divers modèles ont été développés (déterministes, stochastiques, ...). La crise sanitaire actuelle générée par le *Covid – 19* ne fait pas exception et prouve une fois de plus l'importance de la modélisation mathématique des épidémies.

Ce travail fournit une revue simple, compréhensive et tutoriel de la modélisation de la propagation des épidémies. Une application sur les données de *Covid – 19* en Algérie est faite afin de prédire l'évolution temporelle de la propagation de cette pandémie. Une simulation a été effectuée en utilisant le modèle *SIR* déterministe, et stochastique avec chaîne de Markov à temps discret et continu.

**Mots clés :** Épidémiologie mathématique, Chaîne de Markov, Modélisation stochastique, Simulation, Épidémie, *Covid – 19*.

## Abstract

Mathematical models are essential tools for understanding and anticipating the spread of epidemics. Indeed, understanding how an epidemic develops once it has appeared is crucial if we want to hope to control it. To do this, various models have been developed (deterministic, stochastic, ...). The current health crisis generated by *Covid – 19* is no exception and proves once again the importance of mathematical modeling of epidemics.

This work provides a simple, comprehensive and tutorial review of models for modeling the spread of epidemics. An application on *Covid – 19* data in Algeria is made in order to predict the temporal evolution of the *Covid – 19* pandemic in Algeria. A simulation has been carried out using the deterministic *SIR* model, and stochastic with discrete and continuous time Markov chain in order to predict the temporal evolution of the *Covid – 19* pandemic in Algeria.

**Key words :** Mathematical epidemiology, Markov chain, Stochastic modeling, Simulation, Epidemic, *Covid – 19*.

# Table des matières

<b>1</b>	<b>Modélisation mathématique en épidémiologie et modèles déterministes</b>	<b>4</b>
1.1	Introduction . . . . .	4
1.2	La modélisation mathématique en épidémiologie . . . . .	5
1.2.1	Objectifs de la modélisation . . . . .	6
1.3	Définitions . . . . .	6
1.4	Les modèles compartimentaux déterministes . . . . .	7
1.4.1	Modèle déterministe simple de Hamer (modèle SI) . . . . .	8
1.4.2	Modèle <i>SIS</i> . . . . .	10
1.4.3	Modèle <i>SIR</i> . . . . .	12
1.4.4	Autres extensions du modèle <i>SIR</i> . . . . .	19
1.4.4.1	Modèle <i>SEIR</i> . . . . .	20
1.4.4.2	Modèle <i>SIRS</i> . . . . .	23
1.5	Conclusion . . . . .	24
<b>2</b>	<b>Modélisation stochastique en épidémiologie</b>	<b>25</b>
2.1	Introduction . . . . .	25
2.2	Notions de base . . . . .	26
2.2.1	Processus stochastique . . . . .	26
2.2.2	Processus de Poisson . . . . .	26
2.2.3	Processus de naissance et de mort . . . . .	27
2.2.4	Chaîne de Markov . . . . .	28
2.2.4.1	Classification des états d'une chaîne de Markov . . . . .	29
2.3	Les modèles stochastiques . . . . .	30
2.3.1	Formulation du modèle stochastique à partir d'une chaîne de Markov à temps discret : <i>CMTD</i> . . . . .	31
2.3.1.1	Modèle <i>SIS</i> . . . . .	31
2.3.1.2	modèle <i>SIR</i> . . . . .	35
2.3.2	Formulation du modèle stochastique à partir d'une chaîne de Markov à temps continu : <i>CMTC</i> . . . . .	38
2.3.2.1	Modèle <i>SIS</i> . . . . .	39

2.3.2.2	Modèle <i>SIR</i> . . . . .	43
2.4	Conclusion . . . . .	46
<b>3</b>	<b>Modélisation mathématique du Covid-19</b>	<b>47</b>
3.1	Introduction . . . . .	47
3.2	Généralités sur le Covid-19 . . . . .	48
3.2.1	Période d'incubation . . . . .	48
3.2.2	Période de contagiosité . . . . .	49
3.2.3	Temps de génération $T_g$ . . . . .	49
3.2.4	Temps de doublement $T_d$ . . . . .	50
3.2.5	Taux de létalité . . . . .	50
3.2.5.1	Calcul du ratio de létalité réel (IFR) . . . . .	50
3.2.5.2	Calcul du ratio de létalité apparent (CFR) . . . . .	51
3.2.5.3	Calcul du taux de létalité apparent (CFR) pendant une épidémie . . . . .	51
3.3	Taux de reproduction . . . . .	51
3.3.1	Quelques méthodes pour le Calcul du taux de repro- duction de base . . . . .	52
3.4	Modèles mathématiques appliqués au Covid-19 . . . . .	53
3.4.1	Modèles déterministes . . . . .	54
3.4.1.1	Modèle <i>SIR</i> . . . . .	54
3.4.1.2	Modèle <i>SEIRU</i> . . . . .	55
3.4.2	Modèle <i>SIRU</i> . . . . .	60
3.4.2.1	Modèle SEIR . . . . .	64
3.4.3	Modèles stochastiques . . . . .	66
3.4.3.1	Le modèle <i>SIRD</i> . . . . .	66
3.4.3.2	Modèle <i>SAILRD</i> . . . . .	70
3.5	Conclusion . . . . .	76
<b>4</b>	<b>Implémentation et Application</b>	<b>77</b>
4.1	Introduction . . . . .	77
4.2	SIR . . . . .	79
4.2.1	Estimation de $\beta$ et $\gamma$ . . . . .	80
4.2.2	Estimation de $I_{max}$ et $S_\infty$ . . . . .	80
4.2.3	Estimation de $\mathcal{R}_0$ . . . . .	81
4.2.4	Simulation . . . . .	82
4.3	Conclusion . . . . .	88
4.4	Conclusion . . . . .	89
4.5	Perspectives . . . . .	90

# Notations

$N$	Taille de la population total.
$S$	Nombre d'individus susceptibles .
$D$	Nombre d'individus décédés.
$E$	Nombre d'individus infectés non infectieux(exposés).
$A$	Nombre d'individus asymptomatiques.
$L$	Nombre d'individus infectés isolés.
$S_0$	Nombre d'individus susceptibles au moment $t_0$ .
$I_0$	Nombre d'infectieux asymptomatiques au moment $t_0$ .
$R_0$	Nombre d'individus infectieux symptomatiques signalés au moment $t_0$
$U_0$	Nombre d'infectieux symptomatiques non déclarés au moment $t_0$
$E_0$	Nombre d'individus asymptomatiques et non infectieux au moment $t_0$ .
$CR(t)$	Nombre cumulé d'individus infectieux symptomatiques déclarés à l'instant $t$ .
$I_A$	Nombre d'individus infectés asymptomatiques.
$I$	Nombre d'individus infectés .
$R$	Nombre d'individus retirés.
$f$	Fraction des personnes infectées asymptomatiques qui deviennent des individus infectés symptomatiques déclarés.
$E, F$	Ensembles.
$C.M$	Chaînes de Markov.
$CMTD$	Chaînes de Markov à temps discret.
$CMTC$	Chaînes de Markov à temps continu.
$EDS$	Equations différentielles stochastiques.
$vaiid$	Variable aléatoire indépendante identiquement distribuée.
$OMS$	Organisation Mondiale de la Santé.
$\mathcal{S}$	L'ensemble des valeurs de $X(t)$ .
$\mathbb{N}$	Ensemble des entiers naturels.

$\alpha$	Taux d'incubation.
$\beta$	Taux d'infection(contagion).
$\gamma$	Taux de guérison.
$\mathcal{R}_0$	Taux de reproduction.
$\nu$	Taux de natalité.
$\mu$	Taux de mortalité.
$\delta$	Taux de retour à la classe susceptible.
$\lambda_i$	Taux de naissance.
$\mu_i$	Taux de mort.
$IFR$	Taux de létalité réel.
$CER$	Taux de létalité apparent.
$F_i(\bar{x})$	Taux d'apparition de nouveaux cas infectés dans le compartiment $i$ .
$V_i(\bar{x})$	Taux de transmission des individus dans le $i^{me}$ compartiment.
$r$	Taux de croissance.
$\mu$	Taux de mortalité due a une cause naturelle.
$\mu_1$	Taux de récupération de la sous-population d'incubation.
$\mu_{21}$	Taux de mortalité chez les individus infectés asymptomatiques à cause de la maladie ( <i>Covid – 19</i> ).
$\mu_{22}$	Taux de mortalité chez les individus infectés symptomatiques à cause de la maladie ( <i>Covid – 19</i> ).
$\gamma_{11}$	Taux de transition de la sous-population d'incubation à la sous-population infectée asymptomatique.
$\gamma_{12}$	Taux de transition de la sous-population d'incubation à la sous-population infectée symptomatique.
$\gamma_{21}$	Taux de guérison de la sous-population infectée asymptomatique.
$\gamma_{22}$	Taux de guérison de la sous-population infectée symptomatique.
$\tau(t)$	Taux de transmission au moment $t$ (contamination).
$v_1$	Taux auquel les asymptomatiques infectés devient des symptomatiques déclarés.
$v_2$	Taux auquel les asymptomatiques devient des symptomatiques non déclarés.
$\beta_1$	Taux d'infection d'individus infectés asymptomatiques.
$\beta_2$	Taux d'infection d'individus infectés symptomatiques.
$v$	Taux d'élimination des cas infectieux asymptomatiques $I(t)$ .
$\frac{1}{\gamma}$	Durée moyenne de la maladie.
$\frac{\gamma}{v}$	Durée moyenne pendant laquel les infectieux asymptomatiques sont asymptomatiques.
$\frac{1}{\eta}$	Durée moyenne d'apparition des symptômes chez les infectieux symptomatiques.
$\frac{1}{\alpha}$	Durée moyenne de la période exposée non infectieuse.

$\mathbb{R}$	Intervalle de temps.
$t, s$	Indice du temps.
$h_1$	Temps moyen passé par un individu à la sous-population infectée asymptomatiques.
$h_2$	Temps moyen passé par un individu à la sous-population infectée symptomatiques.
$t_{sim}$	Temps de simulation.
$T_i$	Temps de retour à $i$ lorsque la chaîne part de $i$ .
$T_g$	Temps de génération.
$T_d$	Temps de doublement.
$\tau_1$	Période de guérison.
$\tau_2$	Période d'incubation.
$t_0$	Date de début de modèle.
$d$	Distance de contact entre les individus susceptibles et les individus infectés asymptomatiques.
$N(t), N(s)$	Processus de comptage.
$X(t)$	Processus stochastique.
$\lambda$	Intensité du processus de poisson.
$A$	Matrice tridiagonal.
$p(\Delta t), Q(\Delta t)$	Matrice de transition.
$\mathcal{T}$	Ensemble des valeurs de $t$ .
$s, i, r, j$	Etats d'une chaîne de Markov.
$\mathbb{S}$	L'espace des états du processus.
$\mathcal{C}$	Classe de communication.
$\Delta t$	Pas de simulation.
$t, j$	Indices des algorithmes.
$\mathcal{U}([0, 1])$	Loi uniforme sur l'intervalle $[0, 1]$ .
$\mathcal{B}$	Distribution de bernoulli.
$tol$	Tolérance numérique.
$N_{min}$	Nombre minimum d'itération.
$p_{s,i}(t)$	Probabilité de transition de l'état $s$ à l'état $i$ .
$p1$	Probabilité d'une nouvelle infection.
$p2$	Probabilité d'une nouvelle guérison.
$b_i$	Probabilité de transition pour une nouvelle infection.
$d_i$	Probabilité de transition pour un nouvel décès ou guérison.
$p_{ij}$	Probabilité de transition de l'état $i$ à l'état $j$ .
$p_{i,i}^{(n)}$	Probabilité de transition de l'état $i$ à l'état $i$ à le $n^{me}$ retour.
$\eta$	Probabilité d'être asymptomatique.



# Introduction générale

Depuis le début de l'humanité, l'homme a utilisé les mathématiques pour essayer de résoudre certains problèmes auxquels il était confronté. En même temps, la contribution à la résolution des défis de la société et d'autres disciplines a été source d'inspiration pour de nombreux développements mathématiques à travers l'histoire [1].

Les épidémies sont, depuis la nuit des temps, une source de terreur et de mort pour les hommes. Nous savons notamment que des paléopathologistes ont découvert que, pendant la préhistoire, diverses tribus ont été éteintes à cause de la propagation d'une variante de la peste. D'autres épidémies et pandémies ont marqué l'histoire, par exemple la peste d'Athènes qui frappa la ville éponyme en l'an 430 av. J-C, ou encore l'épidémie de grippe de 1889. Ces exemples ne forment qu'une partie de la liste d'épidémies qui ont frappé depuis toujours.

La pandémie de la *Covid* – 19 fait désormais partie de ces événements marquants. Elle restera certainement inscrite dans l'histoire de l'humanité du fait de sa diffusion presque synchronisée à l'échelle mondiale. Ce virus, né en décembre 2019 à Wuhan, en Chine, s'est propagé à travers le monde essentiellement dès le début de l'année 2020. Il se propage de telle sorte que, en septembre 2020, le million de victimes est atteint, et près de 60 million d'individus ont été déclarés infectés. Le virus impacte également l'économie mondiale. En effet, sa propagation exponentielle pousse les états à confiner leurs populations, ce qui impacte directement les échanges internationaux, le tourisme et l'économie en conséquence [8].

Dans ce mémoire, il est question de se concentrer sur la modélisation de la propagation des épidémies dans le temps. Les maladies infectieuses sont l'un des domaines où les fondements théoriques ont été les plus développés en épidémiologie. La modélisation mathématique des maladies infectieuses est une science qui a une longue histoire.

Le premier modèle a été développé par Bernoulli en 1760 pour la variole.

À la fin du 19<sup>ème</sup> siècle, grâce à la bactériologie qui a révélé le mécanisme de propagation de l'épidémie, les premiers modèles ont été développés.

Ronald Ross peut-être considéré comme le père fondateur de la modélisation actuelle en épidémiologie, dans ses études sur la relation entre le nombre de moustiques et l'incidence de la malaria, il a formulé à partir de 1908 des modèles de transmission des maladies infectieuses. C'est lui en 1911 qui a publié le premier modèle dynamique de la transmission du paludisme, il a prouvé qu'en dessous d'un certain seuil de population des moustiques, le paludisme disparaissait.

En 1927 Kermack et Mc Kendrick ont développé une théorie plus générale que celle de Ross, mais en utilisant des idées similaires. Ils ont proposé un modèle d'épidémie composé d'individus guéris ayant une immunisation permanente. Ils ont pu résoudre les équations différentielles qui régissent l'évolution dans le temps du nombre de personnes susceptibles, infectées et guéries, et sont parvenus à un remarquable théorème concernant le seuil de propagation d'une épidémie. Si le taux d'infection est inférieur à une valeur critique, la maladie ne se propage pas.

En 1929, Soper a développé des modèles déterministes pour la rougeole, en supposant que les opérations de transmission étaient analogues à l'action de la loi de masse de la chimie. Les équations développées par Kermack et McKendrick étaient également en accord avec cette loi qui allait devenir l'un des concepts les plus importants de l'épidémiologie théorique.

Les modèles déterministes, utilisant des équations différentielles ordinaires, ont été poursuivis principalement après 1945 environ. En 1952, Macdonald a introduit un concept, qu'il a appelé taux de reproduction de base, concernant le seuil de propagation, en référence au théorème du seuil de Kermack et Mc Kendrick.

Cependant, ce n'est qu'en 1975, lorsque le concept a été réintroduit par Hethcote et par Dietz, qu'il a été largement utilisé. Vers 1945, l'approche stochastique de la propagation des épidémies, qui avait été initiée plus tôt, a été développée par Bartlett. Il a transformé le modèle épidémique de Kermack et McKendrick en un modèle stochastique en traitant le nombre d'individus susceptibles et infectés comme des variables stochastiques [2].

Ce mémoire est structuré comme suit :

Dans le premier chapitre, nous donnons un aperçu sur l'épidémiologie et la modélisation statistique, aussi bien que les objectifs d'application de la modélisation statistique et les principaux paramètres utilisés dans la modélisation mathématique des épidémies, de plus nous présentons un ensemble de modèles déterministes les plus connus dans la littérature de l'épidémiologie mathématique.

Le deuxième chapitre est divisé en deux parties, la première partie est consacrée à l'introduction de certaines notions de base sur les processus stochastiques et les chaînes de Markov. Tandis que la deuxième partie est consacrée à la formulation des modèles stochastiques à partir d'une chaîne de Markov à temps continu et discret.

Dans le troisième chapitre, nous présentons la pandémie actuelle *Covid-19*, son mécanisme de transmission et ses paramètres, puis nous mettons l'accent sur quelques travaux portant sur sa modélisation mathématique.

Dans le quatrième chapitre, nous appliquons le modèle *SIR* sur les données *Covid-19* en Algérie afin de prédire l'évolution temporelle de la propagation de cette pandémie.

Ce travail se termine par une conclusion générale synthétisant les points essentiels abordés dans ce mémoire.

# Chapitre 1

## Modélisation mathématique en épidémiologie et modèles déterministes

### 1.1 Introduction

Le mot «épidémiologie» est un mot d'origine grecque : «épi» veut dire «au sujet de», «démós» veut dire «population» et «logos» veut dire «étude». On peut donc traduire ce terme comme voulant dire «étude de ce qui touche une population» [15].

L'épidémiologie mathématique ou la modélisation mathématique en épidémiologie a vu le jour au XVIII<sup>e</sup> siècle grâce aux travaux du mathématicien Daniel Bernoulli qui portent sur la modélisation de la maladie de la variole [17].

La modélisation mathématique des maladies infectieuses, d'abord outil purement théorique, a commencé à être mise en pratique avec le problème du SIDA dans les années 1980 et l'apparition de certaines maladies contagieuses, comme le SRAS, la grippe aviaire, la malaria et d'autres. Récemment, la crise sanitaire mondiale du coronavirus *Covid* – 19 a fait émerger le rôle de modélisation mathématique dans la prise des décisions politiques et sanitaires. À nos jours, les modèles mathématiques sont des outils incontournables pour comprendre et anticiper la propagation des épidémies. En effet, la compréhension de la manière dont une épidémie se développe une fois qu'elle est apparue est cruciale si on veut espérer la contrôler. Pour ce faire, divers modèles ont été développés (déterministes, stochastiques,...)[15].

Dans ce chapitre, nous donnons les différents concepts de base liés à la modélisation mathématique en épidémiologie. Nous présentons également un

ensemble de modèles classiques dites déterministes les plus connus dans la littérature de l'épidémiologie mathématique, ainsi qu'une interprétation avec la présentation des principales propriétés de chaque modèle.

## 1.2 La modélisation mathématique en épidémiologie

La modélisation mathématique des maladies infectieuses est un outil pour étudier la façon dont les maladies se propagent, prévoir la trajectoire future d'une éclosion et aider à orienter la planification de la santé publique et la lutte contre les maladies infectieuses. Les modèles utilisent des équations mathématiques pour estimer le nombre de cas de maladie qui pourraient survenir dans les semaines ou les mois à venir. Ils aident les chercheurs à simuler des possibilités réelles dans un environnement virtuel. Bien que les modèles ne puissent pas prédire ce qui se passera, ils peuvent nous aider à comprendre ce qui pourrait se passer dans certains scénarios. Cela peut nous aider à planifier et à agir pour obtenir le meilleur résultat possible, elle commence par la description du problème à étudier, sa mise en équation différentielle sous différentes hypothèses, son étude par des techniques mathématiques ou de simulation et à la fin l'interprétation de son comportement par rapport aux paramètres identifiés et estimés.

La modélisation mathématique se fait de façon déterministe ou stochastique à une échelle de temps continu ou discret.

- Les modèles déterministes à temps continu sont appropriés dans le cas des grandes populations. Et la modélisation se fait sous forme d'un système d'équations différentielles.
- Les modèles stochastiques intéressant pour de plus petites populations, leurs étude mathématique est plus compliquée et la modélisation se fait sous forme de système d'équations différentielles stochastiques, leur étude se fait souvent par simulation [7].

Cette étape de modélisation mathématique de l'épidémiologie des maladies transmissibles constitue un véritable outil de santé publique. Elle permet de mettre à l'épreuve, sans perdre du temps ou du frais, les mesures de lutte contre la propagation du maladie qui sont envisagées. Le modèle n'est néanmoins pas la réalité et n'est pas supposé la reproduire en totalité. Il doit donc reproduire au mieux les caractéristiques du phénomène étudié en fonction des objectifs fixés dans le cadre de l'étude.

L'étape de modélisation est l'étape la plus délicate, la plus longue et souvent la plus périlleuse. En effet, il faut essayer de bien comprendre le

problème initial (problème réel) pour tenter de proposer un modèle adapté. La première tentative proposée ne répond que très rarement aux attentes, s'en suit alors plusieurs modifications, jusqu'à parvenir à un modèle final qui regroupe et traduit un maximum de contraintes que le phénomène réel, d'où la notion « allers-retours » entre calculs mathématiques et données réels. Si cette étape est négligée, si les contraintes ne sont pas bien posées, on aboutit alors à une formulation mathématique qui ne correspond pas au problème étudié. La résolution du problème mathématique fourni alors une solution non adéquate au problème concret.

### 1.2.1 Objectifs de la modélisation

La modélisation mathématique des épidémies vise plusieurs objectifs principaux :

- Repérage des mécanismes par lesquels les maladies se propagent ;
- Évaluation de l'incidence réelle de l'épidémie dans la population, ce qui permet de mieux estimer le niveau d'immunisation de la population ;
- Prévision des besoins en ressources hospitalières pour adapter les mesures sanitaires telles que le confinement, la fermeture des écoles, commerces etc ... ;
- Estimation de l'intérêt des différentes mesures dans la limitation de la propagation de l'épidémie ;
- Comprendre les évolutions constatées ;
- Comparer des maladies ;
- Comparer l'effet de plusieurs méthodes de contrôle. Ceci peut-être fait de manière théorique ou par des simulations pour différentes valeurs des paramètres et différentes données ;
- Prédire l'étendue et la taille des épidémies.
- Comprendre comment contrôler la propagation de l'épidémie, par exemple, réduire le nombre de susceptibles dans le modèle par la vaccination ou encore la politique de confinement [7].

## 1.3 Définitions

Dans cette section, on définit certains termes liés à l'étude des épidémies.

**Définition 1.** *Une maladie infectieuse est une maladie due à un agent infectieux, comme une bactérie, un virus ou un parasite, qui s'introduit dans le corps par l'alimentation, la respiration ou les fluides corporels (sang, sueur,*

etc.). Il s'y reproduit en grand nombre, puis va infecter d'autres individus, ce qu'on appelle la contagion.

**Définition 2.** *Un individu est dit infecté lorsqu'il est atteint d'une maladie infectieuse.*

*On fait la supposition que l'individu infecté est contagieux, c'est-à-dire qu'il peut transmettre la maladie à d'autres individus, pendant toute la durée des symptômes de la maladie. Un individu qui n'a pas encore été infecté est dit susceptible, alors qu'un individu qui a été atteint par la maladie et qui n'est plus infecté est dit retiré. Ce retrait peut correspondre à une guérison ou à un décès.*

**Définition 3.** *Une épidémie désigne une augmentation inattendue du nombre de cas d'une maladie dans une zone géographique spécifique.*

*La fièvre jaune, la variole, la rougeole sont des exemples des épidémies. Notamment, une maladie épidémique ne doit pas nécessairement être contagieuse. Par exemple, la fièvre du Nil occidental et l'augmentation rapide des taux d'obésité sont également considérées comme des épidémies. En termes plus généraux, les épidémies peuvent faire référence à une maladie avec des taux nettement supérieurs à la fréquence attendue dans une communauté ou une région.*

**Définition 4.** *Une pandémie est déclarée par l'OMS, lorsque la croissance d'une maladie est exponentielle. Cela signifie que le taux de croissance monte en flèche et que les cas augmentent chaque jour plus que la veille.*

*En étant déclaré pandémie, le virus n'a rien à voir avec l'immunité de la population ou la gravité de la maladie. Cela signifie qu'un virus couvre une vaste zone, affectant plusieurs pays et populations.*

## 1.4 Les modèles compartimentaux déterministes

Les modèles déterministes ou compartimentaux permettent de classer les individus en différents sous-groupes. Ils sont considérés parmi les modèles les plus utilisés pour d'écrire le comportement des maladies infectieuses. Ainsi les modèles déterministes tentent de décrire et d'expliquer ce qui se passe sur la moyenne à l'échelle de la population. Ils intègrent des grandes populations. En général ces modèles sont relativement faciles à mettre en place, puisqu'ils nécessitent moins de données. Un autre aspect important vient du fait qu'actuellement les logiciels informatiques exploitant ce type de modèles sont largement disponibles et accessibles.

Les modèles compartimentaux sont utilisés pour faciliter les calculs de probabilité de contagion. Ces modèles divisent la population en classes épidémiologiques. Elles permettent d'estimer comment le nombre d'individus dans chaque compartiment varie au cours du temps. Par abus de notation, la lettre utilisée pour représenter un compartiment est également employée pour représenter le nombre d'individus dans le compartiment.

### 1.4.1 Modèle déterministe simple de Hamer (modèle SI)

#### Présentation du modèle

Le modèle de Hamer a été introduit pour la première fois par William Heaton Hamer en 1906, appelé aussi modèle  $SI$ . Il s'agit du premier modèle déterministe simple où l'on considère que la population totale  $N$  peut-être décomposée en deux catégories les individus susceptibles d'être infectés  $S$ , et les individus infectés  $I$  qui sont atteints et qui sont donc contagieux. Pour illustrer son modèle, Hamer posait au départ les hypothèses suivantes :

- Il n'y a ni décès ni guérisons (taille de population constante), et pour toute instant  $t$  on a :

$$N = S(t) + I(t);$$

- Un individu lorsqu'il est infecté, devient infectieux et il reste infectieux jusqu'à la fin de sa vie ;
- L'infection s'établit par contact direct entre les individus infectés et les individus susceptibles.

Ce modèle est alors d'écrit par le système d'équations différentielles suivant :

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta S(t)I(t), \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta S(t)I(t). \end{cases} \quad (1.1)$$

Où  $\beta$  est le taux d'infection ou taux de contagion qui désigne à la fois que tous les contacts possibles n'ont pas nécessairement lieu, et que ceux-ci ne sont pas toujours à l'origine d'un nouvel cas (un contact n'entraînant pas forcément une contamination)[16]. La figure (1.1) donne le diagramme de transmission de la maladie.



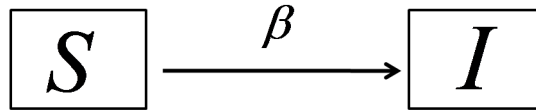


FIGURE 1.1 – Diagramme de transmission du modèle  $SI$ .

## Interprétation du système d'équations de ce modèle

Le système d'équations différentielles de ce modèle peut-être interprété de la façon suivante, les dérivées  $dt$  permettent de connaître la variation (c'est à dire si c'est croissant ou décroissant) des fonctions  $S$ ,  $I$  en fonction du temps  $t$ , afin d'en décrire l'évolution au cours du temps. Le terme  $S(t)I(t)$  représente le nombre de contacts entre des personnes saines et des personnes infectées.  $\beta$  étant le taux de transmission, il y a dès lors  $\beta S(t)I(t)$  personnes nouvellement infectées. Celles-ci se soustraient des personnes saines (première équation du système (1.1)), et s'ajoutent aux personnes infectées (deuxième équation du système (1.1)).

## Étude du modèle

On suppose que la population totale est constante et  $N = S(t) + I(t)$ , on obtient :

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta S(t)(N - S(t)), \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta I(t)(N - I(t)). \end{cases} \quad (1.2)$$

Il s'agit d'un système d'équations différentielles de type logistique introduit par Verhulst afin de d'écrire un modèle d'évolution des populations, admettant comme solution :

$$I(t) = \frac{N}{1 + (N - 1)\exp(-\beta Nt)} \quad (1.3)$$

Avec  $I(0) = 1$  (l'apparition d'une pandémie se traduit par l'introduction d'un individu infecté dans une population saine à l'instant initial). Cette solution est représentée par une sigmoïde appelée courbe épidémique et qui correspond au nombre total de cas à chaque instant. La figure (1.2), représente l'évolution des populations  $S$  et  $I$  pendant une durée de temps de 15 semaines.

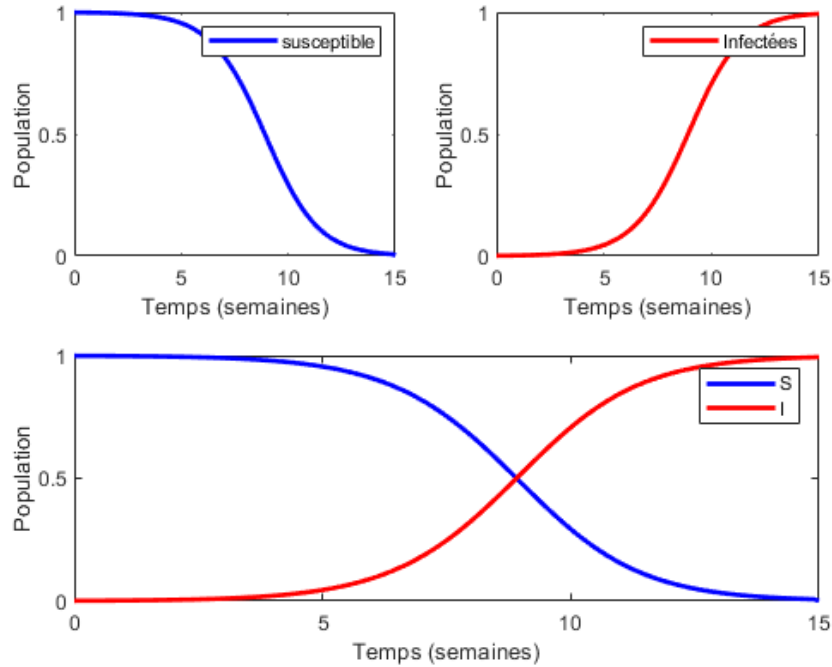


FIGURE 1.2 – Modèle  $SI$ , évolution des populations  $S$  et  $I$  au cours du temps.

La population compte 1000 individus sains à l’instant  $t = 0$ , dans laquelle on introduit un individu infecté. On remarque que la population va progressivement passer de l’état  $S$  à l’état  $I$ . Ce modèle est trop simpliste, en fait il ne correspond pas à la réalité en épidémiologie, d’où la nécessité de subdiviser la population totale en plus de compartiments.

### 1.4.2 Modèle $SIS$

Ce modèle est le plus simple pour décrire la propagation d’une épidémie ; il comprend deux classes d’individus : les individus infectés ( $I$ ) et les individus sains ( $S$ ). Le modèle comprend deux processus de transformations. Dans le premier, un individu sain devient infecté par le contact avec d’autres individus infectés. Ce processus se produit avec un taux d’infection constant  $\beta$  et il est représenté par le diagramme de la figure (1.1).

Dans le second cas, un individu infecté devient spontanément sain. Plus précisément, un individu infecté qui s’est remis de la maladie n’acquiert pas d’immunité et redevient immédiatement susceptible. Ce processus se produit avec un taux de guérison constant  $\gamma$  et il est représenté par le diagramme donné dans la figure (1.3). Ce modèle est un modèle qui ne procure pas

d'immunité, il correspond à certaines maladies comme la tuberculose.

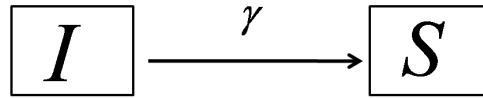


FIGURE 1.3 – Diagramme de transmission du modèle  $IS$ .

Nous désignons par  $S(t)$  et  $I(t)$  le nombre de personnes susceptibles et infectées à l'instant  $t$ . Comme seules ces deux classes d'individus sont présentes, la somme de ces deux variables est égale au nombre total d'individus  $N$ ,  $S(t) + I(t) = N$ . Selon les règles de la loi d'action de masse, les équations qui donnent l'évolution de  $S(t)$  et de  $I(t)$  sont données par [6] :

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta S(t)I(t) + \gamma I(t), \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta S(t)I(t) - \gamma I(t). \end{cases} \quad (1.4)$$

Ce système d'équations différentielles peut-être résolu numériquement par la méthode d'Euler implicite.

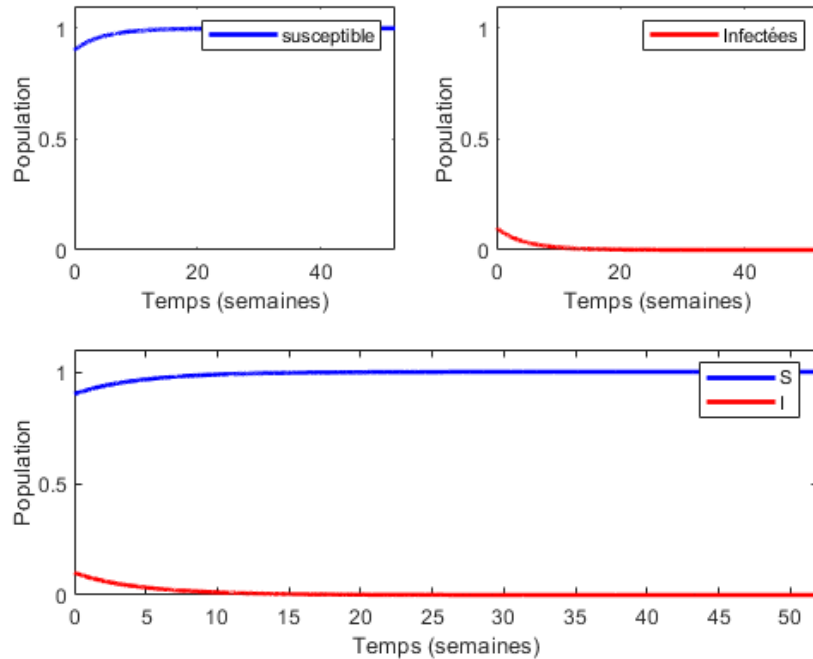


FIGURE 1.4 – Modèle  $SIS$ , évolution des populations  $S$  et  $I$  au cours du temps.

La figure (1.4), représente l'évolution du nombre de personnes infectées en fonction du temps.

### 1.4.3 Modèle $SIR$

#### Présentation du modèle

Modèle déterministe général de Kermack et MC Kendrick (modèle  $SIR$ ). Au début du XXe siècle, William Ogilvy Kermack et Anderson Gray McKendrick ont publié un modèle simple de la propagation des épidémies par contact direct, appelé aussi modèle  $SIR$ . Par la suite, ils ont confronté leur modèle avec les données de la diffusion de la peste de Bombay entre 1905 et 1906. Ils partagent la population en trois catégories, les susceptibles  $S$ , les infectés  $I$  et les retirés  $R$ , ce modèle ne contient que deux paramètres :  $\beta$  le taux d'infection et  $\gamma$  le taux de guérison, dont les valeurs sont estimées à partir des données observées. La taille de la population totale est supposée constante comme dans le modèle de Hamer

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

Ce modèle diffère du modèle *SIS* par une caractéristique importante. Les personnes infectées, après leur guérison, acquièrent une immunisation permanente, ce qui signifie qu'elles ne peuvent pas être infectées à nouveau.

La figure (1.5), montre le diagramme de transmission de la maladie en utilisant le modèle *SIR* [16]. Ce modèle est formulé par le système d'équations différentielles suivant :

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta S(t)I(t), \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta S(t)I(t) - \gamma I(t), \\ \frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t). \end{cases} \quad (1.5)$$

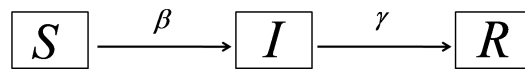


FIGURE 1.5 – Diagramme de transmission du modèle *SIR*.

## Interprétation du système d'équations de ce modèle

Comme pour le modèle *SI*, le système d'équation de ce modèle peut-être interprété de la façon suivante : les dérivées  $dt$  permettent de connaître la variation (c'est à dire si c'est croissant ou décroissant) des fonctions  $S$ ,  $I$  et  $R$  en fonction du temps  $t$ , afin d'en décrire l'évolution au cours du temps. Le terme  $S(t)I(t)$  représente le nombre de contacts entre des personnes saines et des personnes infectées.  $\beta$  étant le taux de transmission, il y a dès lors  $\beta S(t)I(t)$  personnes nouvellement infectées. Celles-ci se soustraient des personnes saines (première équation du système (1.5)), et s'ajoutent aux personnes infectées (deuxième équation du système (1.5)). De même, parmi les personnes infectées, certaines vont guérir :  $\gamma$  étant le taux de guérison, il y a  $\gamma I(t)$  personnes nouvellement guéries qui s'enlèvent des personnes infectées (deuxième équation du système (1.5)) et s'ajoutent aux personnes retirées (troisième équation du système (1.5)).

## Étude du modèle

En faisant la somme des trois équations, on obtient :

$$\frac{d}{dt}[S(t) + I(t) + R(t)] = 0,$$

ce qui signifie que la taille de la population est supposée constante dans le temps.

Le résultat de la résolution numérique de ce système d'équations différentielles pour une population initiale de 1000 personnes, le nombre d'infectés a été introduit un seul infecté  $I(t = 0) = 1$ , le taux de transmission  $\beta = 0.7$  et le taux de guérison  $\gamma = 0.07$  est donné dans la figure (1.6).

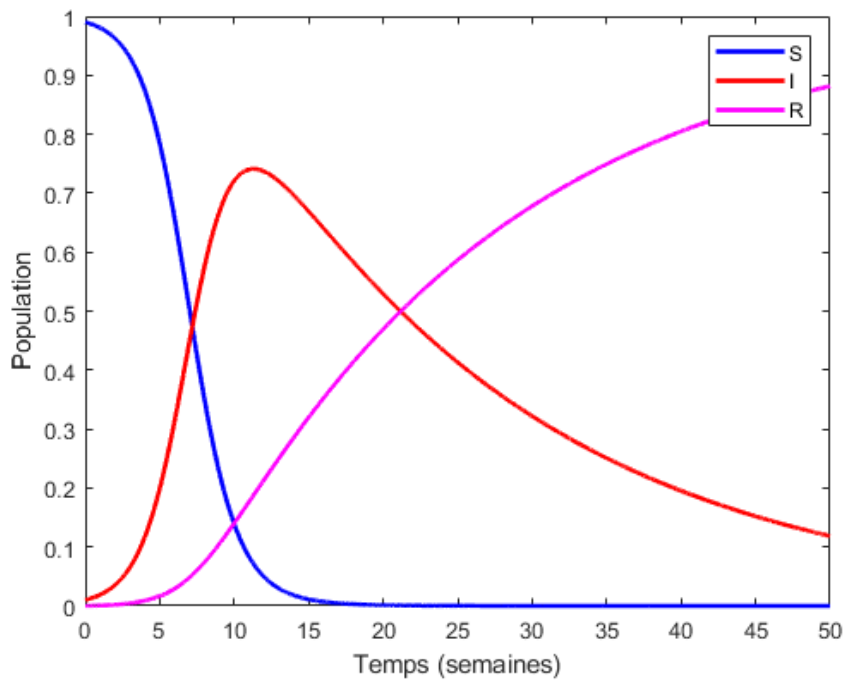


FIGURE 1.6 – Modèle  $SIR$ , évolution des populations  $S$ ,  $I$  et  $R$  au cours du temps.

## Taux de reproduction et théorème du seuil

De manière purement mathématique, nous pouvons dire que les limites des fonctions  $S(t)$ ,  $I(t)$  et  $R(t)$  existent lorsque  $t$  tend vers  $+\infty$ . De plus,

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} I(t) = 0,$$

c'est à dire que l'épidémie s'arrête forcément. Ce point de vue est purement mathématique, il prend en compte le cas extrême où l'épidémie s'arrête puisque la population est totalement décimée. Il prend aussi en compte

le cas où la population est vaccinée ou immunisée (immunité naturelle ou collective). C'est pourquoi, des mesures politiques sont prises pour arriver à diminuer le temps avant l'arrêt de l'épidémie. Pour cela, il est nécessaire de réduire ce qu'on appelle le taux de reproduction  $\mathcal{R}_0$ .

**Définition 5.** *Le taux de reproduction  $\mathcal{R}_0$  est le nombre moyen de cas secondaires produits par un individu infectieux au cours de sa période d'infection.*

Au début de l'épidémie, la valeur du taux de reproduction est  $\mathcal{R}_0 = \beta/\gamma$ , puisque  $1/\gamma$  représente la durée moyenne de la maladie et qu'au début, les personnes rencontrées sont presque toutes saines.

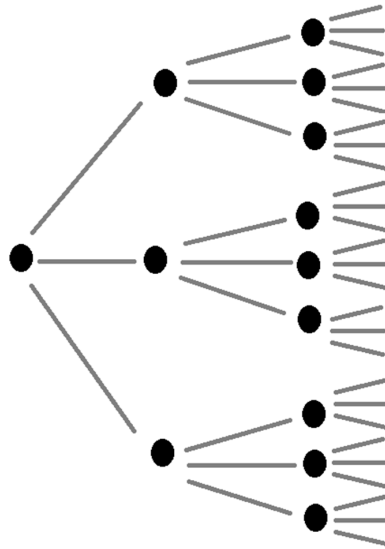


FIGURE 1.7 – Réaction en chaîne, pour  $\mathcal{R}_0 = 3$ .

La figure (1.7), montre ce qu'on appelle réaction en chaîne, pour  $\mathcal{R}_0 = 3$ , le premier contaminé va contaminer 3 personnes, donc 4 personnes contaminées. Ces trois nouvelles personnes contaminées vont en contaminer chacune trois autres, 9 nouvelles personnes sont contaminées. Il y a donc 13 personnes contaminées au total. Ces 9 personnes vont à leur tour contaminer chacune trois personnes pour un total de 40 contaminées ; et ainsi de suite...

**Théorème 1.** *Si  $\mathcal{R}_0 > 1$ , alors  $I(t)$  croît, atteint son maximum puis décroît vers 0 quand  $t$  tend vers  $+\infty$  : c'est une épidémie.*

*Sinon,  $I(t)$  décroît directement vers 0 quand  $t$  tend vers  $+\infty$  : il n'y a pas d'épidémie.*

C'est sur ce théorème que se basent les scientifiques et les politiques lorsqu'ils disent, pour l'épidémie de *Covid* – 19 notamment, qu'il faut à tout prix réduire  $\mathcal{R}_0$  pour le rendre le plus proche possible de 1. La figure (1.8), représente deux cas un peu extrêmes qui illustrent le théorème du seuil sur le modèle *SIR*.

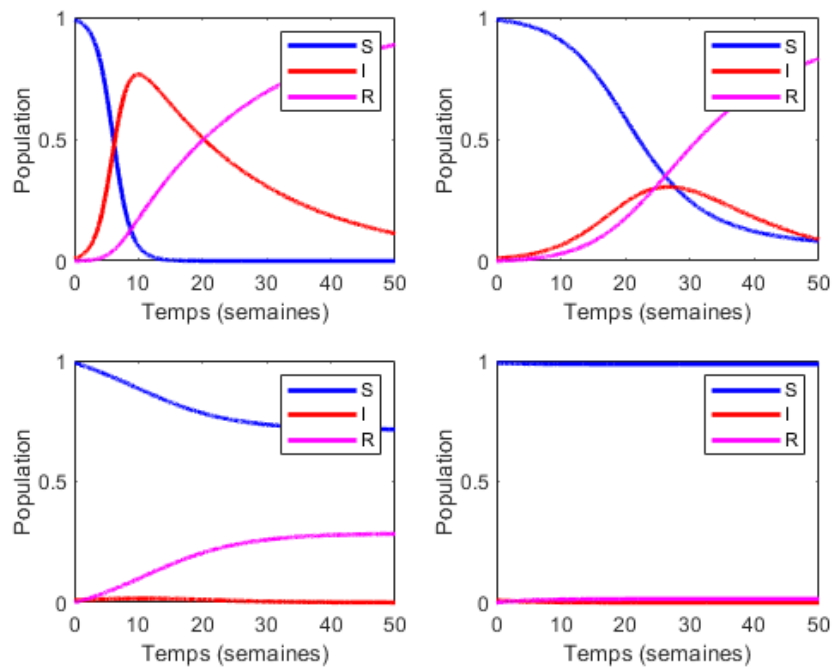


FIGURE 1.8 –  $\mathcal{R}_0 = 16$  pour le graphe de haut à gauche,  $\mathcal{R}_0 = 3$  pour le graphe de haut à droite,  $\mathcal{R}_0 = 1$  pour celui d'en bas à gauche et  $\mathcal{R}_0 = 1$  pour le dernier graphe.

## Effets du taux de transmission et guérison sur la courbe

1. **Modification du taux de transmission :** Ce taux peut-être abaissé par des mesures comme la distanciation sociale, le confinement ou la fermeture de certains lieux. La figure (1.9), représente une comparaison du pic en modifiant le taux de transmission, le taux de guérison est fixé à 0.1 tandis que le taux de transmission est de 0.9 pour la fenêtre graphique de gauche et de 0.2 pour celle de droite.



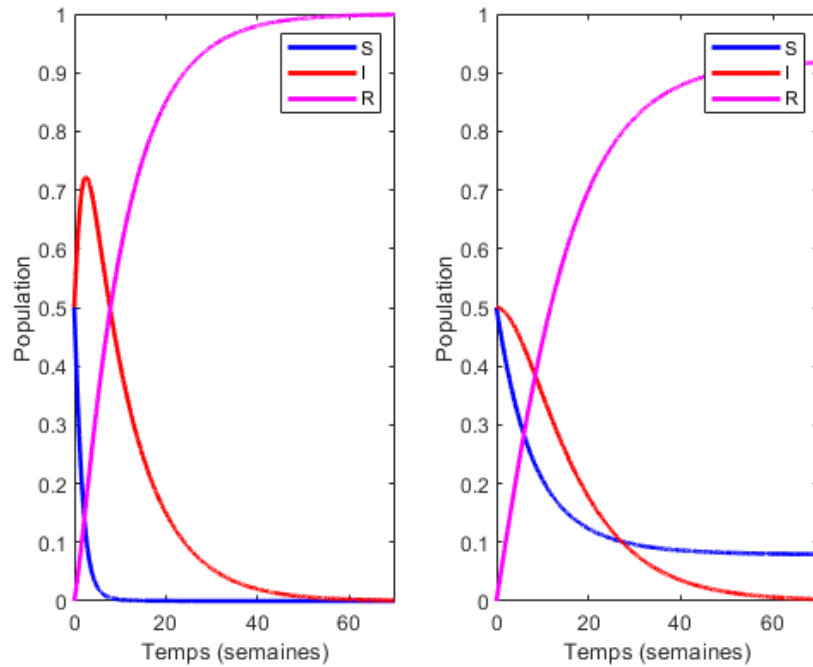


FIGURE 1.9 – Comparaison du pic en modifiant le taux de transmission.

On observe très clairement que le pic de la courbe de  $I$  (en rouge) est moins haut (0,7 contre 0,5) et que la courbe est plus étalée. De plus, la courbe de  $S$  (en bleu) décroît beaucoup plus rapidement à gauche qu'à droite.

2. **Modification du taux de guérison :** l'état d'un système de santé ou l'existence d'un traitement peuvent permettre d'augmenter ce taux. La figure (1.10), représente une comparaison du pic en modifiant le taux de guérison. Cette fois-ci, le taux de transmission est fixé à 0.8 tandis que le taux de guérison est de 0.01 pour la fenêtre graphique de gauche et de 0.09 pour celle de droite.

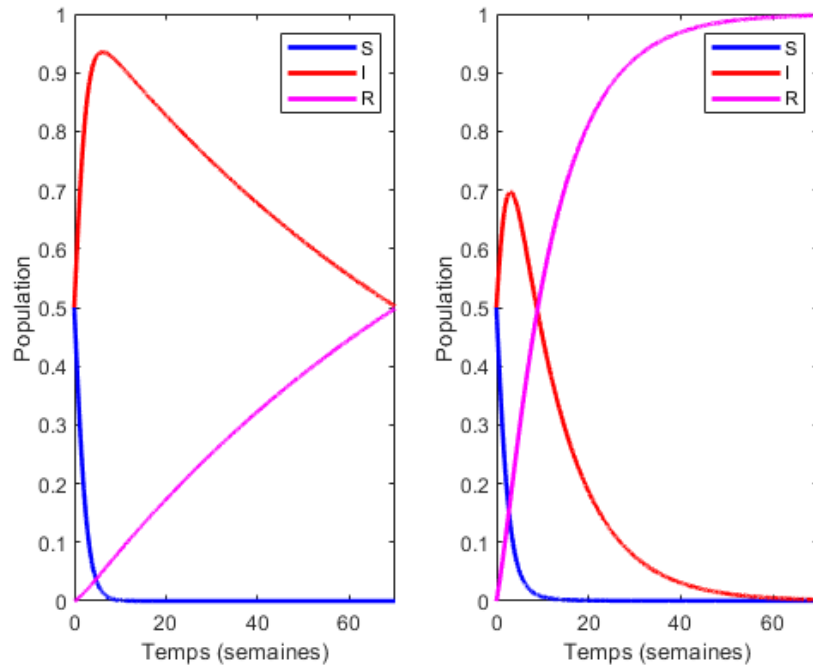


FIGURE 1.10 – Comparaison du pic en modifiant le taux de guérison.

Comme précédemment, on voit clairement l'effet sur le pic de la courbe de  $I$  (infectées, en rouge) : de plus de 90% de la population infectées à 70%.

3. **Modification des deux à la fois** : la combinaison de mesures permettant de baisser le taux de transmission (mesures sanitaires) et d'augmenter le taux de guérison (mesures médicales et recherche) permettent de modifier le pic de la manière suivante. La figure (1.11), représente deux situations différentes, la première (à gauche) peut-être vue comme une situation dramatique avec des taux de 0.9 (transmission) et 0.01 (guérison) contre une situation plus optimiste à droite, des taux de 0.2 (transmission) et 0.09 (guérison).

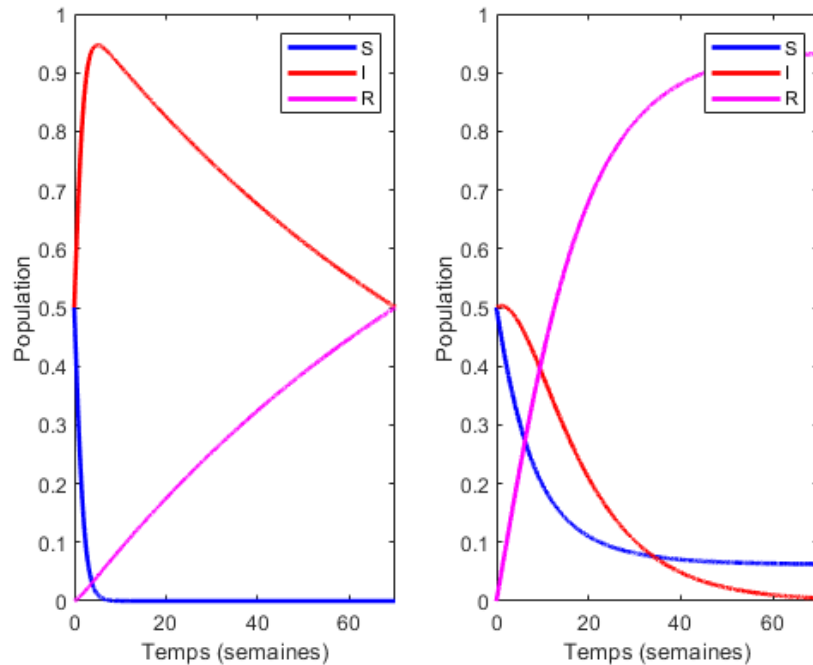


FIGURE 1.11 – Comparaison du pic en modifiant les deux taux à la fois.

L'effet sur le pic de la courbe de  $I$  (en rouge) est indiscutable : on passe d'une hauteur de 0,9 (avec une courbe qui « descend lentement ») à une hauteur de 0,5 (avec une courbe qui « descend » quasiment directement et très rapidement). En outre, le nombre de personnes saines (courbe bleue) décroît très rapidement vers 0 à gauche contrairement à la courbe de  $S$  (en bleu) à droite qui reste au voisinage de 0,1.

#### 1.4.4 Autres extensions du modèle $SIR$

Le modèle  $SIR$  était la base de plusieurs modèles mathématiques en épidémiologie, il est régulièrement utilisé comme par exemple dans la grippe  $A$  en 2009. Ce modèle a subi des changements par l'ajout des extensions (des nouveaux compartiments) au modèle standard. Ces différentes extensions ont tous les mêmes principes de base déjà énoncés mais elles comprennent des degrés de complexité variés. Parmi les extensions du modèle  $SIR$ , nous citons :  $SIRS$ ,  $SIER$ ,  $SIRI$ ,  $SISR$  ou encore  $SIRD$ . Dans ce qui suit, nous nous contentons par présenter deux de ces extensions à savoir le modèle  $SEIR$  et le modèle  $SIRS$ .

### 1.4.4.1 Modèle *SEIR*

Nous avons vu précédemment que les trois principales classes d'individus sont les personnes susceptibles, les personnes infectées et les personnes retirées, mais d'autres classes peuvent également être présentes. Par exemple dans ce modèle, en plus des personnes susceptibles, infectées et retirées on a une autre classe présente, c'est la classe des exposées, dont les individus ne sont pas contagieux, ce qui permet de prendre en compte la durée d'incubation via un autre paramètre  $\alpha$ , qui représente le taux d'incubation.

Le modèle *SEIR* est un peu plus élaboré par rapport au modèle *SIR*. En effet, ce dernier prend en compte trois hypothèses de plus que le modèle *SIR*, la démographie de la population en particulier. La population totale  $N(t)$  évolue donc au cours du temps  $t$ . Dans ce qui suit, nous donnons les étapes de l'évolution du modèle *SIR* vers le modèle *SEIR* [6].

#### Étape 1

Dans cette étape, une nouvelle sous-population est ajoutée, les personnes infectées non-infectieuses (exposées), qui ne sont donc pas contagieuses, représentées par la fonction  $E(t)$ ; ce qui permet de prendre en compte la durée d'incubation (via  $\alpha$  le taux d'incubation) d'une maladie. En reprenant le schéma et le système du modèle *SIR* (figure (1.5)), et en ajoutant un terme  $\pm\alpha E(t)$  (voir figure(1.12)), on obtient le système suivant :

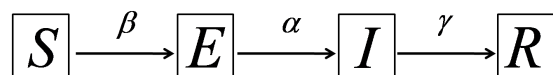


FIGURE 1.12 – Diagramme de transmission du modèle *SEIR*.

Le système d'équations différentielles associé à ce diagramme est donné par :

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta S(t)I(t), \\ \frac{dE(t)}{dt} = \beta S(t)I(t) - \alpha E(t), \\ \frac{dI(t)}{dt} = \alpha E(t) - \gamma I(t), \\ \frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t). \end{array} \right. \quad (1.6)$$

## Étape 2

Dans cette étape, le taux de natalité  $\nu$  de la population est aussi considéré. Les personnes sont supposées naître saines, on ajoute alors un terme  $\nu N(t)$  à la première ligne (voir figure (1.13)), on obtient le système suivant :

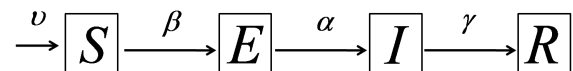


FIGURE 1.13 – Diagramme de transmission du modèle *SEIR*.

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta S(t)I(t) + \nu N(t), \\ \frac{dE(t)}{dt} = \beta S(t)I(t) - \alpha E(t), \\ \frac{dI(t)}{dt} = \alpha E(t) - \gamma I(t), \\ \frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t). \end{array} \right. \quad (1.7)$$

## Étape 3

Enfin, dans la troisième étape, on ajoute du taux de mortalité  $\mu$  de la population. Une personne pouvant décéder quelque soit son état ( $S$ ,  $E$ ,  $I$  ou  $R$ ), et de cause non liée à l'épidémie, on retire donc ces personnes de chaque ligne (soit  $-\mu S(t)$ , soit  $-\mu E(t)$ , soit  $-\mu I(t)$ , soit  $-\mu R(t)$  selon la sous-population considérée) (voir figure (1.14)) et on obtient le système suivant :

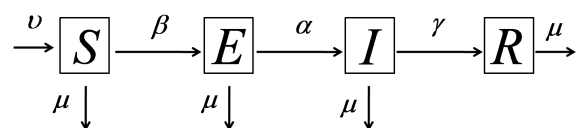


FIGURE 1.14 – Diagramme de transmission du modèle *SEIR*.

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta S(t)I(t) + \nu N(t) - \mu S(t), \\ \frac{dE(t)}{dt} = \beta S(t)I(t) - \alpha E(t) - \mu E(t), \\ \frac{dI(t)}{dt} = \alpha E(t) - \gamma I(t) - \mu I(t), \\ \frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t) - \mu R(t). \end{array} \right. \quad (1.8)$$

Après résolution numérique de ce système, pour un taux de natalité  $\nu = 0.008$ , un taux de mortalité  $\mu = 0.02$ , un taux d'incubation  $\alpha = 0.75$ , un taux de guérison  $\gamma = 0.05$  et un taux de transmission  $\beta = 0.8$ , le résultat est donné dans la figure (1.15).

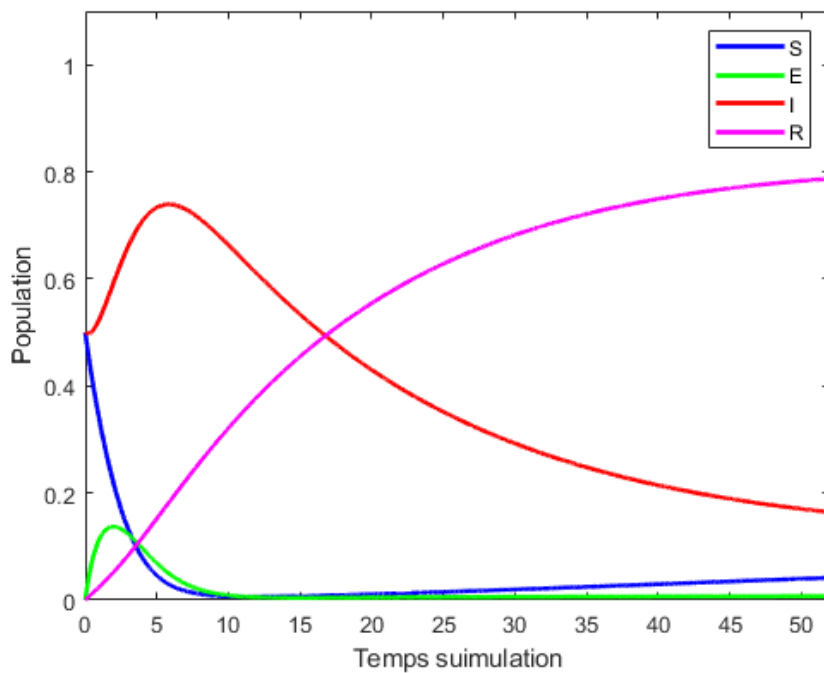


FIGURE 1.15 – Représentation graphique du modèle SEIR.

Pour cet exemple, le taux de mortalité est supérieur au taux de natalité. Le pic des personnes infectées non-infectieuses (courbe verte) précède le pic de la courbe (rouge représentant les personnes infectées infectieuses). De plus, une fois le pic (de la courbe rouge, personnes infectées) passé, la courbe

décroit ; simultanément, les courbes des personnes retirées (rouge) et saines (bleue) croissent.

#### 1.4.4.2 Modèle *SIRS*

Le modèle *SIRS* est une variante du modèle *SIR* où un individu au paravant immunisé peut perdre son immunisation et retourner dans la classe des susceptibles (on parle d'immunité partielle) [6]. Le modèle comporte les trois processus suivants :

- Un premier selon lequel un individu susceptible peut-être infecté au contact d'un individu infectieux, qui se produit avec un taux de transmission  $\beta$ .
- Un deuxième où un individu infecté peut guérir de manière spontanée avec un certain taux de guérison  $\gamma$ .
- Un dernier au cours duquel un individu guéri perd son immunité et devient à nouveau susceptible, de manière spontanée également, selon un taux  $\delta$ .

Le diagramme de transmission de ce modèle est donné dans la figure (1.16) et les équations d'évolution des différentes classes sont donnés par :

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta S(t)I(t) + \delta R(t), \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta S(t)I(t) - \gamma I(t), \\ \frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t) - \delta R(t), \end{cases} \quad (1.9)$$

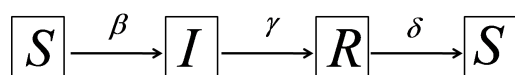


FIGURE 1.16 – Diagramme de transmission du modèle *SIRS*.

avec  $N = S(t) + I(t) + R(t)$ . La figure (1.17), montre l'évolution de ce modèle dans le temps, pour un taux de transmission  $\beta = 0.8$ , un taux de guérison  $\gamma = 0.4$  et un taux de retour à la classe susceptible  $\delta = 0.1$ .

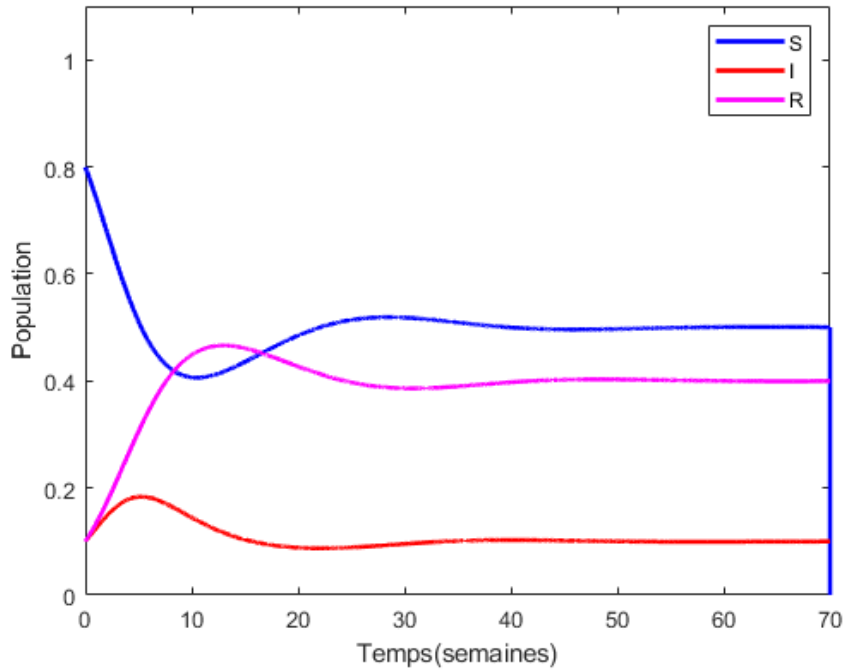


FIGURE 1.17 – Évolution du modèle *SIRS* dans le temps.

## 1.5 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons donné quelques notions de la modélisation mathématique en épidémiologie. Puis, nous avons présenté quelques modèles déterministes connus en épidémiologie. Dans le chapitre suivant nous nous intéressons au deuxième type de ces modèles à savoir les modèles stochastiques.



# Chapitre 2

## Modélisation stochastique en épidémiologie

### 2.1 Introduction

Le sujet de la modélisation stochastique des épidémies est vaste. Il existe de nombreux types possibles de modèles épidémiques stochastiques. La décision de choisir un type de modèle ou d'en inventer un nouveau dépend de la question spécifique à explorer et des données disponibles ou pouvant être obtenues [10]. Trois types de processus de modélisation stochastique sont décrits dans la littérature :

1. Un processus basé sur les chaînes de Markov en temps discret (*CMTD*),
2. Un processus basé sur les chaînes de Markov en temps continu (*CMTC*),
3. Un processus basé sur les équations différentielles stochastiques (*EDS*).

Ces processus stochastiques diffèrent dans les hypothèses sous-jacentes concernant le temps et les variables d'états. Dans un modèle *CMTD*, le temps et les variables d'états sont discrètes. Dans un modèle *CMTC*, le temps est continu, mais les variables d'états sont discrètes. Enfin, le modèle *EDS* est basé sur un processus de diffusion, où les variables de temps et d'états sont continues [3].

Un premier modèle épidémique stochastique a été proposé par A.G. McKendrick en 1926, qui précède ses travaux avec Kermack sur les modèles déterministes. En 1928 et 1931, Reed et Frost, et Greenwood ont proposé des modèles stochastiques en temps discret, qui procédaient par générations d'infectieux. Le modèle Reed-Frost, n'a pas été publié à l'époque, mais a été présenté dans des conférences en 1928. Bartlett, a étudié un modèle *SIR* stochastique en temps continu, et cela a commencé une abondante littérature dont nous ne mentionnons que quelques faits saillants. Le livre de Bailey (imprimé pour la

première fois en 1957) traite à la fois des modèles épidémiques déterministes et stochastiques et l'estimation de leurs paramètres [10].

Dans ce chapitre, nous donnons les différents concepts de base sur les processus stochastiques dont nous aurons besoin pour la modélisation stochastique des deux modèles *SIR* et *SIS* avec les chaînes de Markov à temps continu et discret.

## 2.2 Notions de base

### 2.2.1 Processus stochastique

**Définition 6.** *Un processus stochastique  $\{X(t), t \in \mathbb{T}\}$  est un ensemble de variables aléatoires, c'est-à-dire que pour tout  $t \in \mathbb{T}$ ,  $X(t)$  est une variable aléatoire [12]*

L'indice  $t$  est souvent interprété comme étant le temps. L'ensemble des valeurs que peut prendre  $\{X(t)\}$ , noté  $\mathbb{S}$  est appelé l'espace des états du processus, et l'ensemble  $\mathbb{T}$  est appelé l'ensemble des indices du processus.

Lorsque  $t$  représente le temps et lorsque  $\mathbb{T}$  est dénombrable, on dit que le processus est à temps discret, alors qu'il est à temps continu si  $\mathbb{T}$  est un intervalle dans  $\mathbb{R}$ .

**Définition 7.** *(Processus de comptage)[12]*

*Un processus stochastique à temps continu  $\{N(t), t \geq 0\}$  est un processus de comptage si  $N(t)$  représente le nombre total d'événements s'étant produits jusqu'au temps  $t$ .*

*Un processus de comptage possède donc les propriétés suivantes :*

- (i)  $N(t) \geq 0$  ;*
- (ii)  $N(t) \in \mathbb{N}$  ;*
- (iii) si  $0 \leq s < t$ , alors  $N(s) \leq N(t)$  ;*
- (iv) pour  $0 \leq s < t$ , l'accroissement  $N(t) - N(s)$  correspond au nombre d'événements se produisant dans l'intervalle  $[s, t]$ .*

### 2.2.2 Processus de Poisson

Soit  $X_t$ , le nombre de fois où se réalise un événement donné dans l'intervalle  $[0, t]$ ,  $X_0 = 0$ .  $\{X(t)_{t \geq 0}\}$  est dit processus de Poisson s'il satisfait aux trois conditions suivantes :

- i) Le processus continue est homogène dans le temps c'est à dire :

$$\mathbb{P}(X(t+s) - X(s) = k) = \mathbb{P}(X(t) = k) = p_k(t), \forall s > 0, t > 0, k \in \mathbb{N}.$$

Ceci veut dire que la probabilité d'avoir  $k$  événement dans un intervalle de longueur  $t$  ne dépend que de  $t$  et non pas de la position de l'intervalle par rapport à l'axe temporel.

- ii) Le processus est à accroissement indépendant, ceci veut dire que pour tout système d'intervalle disjoint, le nombre d'événements s'y produisant sont des variables aléatoires indépendantes, en particulier :

$$\begin{aligned}\mathbb{P}(X(t+s) - X(s) = k, X(s) = j) &= \mathbb{P}(X(t+s) - X(s) = k) \mathbb{P}(X(s) = j) \\ &= p_k(t) p_j(s), \quad \forall s > 0, t > 0.\end{aligned}$$

- iii) La probabilité que deux événements ou plus se produisent dans un petit intervalle  $\Delta t$  est négligeable par rapport à la probabilité qu'il y ait un seul événement :

$$p_k(\Delta t) = \begin{cases} o(\Delta t) & \text{si } k \geq 2, \\ \lambda \Delta t & \text{si } k = 1, \\ 1 - \lambda \Delta t & \text{si } k = 0. \end{cases}$$

$\lambda$  est appelé intensité du processus de Poisson (c'est le nombre moyen d'événements par unité de temps).

### 2.2.3 Processus de naissance et de mort

Soit  $\{X(t), t \geq 0\}$  un processus stochastique à espace d'états  $\mathbb{N} = \{0, 1, \dots\}$  et homogène dans le temps,  $\mathbb{P}(X(t+s) = j \mid X(s) = i) = p_{ij}(t)$  ne dépend pas de  $s$ .

$\{X(t), t \geq 0\}$  est dit processus stochastique de naissance et de mort si les conditions suivantes sont satisfaites :

- $p_{ii+1}(\Delta t) = \mathbb{P}(X(t+\Delta t) = i+1 \mid X(t) = i) = \lambda_i \Delta t + o(\Delta t), \quad i \geq 0.$
- $p_{ii-1}(\Delta t) = \mathbb{P}(X(t+\Delta t) = i-1 \mid X(t) = i) = \mu_i \Delta t + o(\Delta t), \quad i \geq 1.$
- $p_{ii}(\Delta t) = \mathbb{P}(X(t+\Delta t) = i \mid X(t) = i) = 1 - (\lambda_i + \mu_i) \Delta t + o(\Delta t), \quad i \geq 0.$

$\lambda_i > 0, \quad \mu_i > 0$  sont les taux de transitions.

$\lambda_i$  : taux de naissance (croissance).

$\mu_i$  : taux de mort (décroissance).

Le générateur infinitésimal du processus est donc une matrice dite tri-diagonale  $A = (a_{ij})_{ij \in \mathbb{N}}$  vérifiant  $a_{ij} = 0, |i-j| \geq 2$   $a_{nn+1} = \lambda_n, a_{nn-1} = \mu_n, \forall n \geq 1, (a_{01} = \lambda_0)$  et  $a_{ii} = -\sum_{i \neq j} a_{ij}$ .

$$A = \begin{pmatrix} -\lambda_0 & \lambda_0 & 0 & 0 & 0 & \dots \\ \mu_1 & -(\lambda_1 + \mu_1) & \lambda_1 & 0 & 0 & \dots \\ 0 & \mu_2 & -(\lambda_2 + \mu_2) & \lambda_2 & 0 & \dots \\ 0 & 0 & \ddots & \ddots & \ddots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \ddots & -(\lambda_N + \mu_N) & \lambda_N \end{pmatrix}$$

### 2.2.4 Chaîne de Markov

L'état au temps  $t$  du processus ne dépend que de son état au temps  $t - 1$ .

$$\mathbb{P}(X(t) = j \mid X(t_1) = i_1, \dots, X(t-1) = i_{t-1}) = \mathbb{P}(X(t) = j \mid X(t_1) = i_{t-1}).$$

La probabilité de passage d'un état  $i$  à un état  $j$  ne varie pas avec le temps.

$$\forall t, 1 < t \leq N \quad \mathbb{P}(X(t) = j \mid X(t_1) = i) = C.$$

Les chaînes de Markov homogènes dans le temps sont les chaînes dont les probabilités de transition  $\mathbb{P}(X(t) = j \mid X(s) = i)$  ne dépendent que de la durée de l'intervalle  $[s, t]$  et non pas de la position relative à l'axe temporel :

$$\mathbb{P}(X(t) = j \mid X(s) = i) = p_{ij}(t - s) \text{ ou bien } \mathbb{P}(X(t+s) = j \mid X(s) = i) = p_{ij}(t).$$

Les fonctions  $p_{ij}(t)$  ainsi définies obéissent aux propriétés suivantes :

1.  $p_{ij}(t) \geq 0, \forall t > 0,$
2.  $\sum_{i,j \in E} p_{ij}(t) = 1, \forall t > 0.$

#### Probabilités de transitions

**Définition 8.** Soit  $(X_n)_{n \geq 0}$  une chaîne de Markov à valeurs dans  $E$ , on appelle probabilité de transition la donnée pour tout  $n \geq 0$ , pour tout  $(i, j) \in E^2$  :

$$\mathbb{P}(X_{n+1} = j \mid X_n = i) = p_{ij}(n).$$

Une chaîne de Markov est dite homogène si  $p_{ij}(n)$  ne dépend pas de l'instant  $n$  :

$$\forall n \geq 0, \forall (i, j) \in E^2, p_{ij}(n) = p_{ij},$$

la définition précédente, veut dire que la probabilité de transition de l'état  $i$  à l'état  $j$  ne dépend pas de l'instant auquel la transition se fait.

#### Propriété de Markov

**Définition 9.** Une suite de v.a.  $(X_n)_{n \geq 0}$  définie sur  $(\Omega, \mathcal{A}, \mathbb{P})$  à valeurs dans un espace  $E$  discret est appelé Chaîne de Markov (C.M) si, pour tout  $n \geq 0$ , pour toute suite  $(i_0, i_1, \dots, i, j)$  éléments de  $E$  telle que ,  
 $\mathbb{P}(X_0 = i_0, \dots, X_n = i_n) > 0$ , nous avons :

$$\mathbb{P}(X_{n+1} = j \mid X_n = i, X_{n-1} = i_{n-1}, \dots, X_0 = i_0) = \mathbb{P}(X_{n+1} = j \mid X_n = i).$$

L'indice de la variable étant simulé dans le temps,  $X_n$  est dite l'observation du processus à l'instant  $n$ .

L'indice 0 étant initial, l'état  $X_0$  est dite l'état initial.

L'état  $j$  du processus à l'instant  $n+1$  ne dépend pas du passé,  $i_0, i_1, \dots, i_{n-1}$ , mais seul de l'état présent  $i$ . Cette propriété est appelée propriété de Markov.

### Matrice de transition

**Définition 10.** On appelle matrice de transition associée à la chaîne de Markov  $(X_n)_{n \geq 0}$  la matrice  $P = (p_{ij})_{i,j \in E}$  carrée d'ordre  $\text{Card}(E)$  si  $E$  est fini, telle que  $\sum_{j \in E} p_{ij} = 1$ , c'est donc une matrice stochastique.

### Graphe de transition

**Définition 11.** Le graphe de transition est construit à partir de la matrice de transition ainsi, les sommets sont les états et les arrêtes orientées représentent les  $p_{ij} > 0$ .

#### 2.2.4.1 Classification des états d'une chaîne de Markov

##### Classe irréductible

Soit  $(X_n)_{n \geq 0}$  une chaîne de Markov d'espaces d'états  $E$ .

**Définition 12.** Soient  $i, j \in E$ . On dit que  $j$  est accessible à partir de  $i$  et on note  $i \rightarrow j$  si

$$\exists n \in \mathbb{N} : p_{ij}^n = \mathbb{P}(X_n = j \mid X_0 = i) > 0.$$

On dit que  $i$  et  $j$  communiquent si chacun est accessible à partir de l'autre.

On note alors  $i \longleftrightarrow j$ .

##### Réurrence et transience

**Définition 13.** Soit  $i \in E$ . La variable aléatoire  $T_i = \inf \{n \geq 1, X_n = i\}$  est appelée temps d'atteinte de  $i$  ou encore temps de retour à  $i$  lorsque la chaîne  $(X_n)_{n \geq 0}$  part de  $i$ . Par convention, lorsque pour tout  $n \geq 1$ ,  $X_n \neq i$ , on pose  $T_i = +\infty$ .

**Définition 14.** Un état  $i \in E$  est dit récurrent si partant de  $i$  on y revient presque sûrement en temps fini.

$$\mathbb{P}(T_i < +\infty \mid X_0 = i) = 1.$$

L'état  $i$  est transitoire dans le cas contraire c.à.d lorsque.

$$\mathbb{P}(T_i = +\infty \mid X_0 = i) > 0.$$

Autrement dit : un état  $i$  est transitoire si avec une probabilité strictement positive on peut le quitter sans jamais y revenir.

**Lemme 1.**  $\forall n \in \mathbb{N}, \forall i, j \in E$ .

$$\mathbb{P}(N_i \geq n + 1 \mid X_0 = j) = \mathbb{P}(T_i < +\infty \mid X_0 = j) \mathbb{P}(N_i \geq n \mid X_0 = i).$$

Les états transitoires sont les états dans lesquels on ne passe qu'un nombre fini de fois. Par opposition, on revient une infinité de fois dans un état récurrent.

**Définition 15.** Une classe de communication  $C$  est dite absorbante si :  
 $\sum_{j \in C} p_{ij}, \forall i \in C$ .

Lorsque  $C$  est un singleton :  $C = \{i\}$  l'état  $i$  est dit absorbant.  $p_{ii} = 1$  (sur le graphe on a une boucle sur l'état  $i$  avec la probabilité 1).

### État périodique (périodicité)

**Définition 16.** Un état  $i$  est dit périodique de période  $d(i)$  si les temps de retours à  $i$  sont  $d(i)$ -périodiques où

$$d(i) = \text{PGCD} \left\{ n \geq 1 : p_{ii}^{(n)} > 0 \right\},$$

si  $d(i) = 1$ , l'état  $i$  est dit apériodique.

**Remarque 1.** L'état  $i$  tel que  $p_{ii} > 0$  est nécessairement apériodique, car on peut y retourner en tout temps entier.

La périodicité est une propriété de classe.

## 2.3 Les modèles stochastiques

Les modèles stochastiques sont probabilistes et étudient d'avantage les phénomènes à l'échelle microscopique, les systèmes évoluent d'une façon aléatoire dans tous l'espace sans qu'aucune équation qui les dirige et sans qu'aucune prévision ne soit possible dans le temps.

### 2.3.1 Formulation du modèle stochastique à partir d'une chaîne de Markov à temps discret : *CMTD*

Soient  $S(t), I(t)$  et  $R(t)$  des variables aléatoires discrètes représentant le nombre d'individus susceptibles, infectés et retirés au temps  $t$ , respectivement. Pour ce type de modèle, le temps «  $t$  » est discret et à valeurs dans l'ensemble  $\mathbb{T} = \{0, \Delta t, 2\Delta t, \dots\}$ .

$S(t), I(t), R(t)$  sont considérées comme des variables aléatoires discrètes sachant que,

$$S(t), I(t), R(t) \in \{0, 1, 2, \dots, N\}.$$

#### 2.3.1.1 Modèle *SIS*

Pour le modèle *SIS*, nous avons  $N = S + I$ , ce modèle est caractérisé par une seule variable aléatoire  $I(t)$  car  $S(t) = N - I(t)$  [5].

Soit  $\{I(t)\}_{t=0}^{\infty}$  le processus stochastique associé à la fonction de probabilité  $\mathbb{P}(I(t) = i) = p_i(t)$  pour  $i = 1, \dots, N$  et  $t = 0, \Delta t, 2\Delta t, \dots$ , de sorte que :

$$\sum_{i=0}^N p_i(t) = 1, \quad p_i(t) > 0, \quad \forall i, t.$$

Notons  $p(t) = (p_0(t), p_1(t), \dots, p_N(t))$  le vecteur de probabilité associé à  $I(t)$ . La propriété de Markov est respectée si :

$$\mathbb{P}(I(t + \Delta t) / I(0), I(\Delta t), I(2\Delta t), \dots, I(t)) = \mathbb{P}(I(t + \Delta t) / I(t)).$$

Cette propriété Markovienne, indique que la valeur future de  $I$  dépend uniquement de la valeur actuelle, et non de la trajectoire empruntée pour l'atteindre. Les deux états, actuel  $t$  et futur  $t + \Delta t$  sont liés par la probabilité de transition suivante :

$$p_{ji}(t + \Delta t, t) = \mathbb{P}(I(t + \Delta t) = j / I(t) = i).$$

Lorsque cette probabilité de transition ne dépend pas de  $t$ , le processus est alors dit homogène dans le temps. Cette propriété s'explique par le côté autonome du modèle déterministe, c'est pourquoi nous notons cette probabilité de transition par  $p_{ji}(\Delta t)$ .

Afin de réduire le nombre de transitions possibles nous supposons qu'au cours de l'intervalle de temps  $\Delta t$ , le nombre d'infectés ne peut varier qu'au plus d'un. Autrement dit, pour un  $\Delta t$  suffisamment petit, si  $I(t) = i$ , alors  $I(t + \Delta t)$  ne peut-être égal qu'à  $i - 1$  ou  $i + 1$ . Cela peut-être interprété par le fait que, soit il y a une nouvelle naissance dans la classe  $I(i \rightarrow i + 1)$ , une

nouvelle infection  $I(i \rightarrow i + 1)$ , un décès dans la classe  $I(i \rightarrow i - 1)$ , une guérison  $I(i \rightarrow i - 1)$  ou rien  $I(i \rightarrow i)$  dans un intervalle de temps  $\Delta t$ .

Autrement dit, pour  $i \in \{0, \dots, N\}$ , si  $j \notin \{i - 1, i, i + 1\}$ , alors,

$$p_{ji}(\Delta t) = 0.$$

Revenant au modèle *SIS* déterministe, nous avons vu dans le chapitre précédent que l'évolution de  $S(t)$  et de  $I(t)$  sont données par le système :

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta S(t)I(t) + \gamma I(t), \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta S(t)I(t) - \gamma I(t). \end{cases} \quad (2.1)$$

$\beta$  étant le taux d'infection et  $\gamma$  étant le taux de guérison, alors il y a dès lors  $\beta S(t)I(t)$  personnes nouvellement infectées et  $\gamma I(t)$  personnes nouvellement guéries (ou mortes). Cela peut-être interprété en terme de probabilités de transitions comme suit :

$$p_{ji}(\Delta t) = \begin{cases} \beta s i \Delta t & \text{si } j = i + 1, \\ \gamma i \Delta t & \text{si } j = i - 1, \\ 1 - [\beta s i + \gamma i] \Delta t & \text{si } j = i, \\ 0 & \text{si } j \neq i + 1 \neq i - 1 \neq i, \end{cases}$$

mais nous avons  $S(t) = N - I(t)$  d'où, les probabilités de transitions du modèle *SIS* sont données par :

$$p_{ji}(\Delta t) = \begin{cases} \beta(N - i) i \Delta t & \text{si } j = i + 1, \\ \gamma i \Delta t & \text{si } j = i - 1, \\ 1 - [\beta(N - i) i + \gamma i] \Delta t & \text{si } j = i, \\ 0 & \text{si } j \neq i + 1 \neq i - 1 \neq i. \end{cases}$$

Pour simplifier la notation et pour relier le processus épidémique *SIS* à un processus de naissance et de mort, la probabilité de transition pour une nouvelle infection est notée  $b_i$  et pour un décès ou une guérison est noté  $d_i$ . Par substitution dans le système précédent, on trouve :

$$p_{ji}(\Delta t) = \begin{cases} b_i & \text{si } j = i + 1, \\ d_i & \text{si } j = i - 1, \\ 1 - [b_i + d_i] \Delta t & \text{si } j = i, \\ 0 & \text{si } j \neq i + 1 \neq i - 1 \neq i. \end{cases}$$



En appliquant la propriété de Markov, les probabilités peuvent-êre exprimées à temps  $(t + \Delta t)$  par,

$$p_i(t + \Delta t) = p_{i-1}(t)b_{i-1} + p_{i+1}(t)d_{i+1} + p_i(t)(1 - [b_i + d_i]),$$

où  $b_i = \beta i(N - i)\Delta t,$   
et  $d_i = \gamma i\Delta t.$

D'où une matrice de transition est formée lorsque les états sont ordonnés de 0 à  $N$ .

Par exemple, l'élément  $(1, 1)$  de la matrice de transition de l'état zéro à l'état zéro est donné par  $p_{00}(\Delta t) = 1$  et l'élément  $(N + 1, N + 1)$  qui représente la probabilité de transition de l'état  $N$  à l'état  $N$  est donné par  $p_{NN}(\Delta t) = 1 - d_N$ .

La matrice de transition du modèle *SIS*,  $P(\Delta t)$  est donnée par :

$$P(\Delta t) = \begin{pmatrix} 1 & d_1 & 0 & \cdot & 0 \\ 0 & 1 - (b_1 + d_1) & d_2 & \cdot & 0 \\ \cdot & b_1 & 1 - (b_2 + d_2) & \cdot & 0 \\ \cdot & 0 & b_2 & \cdot & 0 \\ 0 & \vdots & \vdots & \cdot & d_N \\ 0 & \vdots & 0 & \cdot & 1 - d_N \end{pmatrix}$$

$P(\Delta t)$  est une matrice stochastique car la somme de chaque colonne est égale à 1. Par ailleurs, seul l'état 0 est absorbant les  $N$  autres étant transitifs. Pour un vecteur  $p(0)$  donné, nous pouvons maintenant écrire :

$$p(\Delta t) = P(\Delta t)p(0).$$

Il s'ensuit par récurrence que :

$$p(t + \Delta t) = P(\Delta t)p(t) = P^{n+1}(\Delta t)p(0) \quad \text{pour } t = n\Delta t.$$

Le graphe donné dans la figure (2.1) représente la chaîne de Markov ainsi constitué.

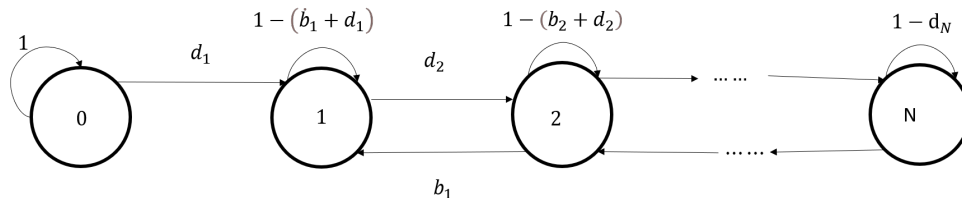


FIGURE 2.1 – Le graphe de transition pour le modèle *SIS*.

On déduit du graphe que la chaîne de Markov est irréductible. L'algorithme de cette méthode est donné par :

---

**Algorithme SIS CMTD**

---

**Debut**

```

% Initialisation des paramètres ;
lire ( $\beta$ ) ; % le taux d'infection ;
lire( $\gamma$ ) ; % le taux de guérison ;
lire( $t_{sim}$ ) ; % le temps de simulation ;
lire( $\Delta t$ ) ; % le pas de simulation lire( $N$ ) ; % la taille de la population ;
 $t = 1$  ; % indice
 $t(1) = 0$  ; % la valeur initiale ;
lire(  $I(1)$ ) ; % nombre initial des infectés ;
 $S(1) = N - I(1)$  ; % nombre initial des susceptibles ;
pour  $t = 2$  à  $t_{sim}$  à pas de  $\Delta t$  faire
    Calculer la probabilité d'une nouvelle infection  $p1 = \beta S(t)I(t)\Delta t$  ;
    Calculer la probabilité d'une guérison  $p2 = \gamma I(t)\Delta t$  ;
    Calculer la probabilité qu'il n'y ait aucun changement  $1 - (p1 + p2)$  ;
    Générer une suite de v.a.i.i.d  $u \sim \mathcal{U}([0, 1])$  ;
    si  $0 < u \leq p1$  alors
         $S(t + \Delta t) = S(t) - 1$  ;
         $I(t + \Delta t) = I(t) + 1$  ;
    sinon
        si  $p1 < u \leq p1 + p2$  alors
             $S(t + \Delta t) = S(t) + 1$  ;
             $I(t + \Delta t) = I(t) - 1$  ;
        sinon
             $S(t + \Delta t) = S(t)$  ;
             $I(t + \Delta t) = I(t)$  ;
    fin si ;
fin pour ;
Fin.

```

---

Voici ci-dessous des simulations de ce modèle effectuées sous Matlab.

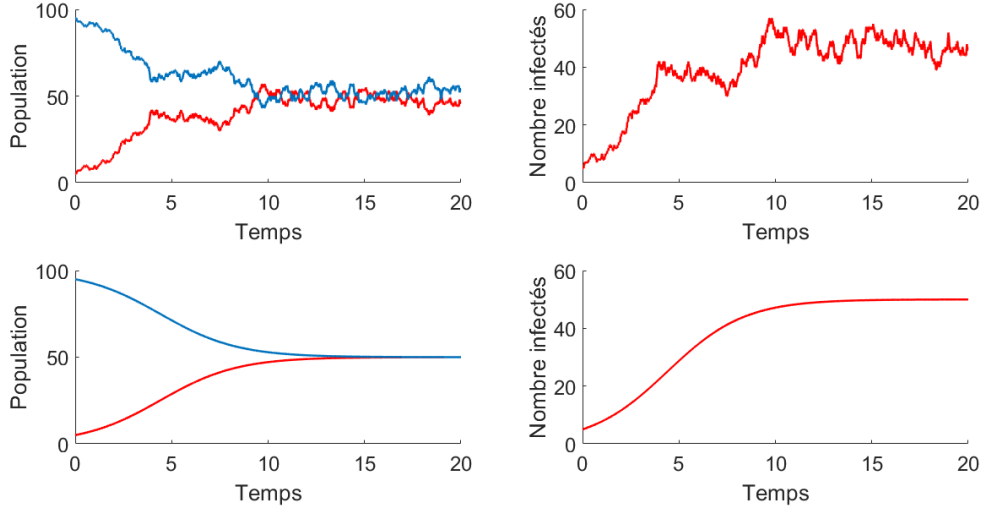


FIGURE 2.2 – Simulation du modèle *SIS* basé sur *CMTD*.  $\beta = 0.01$ ,  $\gamma = 0.5$ ,  $N = 100$ ,  $I(t = 0) = 5$ , temps de simulation 20 semaines et le pas de simulation 0.01.

La figure(2.2), représente la simulation du modèle *SIS*. À partir de cette figure, on remarque que quand on augmente le nombre total d'individus  $N$  et qu'on choisit un pas de temps  $\Delta t$  infinitésimale, le modèle stochastique se rapproche du modèle déterministe.

### 2.3.1.2 modèle *SIR*

Comme pour le modèle *SIR* déterministe, nous partageons la population en trois compartiments : les individus susceptibles  $S$ , les infectés  $I$ , les retirés  $R$  qui sont des variables aléatoires discrètes. Il y'a 2 variables aléatoires dépendantes  $S(t)$  et  $I(t)$ , puisque la variable aléatoire  $R(t) = N - S(t) - I(t)$  [3]. D'où la probabilité associée à ce processus à deux variables,  $\{S(t), I(t)\}_{t=0}^{\infty}$  est donnée par :

$$p_{si}(t) = \mathbb{P}(S(t) = s, I(t) = i),$$

les probabilités de transitions peuvent-être définies sur la base des hypothèses de la formulation déterministe *SIR* vue dans le chapitre précédent.

On discrétise le temps qui appartient dorénavant à  $\{0, \Delta t, 2\Delta t, \dots\}$ .

Nous supposons que  $\Delta t$  peut-être choisit suffisamment petit pour que dans un intervalle de temps  $\Delta t$  il n'y ait au plus un changement d'étude (soit une nouvelle infection, naissance, décès, ou une guérison). On aura :  $\{(S_n, I_n)\}_{n=0}^{\infty}$  chaîne de Markov homogène dans le temps, on a les transitions possibles sont :

$$\begin{aligned}
(s, i, r) &\longrightarrow (s - 1, i + 1, r), \\
(s, i, r) &\longrightarrow (s, i - 1, r), \\
(s, i, r) &\longrightarrow (s, i, r),
\end{aligned}$$

d'où les probabilités de transitions sont données par :

$$p_{(s+k, i+j)}(\Delta t) = \begin{cases} \beta i s \Delta t & \text{si } (k, j) = (-1, 1), \\ \gamma i \Delta t & (k, j) = (0, -1), \\ 1 - \beta i s \Delta t - \gamma i \Delta t & (k, j) = (0, 0), \\ 0 & \text{sinon .} \end{cases}$$

Où  $\Delta t$  est choisi petit pour que toute les quantités soient comprise entre 0 et 1.

Cependant, en appliquant la propriété de Markov, les différentes équations satisfaites par les probabilités  $p(s, i; t + \Delta t)$  peuvent-être exprimée en terme de probabilité de transition,

$$\begin{aligned}
p(s, i, t + \Delta t) &= p(s + 1, i - 1)(t) \beta (i - 1)(s + 1) \Delta t + \\
& p(s, i + 1)(t) \gamma (i + 1) \Delta t + \\
& p(s, i)(t) [1 - (\beta i s + \gamma i)] \Delta t.
\end{aligned} \tag{2.2}$$

L'algorithme de cette méthode est donné par :

---

**Algorithme SIR CMTD**

---

**Debut**

% Initialisation des paramètres ;

lire( $\beta$ ) ; % le taux d'infection ;

lire( $\gamma$ ) ; % le taux de guérison ;

lire( $t_{sim}$ ) ; % le temps de simulation ;

lire( $\Delta t$ ) ; % le pas de simulation lire( $N$ ) ; % la taille de la population ;

$t = 1$  ; % indice

$t(1) = 0$  ; % la valeur initiale ;

$R(1) = 0$  ; % la valeur initiale ;

lire( $I(1)$ ) ; % nombre initial des infectés ;

$S(1) = N - I(1)$  ; % nombre initial des susceptibles ;

**pour  $t = 2$  à  $t_{sim}$  à pas de  $\Delta t$  faire**

Calculer la probabilité d'une nouvelle infection  $p1 = \beta S(t)I(t)\Delta t$  ;

Calculer la probabilité d'une guérison  $p2 = \gamma I(t)\Delta t$  ;

Calculer la probabilité qu'il n'y ait aucun changement  $1 - (p1 + p2)$  ;

Générer une suite de v.a.i.i.d  $u \sim \mathcal{U}([0, 1])$  ;

**si  $0 < u \leq p1$  alors**

$S(t + \Delta t) = S(t) - 1$  ;

$I(t + \Delta t) = I(t) + 1$  ;

$R(t + \Delta t) = R(t)$  ;

**sinon****si  $p1 < u \leq p1 + p2$  alors**

$S(t + \Delta t) = S(t)$  ;

$I(t + \Delta t) = I(t) - 1$  ;

$R(t + \Delta t) = R(t) + 1$  ;

**sinon**

$S(t + \Delta t) = S(t)$  ;

$I(t + \Delta t) = I(t)$  ;

$R(t + \Delta t) = R(t)$  ;

**fin si ;****fin pour ;****Fin.**

---

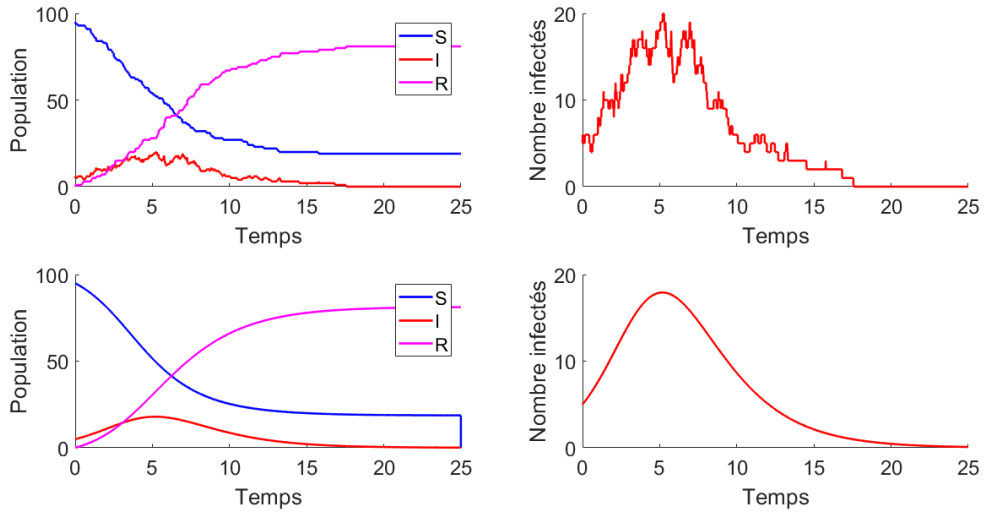


FIGURE 2.3 – Simulation du modèle  $SIR$  basé sur  $CMTD$ .  $\beta = 0.01$ ,  $\gamma = 0.5$ ,  $N = 100$ ,  $I(t = 0) = 5$ , temps de simulation 25 semaines et le pas de simulation 0.01.

La figure(2.3), représente la simulation du modèle  $SIR$  avec deux méthodes différentes à savoir : une méthode basée sur  $CMTD$  et une méthode déterministe. De la même façon que pour le modèle  $SIS$ , on constate que quand on augmente le nombre total d'individus  $N$  et qu'on choisit un pas de temps  $\Delta t$  infinitésimale, le modèle stochastique  $SIR$  se rapproche du modèle déterministe.

### 2.3.2 Formulation du modèle stochastique à partir d'une chaîne de Markov à temps continu : $CMTC$

On peut déduire les modèles basés sur les chaînes de Markov à temps continu à partir des modèles basés sur les chaînes de Markov à temps discret. Pour ce faire, on considère que le temps  $t \in [0, +\infty[$  et il faut choisir un pas de temps très petit pour le modèle à temps discret. Autrement dit, dans cette sous section, les variables aléatoires  $S(t)$ ,  $I(t)$  et  $R(t)$  sont considérées comme des variables aléatoires discrètes i.e.

$$S(t), I(t), R(t) \in \{0, 1, 2, \dots, N\},$$

et le temps  $t$  est continu.

### 2.3.2.1 Modèle SIS

Le processus stochastique de ce modèle dépend d'un ensemble de variables aléatoires discrètes  $\{I(t)\}$ ,  $t \in [0, \infty[$  et la probabilité associées [3],

$$p(t) = (p_0(t), \dots, p_N(t)), \text{ où}$$

$$p_i(t) = \mathbb{P}(I(t) = i).$$

Ce processus stochastique à la propriété de Markov. Les probabilités de transitions sont appelées probabilités de transitions infinitésimales car elles sont valables pour un  $\Delta t$  suffisamment petit, le terme  $o(\Delta t)$  est inclus dans la définition,

$$\lim_{t \rightarrow \infty} \left( \frac{o(\Delta t)}{\Delta t} = 0 \right).$$

Les probabilités de transitions pour ce modèle sont définies comme suit :

$$p_{ji}(\Delta t) = \begin{cases} \beta i(N-i)\Delta t + o(\Delta t) & j = i+1, \\ \gamma i\Delta t + o(\Delta t) & j = i-1, \\ 1 - (\beta i(N-i) + \gamma i)\Delta t + o(\Delta t) & j = i, \\ o(\Delta t) & \text{sinon.} \end{cases}$$

Pour simplifier la notation, on note :

$$b_i = \beta i(N-i)\Delta t \text{ et } d_i = \gamma i\Delta t.$$

tel que :

$b_i$  : représente une naissance (nouvelle infection).

$d_i$  : représente un décès ou une guérison.

$$p_{ji}(\Delta t) = \begin{cases} b_i + o(\Delta t) & j = i+1, \\ d_i + o(\Delta t) & j = i-1, \\ 1 - (b_i + d_i) + o(\Delta t) & j = i, \\ o(\Delta t) & \text{sinon.} \end{cases}$$

En appliquant la propriété de Markov et les probabilités de transitions infinitésimales :

$$p_i(t + \Delta t) = p_{i-1}(t)b_{i-1}\Delta t + p_{i+1}(t)d_{i+1}\Delta t$$

$$p_i(t)(1 - [b_i + d_i]\Delta t) + o(\Delta t).$$

Les équations sont les mêmes que les équations *CMTD* sauf que  $o(\Delta t)$  est ajouté.

En soustrayant  $p_i(t)$  et dérivant par  $\Delta t$ , et on faisant  $\Delta t \rightarrow 0$ , on obtient :

$$\frac{dp_i}{dt} = p_{i-1}b_{i-1} + p_{i+1}d_{i+1} - p_i [b_i + d_i],$$

pour  $i = 1, \dots, N$  et  $\frac{dp_0}{dt} = p_1d_1$ . Ces dernières équations sont connues sous le nom des équations différentielles de Chapman-Kolmogorov. La dernière relation peut-être donnée sous forme matricielle par :

$$\frac{dp}{dt} = Q(\Delta t)p.$$

Où  $p(t) = (p_0(t), \dots, p_N(t))$  et la matrice  $Q(\Delta t)$  qui est appelée matrice génératrice est donnée par :

$$Q(\Delta t) = \begin{pmatrix} 0 & d_1 & 0 & \cdot & 0 \\ 0 & -(b_1 + d_1) & d_2 & \cdot & 0 \\ \cdot & b_1 & -(b_2 + d_2) & \cdot & 0 \\ \cdot & 0 & b_2 & \cdot & 0 \\ 1 & \vdots & \vdots & \cdot & d_N \\ 0 & \vdots & 0 & \cdot & -d_N \end{pmatrix}$$

L'algorithme de cette méthode est donné par :



---

**Algorithme SIS CMTC**

---

**Debut**

% Initialisation des paramètres ;  
lire( $\beta$ ) ; % le taux d'infection ;  
lire( $\gamma$ ) ; % le taux de guérison ;  
lire( $t_{sim}$ ) ; % le temps de simulation ;  
lire( $N$ ) ; % la taille de la population ;  
 $j = 1$  ; % indice j  
 $t(1) = 0$  ; % la valeur initiale ;  
lire( $I(1)$ ) ; % nombre initial des infectés ;  
 $S(1) = N - I(1)$  ; % nombre initial des susceptibles ;  
**Tantque**  $I(j) > 0$  et  $t(j) \leq t_{sim}$  **faire**  
  Calculer  $b = \beta S(j)I(j)$  et  $d = \gamma I(j)$  ;  
  Calculer la probabilité d'une infection  $p1 = \frac{a}{a+b}$  ;  
  Calculer la probabilité d'une guérison  $p2 = \frac{b}{a+b}$  ;  
  Générer deux suites de v.a.i.i.d  $u1, u2 \sim \mathcal{U}([0, 1])$  ;  
  **si**  $0 < u1 \leq p1$  **alors**  
     $S(j + 1) = S(j) - 1$  ;  
     $I(j + 1) = I(j) + 1$  ;  
  **sinon**  
     $S(j + 1) = S(j) + 1$  ;  
     $I(j + 1) = I(j) - 1$  ;  
  **fin si** ;  
   $t(j + 1) = t(j) - \frac{\ln(u2)}{a+b}$  ;  
   $j = j + 1$  ;  
**fin Tantque** ;  
**Fin.**

---

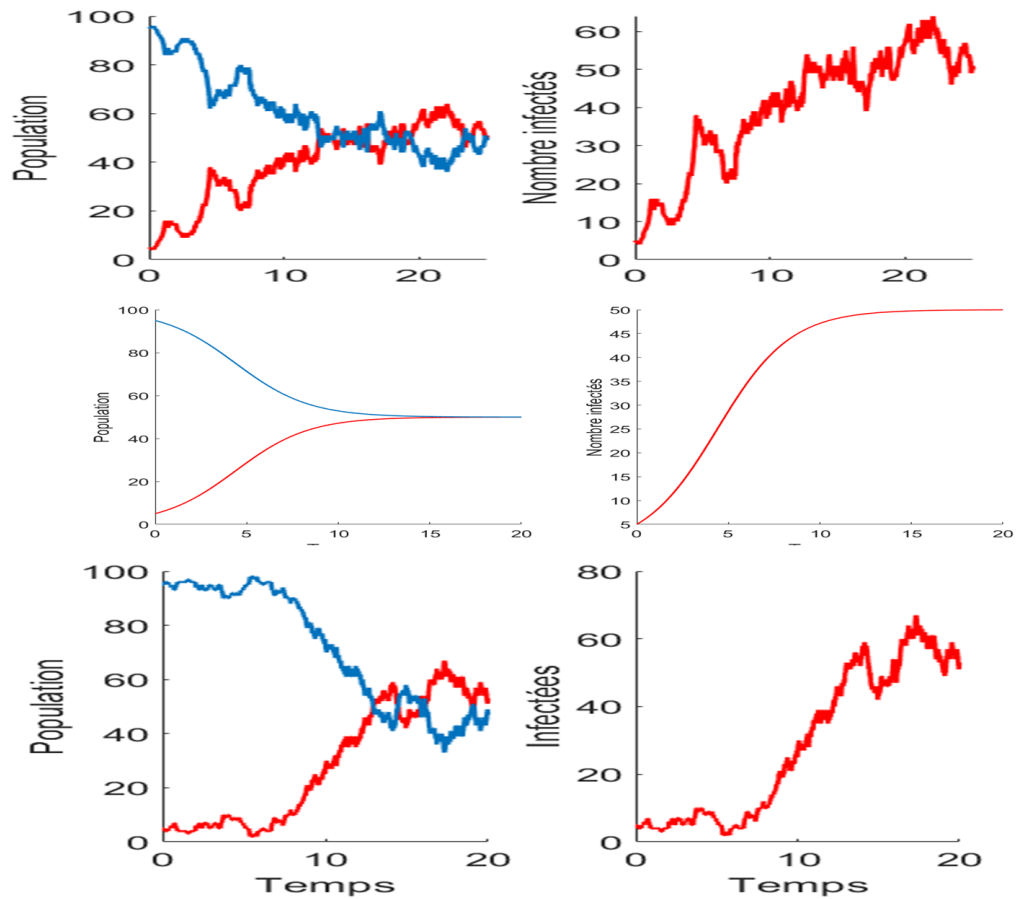


FIGURE 2.4 – Simulation du modèle *SIS* basé sur *CMTC*.  $\beta = 0.01$ ,  $\gamma = 0.5$ ,  $N = 100$ ,  $I(t = 0) = 5$ , temps de simulation 25 semaines.

La figure (2,4), représente la simulation du modèle *SIS*, par l'utilisation d'une méthode basée sur *CMTD*, une méthode déterministe et une méthode basée sur *CMTC*. On remarque que les trois modèles se rapproche comme illustré dans la figure (2.4).

### 2.3.2.2 Modèle *SIR*

De la même façon que pour le modèle *SIS*, on peut déduire le modèle *SIR* basé sur les *CMTC* à partir du modèle *SIR* basé sur les *CMTD* [4], on considère que le temps  $t \in [0, +\infty[$ , en choisissant un pas  $\Delta t$  très petit et on ajoutons aux probabilités de transitions le terme  $o(\Delta t)$  qui vérifie la condition

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} \frac{o(\Delta t)}{\Delta t} = 0.$$

D'où on obtient les probabilités de transitions infinitésimales suivantes :

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

Cependant, en appliquant la propriété de Markov, les différentes équations satisfaisantes par les probabilités  $p(s, i, t + \Delta t)$  peuvent-être exprimé en terme de probabilités de transitions :

$$\begin{aligned} p(s, i, t + \Delta t) &= p(s + 1, i - 1)(t) [\beta (i - 1) (s + 1) \Delta t + o(\Delta t)] \\ &\quad + p(s, i + 1)(t) [\gamma (i + 1) \Delta t + o(\Delta t)] \\ &\quad + p(s, i)(t) [1 - (\beta i s + \gamma i) \Delta t + o(\Delta t)]. \end{aligned}$$

L'algorithme de cette méthode est donné par :

---

**Algorithme SIR CMTC**

---

**Debut**

% Initialisation des paramètres ;  
lire ( $\beta$ ) ; % le taux d'infection ;  
lire( $\gamma$ ) ; % le taux de guérison ;  
lire( $t_{sim}$ ) ; % le temps de simulation ;  
lire( $N$ ) ; % la taille de la population ;  
 $j = 1$  ; % indice  $j$   
 $t(1) = 0$  ; % la valeur initiale ;  
 $R(1) = 0$  ; % la valeur initiale ;  
lire(  $I(1)$ ) ; % nombre initial des infectés ;  
 $S(1) = N - I(1)$  ; % nombre initial des susceptibles ;

**Tantque**  $I(j) > 0$  et  $t(j) \leq t_{sim}$  **faire**

Calculer  $b = \beta S(j)I(j)$  et  $d = \gamma I(j)$  ;  
Calculer la probabilité d'une infection  $p1 = \frac{a}{a+b}$  ;  
Calculer la probabilité d'une guérison  $p2 = \frac{b}{a+b}$  ;  
Générer deux suites de v.a.i.i.d  $u1, u2 \sim \mathcal{U}([0, 1])$  ;

**si**  $0 < u1 \leq p1$  **alors**

$S(j + 1) = S(j) - 1$  ;  
 $I(j + 1) = I(j) + 1$  ;  
 $R(j + 1) = R(j)$  ;

**sinon**

$S(j + 1) = S(j)$  ;  
 $I(j + 1) = I(j) - 1$  ;  
 $R(j + 1) = R(j) + 1$  ;

**fin si** ;

$t(j + 1) = t(j) - \frac{\ln(u2)}{a+b}$  ;  
 $j = j + 1$  ;

**fin Tantque** ;**Fin.**

---

La simulation est basée sur la méthode dite (Gillespie), c'est une méthode stochastique qui permet de simuler l'évolution aléatoire d'un système, en tenant compte des probabilités de réalisations des différents événements possibles.

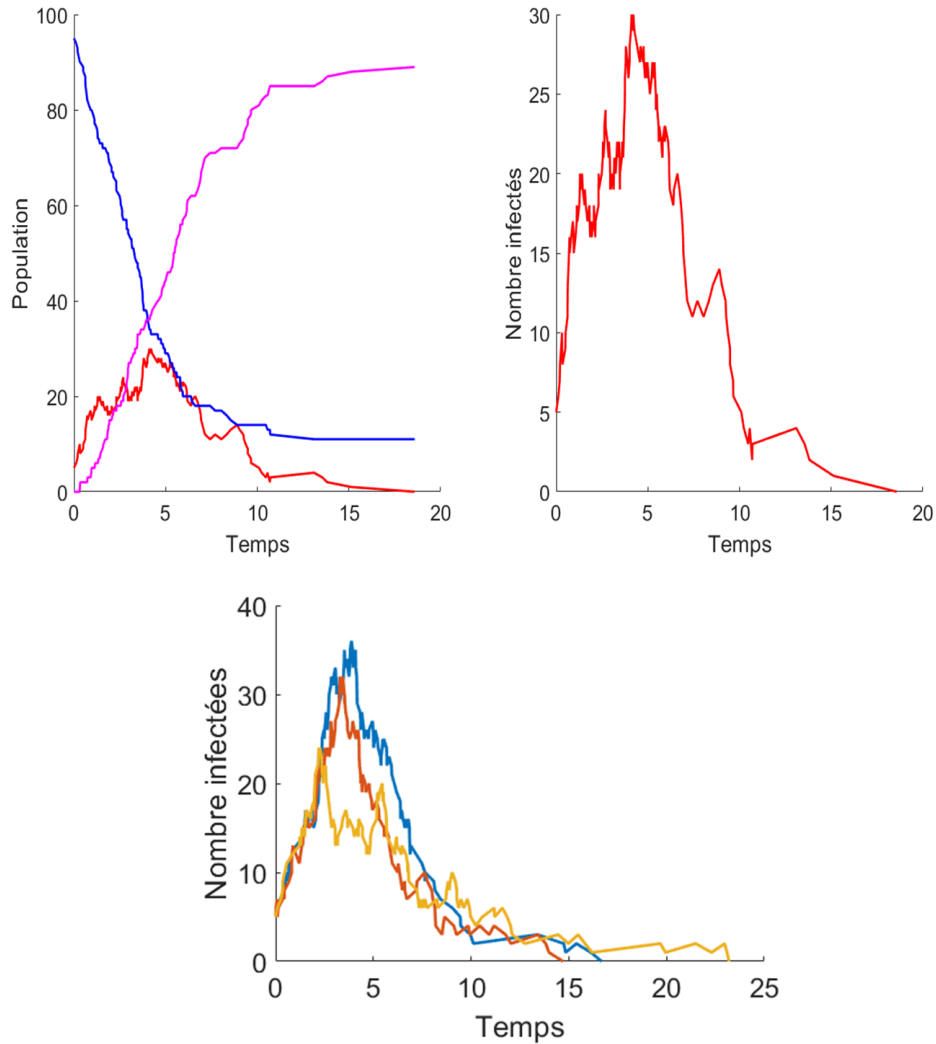


FIGURE 2.5 – Simulation du modèle  $SIR$  basé sur  $CMTC$ .  $\beta = 0.01$ ,  $\gamma = 0.5$ ,  $N = 100$ ,  $I(t = 0) = 5$ , temps de simulation 25 semaines.

La figure (2.5), représente la simulation du modèle  $SIR$  basé sur  $CMTC$ . De haut en bas et de droite à gauche : l'évolution du nombre d'individus susceptibles (courbe bleu), infectés (courbe rouge) et retirés (courbe magenta) en fonction du temps. L'évolution du nombre d'individus infectés (courbe rouge). L'exécution du programme de la simulation de l'évolution du nombre d'individus infectés à trois reprises.

## 2.4 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons donné quelques notions de base tel que les processus stochastiques, les chaînes de Markov, puis nous avons présenté quelque modèles stochastiques tel que les modèles *SIR* et *SIS* formulés à partir de chaînes de Markov a temps continu et discret.

# Chapitre 3

## Modélisation mathématique du Covid-19

### 3.1 Introduction

En décembre 2019, une épidémie de pneumonies d'allure virale inconnue a été décelée dans la ville de Wuhan, la sixième ville chinoise avec 19 millions d'habitants. Actuellement, des personnes du monde entier ont été touchées par la maladie du coronavirus 2019 (*Covid – 19*), qui est la cinquième pandémie après celle de la grippe de 1918. La première date d'apparition des symptômes du *Covid – 19* était le premier décembre 2019. Les autorités chinoises ont informé l'Organisation Mondiale de la Santé le 31 décembre 2019, le 9 janvier 2020, la découverte d'un nouveau coronavirus est annoncé par les autorités sanitaires chinoises et l'OMS. Le 11 mars 2020, l'augmentation rapide du nombre de cas en dehors de la Chine a conduit le docteur Tedros Adhanom Ghebreyesus, directeur général de l'OMS, à annoncer que la flambée pouvait être qualifiée de pandémie. À la mi-mars 2020, la région européenne de l'OMS était devenue l'épicentre de l'épidémie, notifiant plus de 40% des cas confirmés dans le monde. Au 28 avril 2020, la région concourait à 63% de la mortalité mondiale due au virus.

Le premier cas de *Covid – 19* en Afrique est apparu en février 2020 en Egypte. 53 pays africains sur 54 sont désormais touchés par le coronavirus. Depuis, plusieurs études trop alarmistes ont exploré la piste d'une "catastrophe africaine", qui, près de trois mois après le début de la crise, n'a pas eu lieu. Alors que l'Europe et les Etats-Unis ont dépassé le million de cas, le nombre officiel de contaminations en Afrique s'élève, à la mi-mai, à 75.530 cas enregistrés, selon le Centre pour la prévention et le contrôle des maladies

de l'Union africaine (*CDC* Afrique). Les États-Unis et le Brésil sont les pays où la pandémie de *Covid* – 19 progresse le plus rapidement [15].

Apparue en décembre 2019, la maladie *Covid* – 19 avait contaminé plus d'un million de personnes dans le monde au début du mois d'avril 2020, preuve de la forte contagiosité de son virus, le **Sars-CoV-2**. La capacité de transmission du coronavirus **Sars-CoV-2** est évaluée à travers la mesure du paramètre  $\mathcal{R}_0$ . Ce paramètre correspond au taux de reproduction du virus est indique le nombre de personnes que contamine un cas positif au *Covid* – 19. Plus ce paramètre est élevé, plus la maladie se transmet. La diffusion de variants, d'abord l'Alpha venu d'Angleterre puis le Delta venu d'Inde et l'Omicron d'Afrique du Sud ou encore le dernier variant en date le sous-variant BA.2 d'Omicron ont changé la donné car ils étaient beaucoup plus contagieux que la souche initiale du **Sars-Cov-2** de 2020. En juin 2022, le taux de reproduction du virus est estimé à 0,4 par l'*OMS* (une personne contaminée en contamine moins d'une autre) ce qui confirme la régression de l'épidémie, grâce notamment à la vaccination.

Dans ce chapitre, nous donnons tout d'abord quelques définitions de base sur le *Covid* – 19, puis nous présentons quelques modèles pour le calcul du taux de reproduction. Dans un deuxième temps, nous nous introduisons des travaux réalisés dans le domaine de la modélisation mathématique de l'évolution de la pandémie *Covid* – 19 tel que les modèles déterministes et stochastiques.

## 3.2 Généralités sur le Covid-19

Les coronavirus est une grande famille de virus, divisés en quatre genres à savoir  $\alpha$ –coronavirus,  $\beta$ –coronavirus,  $\gamma$ –coronavirus et  $\delta$ –coronavirus. Le **SARS-CoV-2** est le nom officiel du dernier  $\beta$ –coronavirus identifié en 2020.

### 3.2.1 Période d'incubation

La période d'incubation ou l'incubation couvre la période entre la contamination par le virus et l'apparition des premiers symptômes. Ce facteur fournit des données précieuses sur la dynamique du transmission de la maladie et aide à mettre en oeuvre les mesures de contrôle appropriées, telles que la recherche des contacts et l'estimation des temps d'isolement à domicile pour les personnes qui ont été infectées par le pathogène ou ont été en contact avec une personne infectée. La période d'incubation des différents variants de *Covid* – 19 varie de 1 à 14 jours. La durée médiane d'incubation



du *Covid-19* est de 5 jours. Cette durée est réduite avec la nouvelle variante Omicron. Il faut distinguer la période d'incubation à la période de latence qui est un autre facteur épidémiologique désignant la durée entre l'infection et le début de la phase infectieuse. En général la période d'incubation est plus longue que la durée de latence.

### 3.2.2 Période de contagiosité

Au début de l'épidémie de coronavirus l'organisation mondiale de la santé a expliqué que c'est surtout juste avant que les personnes infectées développent des symptômes (à savoir deux jours avant l'apparition de symptômes) et au tout début de la maladie qu'elles sont les plus contagieuses. Aujourd'hui, face au variant Omicron, les recherches n'ont pas démontré la contagion des personnes avant leur diagnostic (test) ou leurs symptômes mais plutôt au cours de la première semaine. La période de contagiosité reste une question qui a alimenté bien des discussions, notamment en épidémiologie.

### 3.2.3 Temps de génération $T_g$

Le temps de génération correspond à la durée nécessaire pour qu'une personne récemment infectée en infecte une autre. Il existe plusieurs points de vue sur sa définition, son utilité et les approches permettant de l'estimer. C'est un paramètre primordiale dans la dynamique d'une maladie transmissible, en effet la mise en place des mesures pour la maîtrise de la transmission d'une maladie tel que l'identification des cas, isolement et quarantaine sera plus facile pour une maladie avec une longue période de génération. Par exemple deux maladies ayant un taux de reproduction similaire égal à 2, mais un intervalle de génération différent (respectivement 3 et 9 jours), conduisent à un nombre de cas cumulés sur une période de 9 jours de 14 nouveaux cas pour la première maladie et de 2 pour la seconde. Le temps de génération peut-être calculé par la formule suivante :

$$T_g = \text{période d'incubation} + \frac{\text{période de contagiosité}}{2}. \quad (3.1)$$

Généralement, la plupart des études épidémiologiques se réfèrent à l'intervalle de génération comme la durée entre l'apparition des premiers symptômes chez une personne infectée et l'apparition des symptômes chez un cas secondaire infecté par ce premier cas.

### 3.2.4 Temps de doublement $T_d$

Le temps de doublement  $T_d$  est le temps nécessaire pour qu'une caractéristique du phénomène étudié voie sa valeur doubler. C'est une notion qui s'applique à plusieurs domaines : la démographie, la médecine, l'épidémiologie, etc. En épidémiologie, dans le cas d'un virus pathogène, plus le temps de doublement de sa reproduction est court, plus le risque d'invasion d'un organe, d'un organisme ou d'une épidémie ou pandémie est élevé. Le temps de doublement du nombre de personnes infectées est lié au taux de reproduction de base  $\mathcal{R}_0$ .

### 3.2.5 Taux de létalité

Le taux de létalité (souvent dit létalité) est la proportion de décès liés à une maladie ou à une affection particulière, par rapport au nombre total de cas atteints par la maladie ou concernés par la condition particulière. Il est plus fréquemment utilisé pour les infections sur des durées limitées et des infections aiguës. Le taux de létalité peut nous servir à mesurer la gravité de la maladie, à identifier les personnes à risque et à évaluer la qualité des soins de santé. Deux indicateurs sont utilisés pour évaluer le pourcentage de personnes infectées qui meurent suite à la maladie. Le premier est le taux de létalité réel **IFR** (Infection fatality rate), qui est utilisé pour estimer la proportion de décès parmi toutes les personnes infectées. Le second est le taux de létalité apparent **CFR** (Case fatality rate), qui est utilisé pour estimer la proportion de décès parmi les cas confirmés.

Le taux de létalité est souvent confondu avec un autre facteur épidémiologique, le «taux de mortalité», ce dernier mesure la probabilité qu'un individu de la population meure à cause de la maladie ; pas seulement parmi ceux qui sont infectés ou qui sont confirmés comme infectés. Il est calculé en divisant le nombre de décès dus à la maladie par le nombre total des individus dans la population.

#### 3.2.5.1 Calcul du ratio de létalité réel (IFR)

La gravité effective d'une maladie peut-être décrite par le taux réel de létalité (infection fatality rate)

$$\text{IFR} = \frac{\text{Nombre de décès dus à la maladie}}{\text{Nombre des individus infectés}} \times 100. \quad (3.2)$$

Une méthode pour calculer le nombre réel de personnes infectées consiste à effectuer un contrôle sérologique sur un échantillon aléatoire représentatif de

la population afin de détecter l'exposition à un agent pathogène. De nombreuses enquêtes sérologiques de ce type ont été menées dans le monde.

### 3.2.5.2 Calcul du ratio de létalité apparent (CFR)

Le taux de létalité apparent **CFR** (Case fatality rate) est la proportion de personnes chez qui une maladie a été diagnostiquée et qui y succombent ; il s'agit donc d'une mesure de la gravité pour les cas détectés.

$$\mathbf{CFR} = \frac{\text{Nombre de décès dus à la maladie}}{\text{Nombre total de cas détectés}} \times 100. \quad (3.3)$$

Les taux de létalité apparents fiables susceptibles d'être utilisés dans le but d'évaluer la létalité d'une épidémie que les mesures de santé publique misent en oeuvre, ces derniers sont généralement obtenus à la fin d'une flambée épidémique une fois que tous les cas ont été soit décédés ou rétablis.

### 3.2.5.3 Calcul du taux de létalité apparent (CFR) pendant une épidémie

Le taux de létalité apparent des cas calculés à l'aide de la formule (3.3) pendant une épidémie est une estimation conditionnelle, et cette valeur varie en fonction de la notification tardive du cas ou du décès. Par conséquent, la valeur estimée de ce facteur change considérablement au cours de l'épidémie et, à mesure que la maladie progresse, elle est résolue et tend à stabiliser la valeur finale estimée. La solution simple pour réduire le préjudice causé par les retards dans la résolution des cas pendant l'épidémie est de limiter l'analyse aux cas résolus ; la nouvelle formule est donnée comme suit [15]

$$\mathbf{CFR} = \frac{\text{Nombre de décès dus à la maladie}}{\text{Nombre total de cas détectés} + \text{Nombre des individus rétablis}} \times 100. \quad (3.4)$$

Cependant, cette méthode ne peut pas éliminer tous les écarts associés aux retards de notification. Par exemple, les différences dans le temps requis pour résoudre les cas peuvent biaiser cette estimation. Si les patients atteints de la maladie meurent plus rapidement qu'ils ne guérissent, dans ce cas le taux de létalité apparent (**CFR**) peut-être surestimé, sinon, il peut-être sous-estimé.

## 3.3 Taux de reproduction

Nous avons vu dans le chapitre 1 que le taux de reproduction de base  $\mathcal{R}_0$ , nous permet de suivre la progression de l'épidémie et de détecter les

changements dans la propagation du virus. Cet indicateur doit-être interprété en fonction du contexte de transmission. Par exemple, si l'infection est bien contrôlée (c'est-à-dire quelques cas) et qu'une éclosion est observée, le taux de reproduction augmentera. Cependant, si le nombre de cas est déjà élevé, une valeur élevée du taux de reproduction sera encore plus inquiétante.

### 3.3.1 Quelques méthodes pour le Calcul du taux de reproduction de base

Dans ce qui suit, nous donnons deux méthodes pour le calcul du taux de reproduction  $\mathcal{R}_0$ .

#### Méthode 1

En utilisant le temps de génération  $T_g$  [15] : la première étape consiste à calculer le taux d'accroissement (s'exprime souvent sous forme d'un pourcentage : par exemple un taux de croissance de 20% par jour signifie que la population est multipliée par 1 ; 2 chaque jour) de la courbe d'incidence (courbe associée aux nombre de nouveaux cas détectés chaque jour). Le taux de croissance est en général noté  $r$  et au passage, ce paramètre nous permet de calculer le temps de doublement de l'épidémie  $T_d$  par la formule :

$$T_d = \frac{\ln(2)}{r}. \quad (3.5)$$

Si le temps de doublement est de 4, alors en 4 jours une personne infecté en donnera 2 autres cas, puis 4 jours après en vont donner chacun 2, et ainsi de suite. Après 40 jours, donc 10 doublements, on aura eu 210 infections. Le taux de reproduction de base est lié au produit entre le taux de croissance  $r$  et le temps de génération  $T_g$  par la formule :

$$\mathcal{R}_0 \approx r \times T_g + 1. \quad (3.6)$$

#### Méthode 2

En utilisant la matrice « Next generation » [11] C'est une méthode introduite la première fois en 1990, c'est une méthode générale pour le calcul du  $\mathcal{R}_0$  dans le cas des modèles avec des compartiments, englobant les situations dans lesquelles la population est divisée en classes discrètes et disjointes. Dans cette méthode,  $\mathcal{R}_0$  est défini comme le rayon spectral (la plus grande

valeure propre) d'une certaine matrice appelée «l'opérateur de la prochaine génération». La formation de cet opérateur consiste à déterminer deux compartiments, infectés et non infectés, à partir du modèle. Supposons qu'il existe  $n$  compartiments dont  $m$  sont infectés. On ordonne les compartiments de sorte que les  $m$  premiers correspondent à des compartiments d'infectés. On définit le vecteur  $\bar{x} = (x_1, \dots, x_n)$ , où  $x_i$  est la proportion de la population dans le compartiment  $i$ . Soit  $F_i(\bar{x})$  le taux d'apparition de nouveaux cas infectés dans le compartiment  $i$ .

Posons  $V_i(\bar{x}) = V_i^-(\bar{x}) + V_i^+(\bar{x})$

où  $V_i^+$  désigne le taux de transmission des individus dans le  $i^{\text{ème}}$  compartiment, et  $V_i^-$  est le taux de transfert des individus hors du  $i^{\text{ème}}$  compartiment.

Donc  $F_i(\bar{x}) - V_i(\bar{x})$  donne le taux de variation de  $x_i$ . Notez que  $F_i$  ne doit inclure que les cas récemment apparues, et pas les termes qui décrivent le transfert d'individus infectieux entre les compartiments infectés. Supposons que les  $F_i$  et les  $V_i$  satisfaisaient les conditions décrites dans : On obtient la matrice du prochaine génération  $FV^{-1}$ , avec  $F$  et  $V$  sont définis comme suit :

$$F = \left[ \frac{\partial F_i(x_0)}{\partial x_j} \right]_{i,j=1\dots m} \quad \text{et} \quad V = \left[ \frac{\partial V_i(x_0)}{\partial x_j} \right]_{i,j=1\dots m}$$

(3.7)

avec  $x_0$  désigne l'équilibre sans maladie (le point auquel aucune maladie n'est présente dans la population). Ainsi le taux de reproduction de base  $\mathcal{R}_0$  est défini comme étant le rayon spectral de la matrice  $FV^{-1}$ .

## 3.4 Modèles mathématiques appliqués au Covid-19

Le champ de l'épidémiologie mathématique a connu, au cours de la pandémie de *Covid-19*, une production doublée d'une médiatisation exceptionnelle de ses travaux. Alors même que les données et les connaissances sur la maladie émergente étaient parcellaires, une grande diversité de modèles a été développée et appliquée dans des délais inédits, dans l'objectif d'estimer le nombre de reproduction, la date de début de l'épidémie ou l'incidence cumulée, mais aussi afin d'explorer différents scénarios d'interventions non pharmaceutiques. Leurs résultats ont largement contribué à l'épidémiologie surveillance et éclairé la prise de décisions relatives aux politiques de santé publique.

### 3.4.1 Modèles déterministes

#### 3.4.1.1 Modèle *SIR*

H. Ebraheem et al, ont développé un modèle *SIR* pour montrer l'effet de l'incorporation de deux périodes dans le modèle *SIR* simple. Ces délais correspondent à la période d'incubation et la période de guérison telle qu'elle apparaît dans *Covid - 19*. Dans un premier temps, on considère le modèle *SIR* classique :

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta S(t)I(t), \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta S(t)I(t) - \gamma I(t), \\ \frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t). \end{cases} \quad (3.8)$$

Par l'introduction de la période d'incubation  $\tau_1$  et la période de guérison  $\tau_2$  dans le système (3.8), on obtient le système suivant :

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta S(t - \tau_1)I(t - \tau_1), \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta S(t - \tau_1)I(t - \tau_1) - \gamma I(t - \tau_2), \\ \frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t - \tau_2). \end{cases} \quad (3.9)$$

Dans le système d'équations (3.9), un individu susceptible est supposé interagir avec un individu infectieux et ne se déplace vers le compartiment infecté qu'après un certain temps "période d'incubation". La période d'incubation  $\tau_1$  n'est valable que lors du passage du compartiment des susceptibles au compartiment des infectés. De même,  $\tau_2$  est la période pendant laquelle un individu infecté passe du compartiment infecté au compartiment des personnes guéris. Les variations des paramètres du modèle constituent différents cas correspondant à différentes situations. Les variations sont introduites en fonction de ce qui est observé dans la littérature pour prédire quelles sont les actions possibles du future.

Les auteurs ont montré que le modèle est bien adapté aux données pandémiques pour quatre pays (Allemagne, Italie, Koweït et Oman). L'étude montre que l'allongement de la période de guérison entraînera une double exposition et/ou une grande propagation de la maladie. Bien que le taux de mortalité ne représente qu'une fraction mineure du nombre total de cas infectés, il est important de l'inclure pour un nombre de reproduction plus précis [15].

### 3.4.1.2 Modèle *SEIRU*

Dans [13], Z. Liu et al ont développé un modèle composé de cinq compartiments (susceptibles, infectieux asymptomatiques, infectieux symptomatiques rapportés et non-rapportés, retirés de la chaîne de transmission), huit paramètres et conditions initiales estimées en ajustant le modèle aux données (chinoises en particulier, méthode d'estimation par ajustement exponentiel non détaillée) en faisant l'hypothèse que le nombre cumulé de cas infectieux symptomatiques rapportés croît de manière exponentielle au cours du temps et en utilisant des valeurs approximatives pour certains paramètres. Dans ce modèle les infectieux asymptomatiques et les infectieux non déclarés peuvent transmettre le virus, le système d'équation de ce modèle est donné par :

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS(t)}{dt} = -\tau(t)S(t)[I(t) + U(t)], \\ \frac{dE(t)}{dt} = \tau(t)S(t)[I(t) + U(t)] - \alpha E(t), \\ \frac{dI(t)}{dt} = \alpha E(t) - vI(t), \\ \frac{dR(t)}{dt} = v_1 I(t) - \eta R(t), \\ \frac{dU(t)}{dt} = v_2 I(t) - \eta U(t). \end{array} \right. \quad (3.10)$$

Avec :

$$S(t_0) = S_0 > 0, \quad E(t_0) = E_0 > 0, \quad I(t_0) = I_0 > 0, \quad U(t_0) = U_0 > 0, \quad R(t_0) = R_0 = 0.$$

Où

- $S(t)$  : le nombre d'individus susceptibles d'être infecté au temps  $t$ .
- $E(t)$  : le nombre d'individus asymptomatiques non infectieux (exposé) au moment  $t$ .
- $I(t)$  : le nombre d'individus asymptomatiques mais infectieux au moment  $t$ .
- $R(t)$  : le nombre d'individus infectieux symptomatiques déclarés au moment  $t$  (c'est-à-dire les individus infectieux symptomatiques présentant des symptômes graves).
- $U(t)$  : le nombre d'individus infectieux symptomatiques non déclarés au moment  $t$  (c'est-à-dire les individus infectieux symptomatiques présentant des symptômes légers ou nuls).

Les paramètres de ce système et leurs interprétations sont donnés dans le tableau (3.1) :

Paramètre	Interprétation
$t_0$	Date de début du modèle de l'épidémie (croît de manière exponentielle).
$S_0$	Nombre de personnes susceptibles au moment $t_0$ .
$I_0$	Nombre d'infectieux asymptomatiques au moment $t_0$ .
$R_0$	Nombre de cas infectieux symptomatique signalé au moment $t_0$ .
$U_0$	Nombre d'infectieux symptomatique non déclarés au moment $t_0$ .
$E_0$	Nombre d'individus asymptomatiques et non infectieux au moment $t_0$ .
$\tau(t)$	Taux de transmission au moment $t$ (contamination).
$v_1$	Taux auquel les individus asymptomatiques infectés devient des individus symptomatiques déclarés.
$v_2$	Taux auquel les infectés asymptomatiques devient des infectés symptomatiques non déclarés.
$f$	Fraction des personnes infectées asymptomatiques qui deviennent des personnes infectées symptomatiques déclarées.
$\frac{1}{v}$	Durée moyenne pendant laquelle les infectieux asymptomatiques sont asymptomatiques.
$\frac{1}{\eta}$	Durée moyenne d'apparition des symptômes chez les infectieux symptomatiques.
$\frac{1}{\alpha}$	Durée moyenne de la période exposée non infectieuse.
$\frac{1}{v}$	Durée moyenne d'apparition de symptômes chez les infectieux.

TABLE 3.1 – Les paramètres du modèle *SEIRU* et leurs interprétations.

Dans le système d'équations de ce modèle, les individus asymptomatiques non infectieux nouvellement infectés  $E(t)$  sont en incubation pendant une période moyenne de  $\frac{1}{\alpha}$  jours, les individus infectieux asymptomatiques  $I(t)$  sont infectieux pendant une période moyenne de  $\frac{1}{v}$  jours, les individus infectieux symptomatiques déclarés  $R(t)$  sont infectieux pendant une période moyenne de  $\frac{1}{\eta}$  jour, tout comme les individus infectieux symptomatiques non déclarés  $U(t)$ .

Nous supposons que les individus symptomatiques infectieux déclarés  $R(t)$  sont déclarés et isolés immédiatement, et ne causent pas d'autres infections. Les individus asymptomatiques  $I(t)$  peuvent également être considérés comme ayant un état symptomatique de faible niveau, toutes les infections sont contractées auprès des individus infectieux  $I(t)$  ou  $U(t)$ .

La figure (3.1) représente le diagramme de ce modèle.



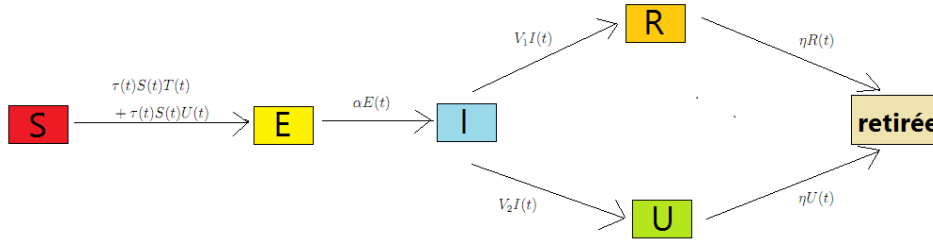


FIGURE 3.1 – Diagramme de transmission du modèle *SEIRU*.

Le flux de sortie de la classe exposée  $E$  est décrit par le terme  $-\alpha E(t)$ , cela signifie que le temps d'exposition suit une loi exponentielle, et la valeur moyenne du temps d'exposition est  $\frac{1}{\alpha}$ , le flux d'individus quittant la classe  $I$  est  $vI(t)$ .

Nous supposons qu'une fraction  $f$  d'infectieux asymptomatiques deviennent infectieuse symptomatiques déclarées et qu'une fraction  $1 - f$  deviennent infectieuse symptomatiques non déclarées, le taux d'élimination  $v$  des cas infectieux asymptomatiques  $I(t)$  prend la forme suivante :  $v = v_1 + v_2$  ou  $v_1 = f.v$ , et  $v_2 = (1 - f)$ .

Pendant la phase de croissance exponentielle,  $\tau(t) = \tau_0$  est constant, la formule de  $\tau(t)$  est donnée par :

$$\begin{cases} \tau(t) = \tau_1 & 0 \leq t \leq N, \\ \tau(t) = \tau_1 \exp(-\mu(t - N)) & N \leq t. \end{cases} \quad (3.11)$$

Le jour  $N$  correspond au jour où les mesures publiques prennent effet, et  $\mu$  est le rythme auquel elles prennent effet.

Le nombre cumulé de cas infectieux symptomatiques déclaré à l'instant  $t$ , noté  $CR(t)$  est donné par :

$$CR(t) = v_1 \int_{t_0}^t I(S) dS, \quad (3.12)$$

nous supposons que  $CR(t)$  a la forme suivante lorsque l'épidémie est dans la phase initiale de croissance exponentielle :

$$\begin{aligned} CR(t) &= \chi_1 \exp(\chi_2 t) - \chi_3, \\ CR(t_0) = 0 &\Leftrightarrow \chi_1 \exp(\chi_2 t_0) - \chi_3 = 0, \end{aligned} \quad (3.13)$$

$$\Rightarrow t_0 = \frac{1}{\chi_2} (\ln(\chi_3)) - (\ln(\chi_1)). \quad (3.14)$$

## Estimation des paramètres du modèle

Pour estimer les paramètres de ce modèle, nous fixons  $f, v, \eta, \alpha$ .

– Étape 1 : puisque  $f, \alpha, \eta$ , et  $v$  sont fixés, on sait que :  $v_1 = f \cdot v$  et  $v_2 = (1 - f) \cdot v$ .

– Étape 2 : en utilisant la relation (3.12), et l'équation de  $CR(t)$  donnée par l'équation (3.13) on obtient :

$$CR'(t) = v_1 I(t) \Rightarrow \chi_1 \chi_2 \exp(\chi_2 t) = v_1 I(t),$$

et

$$\frac{\exp(\chi_2 t)}{\exp(\chi_2 t_0)} = \frac{I(t)}{I(t_0)},$$

et donc :

$$I(t) = I_0 \exp(\chi_2 (t - t_0)), \quad (3.15)$$

De plus, en utilisant (3.15) à  $t = t_0$  :

$$I_0 = \frac{\chi_1 \chi_2 \exp(\chi_2 t_0)}{fv} = \frac{\chi_3 \chi_2}{fv}. \quad (3.16)$$

– Étape 3 : afin d'évaluer les paramètres du modèle, nous remplaçons  $S(t)$  par  $S_0$ , et ce dernier correspond à la population total du pays dans le membres des droites du système. Ce qui équivalant à négliger la variation des susceptibilités due à l'épidémie, ce qui est cohérent avec le fait que  $t \rightarrow CR(t)$  croit exponentiellement.

Il reste donc à estimer  $t_0, E_0$  et  $U_0$  à partir de système suivant :

$$\begin{cases} \frac{dE(t)}{dt} = E'(t) = \tau_0 S_0 [I(t) + v(t)] - \alpha E(t), \\ \frac{dI(t)}{dt} = I'(t) = \alpha E(t) - vI(t), \\ \frac{dU(t)}{dt} = U'(t) = v_2 I(t) - \eta U(t). \end{cases} \quad (3.17)$$

En utilisant la 2<sup>ème</sup> équation du système (3.17), on obtient :

$$E(t) = \frac{1}{\alpha} [I'(t) + vI(t)], \quad (3.18)$$

et en utilisant l'équation (3.15), on trouve,

$$I(t) = I_0 \exp(\chi_2 (t - t_0)) \text{ et } E(t) = E_0 \exp(\chi_2 (t - t_0)). \quad (3.19)$$

De même à partir de la première équation du système (3.17), on trouve

$$U(t) = \frac{1}{\tau_0 S_0} [E'(t) + \alpha E(t)] - I(t),$$

et donc :

$$U(t) = U_0 \exp(\chi_2(t - t_0)), \quad (3.20)$$

Par substitution des valeurs de  $E(t)$ ,  $I(t)$  et  $U(t)$  dans le système (3.17), on obtient :

$$\begin{cases} \chi_2 E_2 = \tau_0 S_0 [I_0 + U_0] - \alpha E_0, \\ \chi_2 I_0 = \alpha E_0 - U I_0, \\ \chi_2 U_0 = U_2 I_0 - \eta U_0. \end{cases} \quad (3.21)$$

Nous fixons ici  $\tau_0$  de telle sorte que la valeur  $\chi_2$  devienne la valeur propre dominante de l'équation linéarisée (3.21), et  $(E_0, I_0, U_0)$  est le vecteur propre positif associé à cette valeur propre dominante  $\chi_2$ . Ainsi, nous appliquons implicitement le théorème Perron Frobenius. De plus, la solution à croissance exponentielle  $(E(t), I(t), U(t))$  que nous considérons (qui débute très proche de  $(0, 0, 0)$ ) suit la direction du vecteur propre positif associé à la valeur propre dominante  $\chi_2$ , à partir des 2<sup>ème</sup> et 3<sup>ème</sup> équations du système (3.21) nous obtenons :

$$E_0 = \frac{\chi_2 + v}{\alpha} I_0, \quad U_0 = \frac{v_2}{\chi_2 + \eta} I_0, \quad (3.22)$$

par substitution dans la première équation du système (3.21), on obtient :

$$\tau_0 = \frac{(\chi_2 + \alpha) E_0}{S_0 [I_0 + U_0]} = \frac{(\chi_2 + U) (\chi_2 + \alpha) (\chi_2 + \eta)}{a S_0 (\chi_2 + \eta + v_2)}, \quad (3.23)$$

## L'estimation du taux de reproduction $\mathcal{R}_0$

Pour l'estimation du taux de reproduction, les auteurs ont utilisé la méthode de la matrice « Next generation ». Puisque nous sommes préoccupés seulement par les populations qui propagent l'infection, nous n'avons besoin que des classes exposées  $E$ , infectées  $I$  et  $U$ .

$$\begin{cases} \frac{dE(t)}{dt} = \tau S_0 [I(t) + U(t)] - \alpha E(t), \\ \frac{dU(t)}{dt} = v_2 I(t) - \eta U(t), \\ \frac{dI(t)}{dt} = \alpha E(t) - v I(t), \end{cases} \quad (3.24)$$

la matrice correspondante au système (3.24) est :

$$A = \begin{bmatrix} -\alpha & \tau S_0 & \tau S_0 \\ 0 & -\eta & v_2 \\ \alpha & 0 & -v \end{bmatrix}.$$

Cette matrice peut-être réécrite comme suit :  $A = F - V$ , tel que :

$$F = \begin{bmatrix} \alpha & \tau S_0 & \tau S_0 \\ 0 & 0 & v_2 \\ \alpha & 0 & 0 \end{bmatrix} \text{ et } V = \begin{bmatrix} \alpha & 0 & 0 \\ 0 & \eta & 0 \\ 0 & 0 & v \end{bmatrix}.$$

Par conséquent, la matrice "Next generation" est donnée par :

$$FV^{-1} = \begin{bmatrix} 0 & \frac{\tau S_0}{\eta} & \frac{\tau S_0}{v} \\ 0 & 0 & \frac{v_2}{v} \\ 1 & 0 & 0 \end{bmatrix}. \quad (3.25)$$

Le taux de reproduction de base  $\mathcal{R}_0$  est défini comme étant le rayon spectral de la matrice  $FV^{-1}$ .

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\tau S_0}{v} \left( 1 + \frac{v_2}{\eta} \right),$$

en utilisant (3.23), on obtient :

$$\mathcal{R}_0 = \frac{(\chi_2 + v)(\chi_2 + \alpha)(\chi_2 + \eta)S}{\alpha S_0(\chi_2 + \eta + v_2)} \frac{S}{v} \left( 1 + \frac{v_2}{\eta} \right),$$

et en utilisant  $v_2 = (1 - f)v$ , on obtient :

$$\mathcal{R}_0 = \frac{(\chi_2 + v)(\chi_2 + \alpha)(\chi_2 + \eta)}{\alpha v(\chi_2 + \eta + v_2)} \left( 1 + \frac{(1 - f)v}{\eta} \right). \quad (3.26)$$

Le modèle *SEIRU* a été appliqué sur les données pandémiques pour quatre pays (Chine, Corée du Sud, Espagne et Italie). L'étude a montré que contrairement aux pays européens (Espagne et Italie), pour les pays asiatique (la Corée du Sud et la Chine), l'épidémie s'est atténuée rapidement, en raison des importantes mesures mises en place pour restreindre la propagation de cette dernière.

### 3.4.2 Modèle *SIRU*

Les mêmes auteurs qui ont proposé le modèle *SEIRU*, ont proposé un autre modèle *SIRU* dans [14]. Ce modèle est le même que le modèle *SEIRU* mais sans le compartiment exposé *E*, à savoir ce modèle comprend quatre classes d'individus.

- 1  $S(t)$  Le nombre d'individus susceptibles à l'infection au temps  $t$ .
- 2  $I(t)$  Le nombre d'individus asymptomatiques infectieux à l'instant  $t$ .

3  $R(t)$  Le nombre d'individus infectieux asymptomatiques déclarés à l'instant  $t$  (c'est-à-dire les individus infectieux symptomatiques présentant des symptômes graves).

4  $U(t)$  Le nombre d'individus infectieux symptomatique non déclarés au moment  $t$  (c'est-à-dire individus infectieux symptomatiques présentant des symptômes légers ou aucun ).

Le système d'équations de ce modèle est donné par :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = S'(t) = -\tau(t)S(t)[I(t) + U(t)], \\ \frac{dI}{dt} = I'(t) = \tau(t)S(t)[I(t) + U(t)] - vI(t), \\ \frac{dR}{dt} = R'(t) = v_1I(t) - \eta R(t), \\ \frac{dU}{dt} = U'(t) = v_2I(t) - \eta U(t). \end{cases} \quad (3.27)$$

Avec les conditions initiales :

$$S(t_0) = S_0 > 0, I(t_0) = I_0 > 0, R(t_0) = R_0 \geq 0, \text{ et } U(t_0) = U_0 \geq 0.$$

Les paramètres de ce système sont représentés dans le tableau (3.2).

Paramètre	Interprétation
$t_0$	Date de début du modèle de l'épidémie (croit de manière exponentielle).
$S_0$	Nombre de personnes susceptibles au moment $t_0$ .
$I_0$	Nombre d'infectieux asymptomatiques au moment $t_0$ .
$R_0$	Nombre de cas infectieux symptomatique signalé au moment $t_0$
$U_0$	Nombre d'infectieux symptomatique non déclarés au moment $t_0$
$\tau(t)$	Taux de transmission au moment $t$ (contamination).
$v_1$	Taux auquel les individus asymptomatiques infectés devient des individus symptomatiques déclarés.
$v_2$	Taux auquel les infectés asymptomatiques devient des infectés symptomatiques non déclarés.
$f$	Fraction des personnes infectés asymptomatiques qui deviennent des personnes infectés symptomatiques déclarés.
$\frac{1}{\eta}$	Durée moyenne d'apparition des symptômes chez les infectieux symptomatoiques.
$\frac{1}{v}$	Durée moyenne d'apparition de symptômes chez les infectieux.

TABLE 3.2 – Les paramètres du modèle *SIRU* avec leur interprétations.

La figure (3.2) représent le diagramme du modèle.

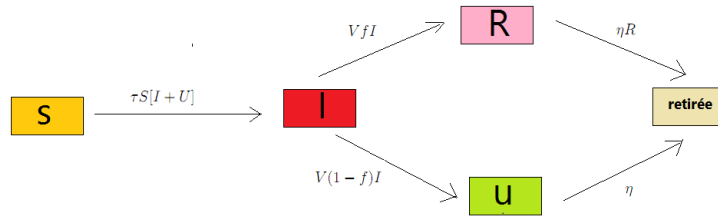


FIGURE 3.2 – Diagramme de transmission du modèle *SIRU*.

Les individus infectieux asymptomatiques  $I(t)$  sont infectieux pendant une période moyenne de  $\frac{1}{v}$  jours, les individus infectieux symptomatiques déclarés  $R(t)$  sont infectieux pendant une période moyenne de  $\frac{1}{\eta}$  jour, tout comme les individus infectieux symptomatiques non déclarés  $U(t)$ .

Nous supposons que les individus symptomatiques infectieux déclarés  $R(t)$  sont déclarés et isolés immédiatement, et ne causent pas d'autres infections. Les individus asymptomatiques  $I(t)$  peuvent également être considérés comme ayant un état symptomatique de faible niveau, toutes les infections sont contractées auprès des individus infectieux  $I(t)$  ou  $U(t)$ , une fraction  $f$  d'infectieux asymptomatiques deviennent infectieux symptomatiques déclarés et qu'une fraction  $1 - f$  deviennent infectieuses symptomatiques non déclarées, le taux d'élimination  $v$  des cas infectieux asymptomatiques  $I(t)$  prend la forme suivante :  $v = v_1 + v_2$  ou  $v_1 = f.v$ , et  $v_2 = (1 - f)$ .

### Résolution du problème

Pendant la phase de croissance exponentielle,  $\tau(t) = \tau_1$  est constant, on utilise ensuite un taux de transmission décroissant en fonction du temps  $\tau(t)$  pour intégrer les effets des mesures fortes prises par les autorités pour contrôler les épidémies car les effets réels de ces mesures sont complexes, la formule de  $\tau(t)$  pendant cette phase est :

$$\begin{cases} \tau(t) = \tau_1 & 0 \leq t \leq N, \\ \tau(t) = \tau_1 \exp(-\mu(t - N)) & N \leq t. \end{cases}$$

Le jour  $N$  correspond au jour où les mesures publiques prennent effet, et  $\mu$  est le rythme auquel elles prennent effet.

Au début de l'épidémie, nous supposons que tous les éléments infectés du système croissent de manière exponentielle alors que le nombre de personnes susceptibles sont inchangées pendant une période de temps relativement courte  $t \in [t_1, t_2]$ , ce qui correspond à un taux de transmission constant  $\tau_1$ , par

conséquent nous supposons que :

$$I(t) = I_1 e^{\chi_2(t-t_1)}, R(t) = R_1 e^{\chi_2(t-t_1)}, U(t) = U_1 e^{\chi_2(t-t_1)}, \quad (3.28)$$

nous déduisons que le nombre cumulatif de rapports satisfait :

$$CR(t) = CR(t_1) + \int_{t_1}^t v_1 I(\theta) d\theta, \quad (3.29)$$

en remplace  $I(t)$  par la formule exponentielle on trouve :

$$CR(t) = CR(t_1) + \frac{v_1 I_1}{\chi_2} (e^{\chi_2(t-t_1)} - 1), \quad (3.30)$$

il est donc logique que :

$$CR(t) - CR(t_1) = \chi_1 e^{\chi_2(t-t_1) - \chi_3}, \quad (3.31)$$

en identifiant (3.30), (3.31), nous déduisons :

$$\chi_1 = \chi_3 = \frac{v_1 I_1}{\chi_2}. \quad (3.32)$$

De plus, en supposant que le nombre de susceptibles  $S(t)$  reste constant  $S_0$  sur l'intervalle de temps  $t \in [t_1, t_2]$ , l'équation de  $I, R$  et  $v$  du premier modèle devienne :

$$\begin{cases} I'(t) = \tau_1 S_1 [I(t) + U(t)] - vI(t), \\ R'(t) = v_1 I(t) - \eta R(t), \\ U'(t) = v_2 I(t) - \eta U(t), \end{cases} \quad (3.33)$$

en utilisant les expressions de  $I(t), R(t)$  et  $U(t)$  dans (3.28), on obtient :

$$\begin{cases} \chi_2 I_1 = \tau_1 S_1 [I_1 + v_1] - v I_1, \\ \chi_2 R_1 = v_1 I_1 - \eta R_1, \\ \chi_2 U_1 = v_2 I_1 - \eta U_1, \end{cases} \Rightarrow \begin{cases} R_1 = \frac{v_1}{\chi_2 + \eta} I_1, \\ U_1 = \frac{v_2}{\chi_2 + \eta} I_1, \\ \tau_1 = \frac{(\chi_2 + v) I_1}{S_1 [I_1 + U_1]}. \end{cases} \quad (3.34)$$

À partir de la relation (3.32), on déduit :

$$I_1 = \frac{\chi_2 \chi_3}{v_1},$$

par substitution dans le système (3.34), on trouve

$$\begin{cases} R_1 = \frac{\chi_2 \chi_3}{\chi_2 + \eta}; \\ U_1 = \frac{v_2 \chi_2 \chi_3}{v_1 (\chi_2 + \eta)}; \\ \tau_1 = \frac{(\chi_2 + v)(\chi_2 + \eta)}{S_1 (v_2 + \eta + \chi_2)}. \end{cases} \quad (3.35)$$

La valeur du taux de reproduction est donnée par :

$$\mathcal{R}_0 = \left( \frac{\tau_1 S_1}{v_1 + v_2} \right) \left( 1 + \frac{v_2}{\eta} \right). \quad (3.36)$$

### 3.4.2.1 Modèle SEIR

Zhihui et al. [15] ont construit un modèle épidémique de type *SEIR* pour le *Covid* – 19 intégrant l'impact des contacts entre les individus susceptibles et les infectés asymptomatiques/ symptomatiques. Le modèle est donné par le système suivant :

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = A - \frac{\beta_1(1-d)S(t)I_A(t)}{1+\beta_1(1-d)h_1I_A(t)} - \frac{\beta_2(1-d)S(t)I(t)}{1+\beta_2(1-d)h_2I(t)} - \mu S(t), \\ \frac{dE(t)}{dt} = \frac{\beta_1(1-d)S(t)I_A(t)}{1+\beta_1(1-d)h_1I_A(t)} + \frac{\beta_2(1-d)S(t)I(t)}{1+\beta_2(1-d)h_2I(t)} - (\mu + \mu_1 + \gamma_{11} + \gamma_{12})E(t), \\ \frac{dI_A(t)}{dt} = \gamma_{11}E(t) - (\mu + \mu_{21} + \gamma_{21})I_A(t), \\ \frac{dI(t)}{dt} = \gamma_{12}E(t) - (\mu + \mu_{22} + \gamma_{22})I(t), \\ \frac{dR(t)}{dt} = \mu_1 E(t) + \gamma_{21}I_A(t) + \gamma_{22}I(t) - \mu R(t). \end{cases} \quad (3.37)$$

Avec les conditions initiales :

$$S(t_0) = S_0 > 0, I_A(t_0) > 0, I(t_0) > 0, R(t_0) = R_0.$$

Les paramètres de ce système et leurs définitions sont donnés dans le tableau (3.3).



Paramètre	Interprétation
$S$	Nombre d'individus susceptibles.
$I_A$	Nombre de cas infectés asymptomatiques.
$I$	Nombre de cas infectés symptomatiques.
$R$	Nombre de cas retirés.
$E$	Nombre d'individus exposés.
$A$	Vague de la sous-population susceptibles.
$\beta_1$	Taux d'infection d'individus infectés asymptomatiques.
$\beta_2$	Taux d'infection d'individus infectés symptomatiques.
$h_1$	Temps moyen passé par un individu à la sous-population infectée asymptomatiques.
$h_2$	Temps moyen passé par un individu à la sous-population infectée symptomatiques.
$\mu$	Taux de mortalité due a une cause naturelle.
$\mu_1$	Taux de récupération de la sous-population d'incubation.
$\mu_{21}$	Taux de mortalité chez les individus infectés asymptomatiques à cause de la maladie ( <i>Covid – 19</i> ).
$\mu_{22}$	Taux de mortalité chez les individus infectés symptomatiques à cause de la maladie ( <i>Covid – 19</i> ).
$\gamma_{11}$	Taux de transition de la sous-population d'incubation à la sous-population infectée asymptomatiques.
$\gamma_{12}$	Taux de transition de la sous-population d'incubation à la sous-population infectée symptomatiques.
$\gamma_{21}$	Taux de guérison de la sous-population infectée asymptomatiques.
$\gamma_{22}$	Taux de guérison de la sous-population infectée symptomatiques.
$d$	Distance de contact entre les individus susceptibles et les individus infectés asymptomatiques.

TABLE 3.3 – Les paramètres du modèle *SEIR* et leurs interprétations.

Le compartiment  $I_A$  désigne les personnes infectées asymptomatiques. Les principales résultats de ce travail montrent que les contacts entre les individus infectés sains et les personnes asymptomatiques/ symptomatiques joue un rôle important dans le contrôle du *Covid – 19*. De plus, les résultats révèlent que le temps passé à l'extérieur (sans respect des mesures du confinement) des individus infectés symptomatiques/asymptomatiques n'a aucune influence sur le contrôle théorique du *Covid – 19*. Ainsi cette étude donne quelques méthodes théoriques pour contrôler le *Covid – 19* et quelques gestions raisonnables pour les décideurs politiques. Cependant, elle utilise la distance de contact moyenne dans les processus de modélisation et ne consi-

dère pas les effets temporels et spatiaux sur la distance de contact. D'autre part, ce modèle considère la transmission respiratoire et la transmission par contact uniquement dans les processus de modélisation, et ne prend pas en compte la transmission par aérosol.

### 3.4.3 Modèles stochastiques

#### 3.4.3.1 Le modèle *SIRD*

Le modèle *SIRD* est réalisé pour décrire la propagation d'épidémie de *Covid* – 19, on considère une population fixe (pas de naissances ni de décès) de  $N$  individus répartis en quatre compartiments susceptibles  $S$ , infectés  $I$ , retirés  $R$  et morts  $D$ , en principe, il est également possible d'inclure la dynamique dite vitale en introduisant des taux de natalité et de mortalité, les effets peuvent-être considérés comme négligeables [9].

Nous supposons que le nombre d'individus de chaque classe évolue dans le temps  $t \in [0, \infty[$  à cause de deux mécanismes : les individus susceptibles devient infectés et les individus infectés guérissent ou meurent.

Pour décrire le mécanisme d'infection, nous supposons que le taux de nouveaux cas infectieux est proportionnel au nombre d'individus susceptibles  $S(t)$  multiplié par la fraction de personnes infectées  $\frac{I(t)}{N}$ . Le facteur de proportionnalité est noté par  $\beta > 0$  qui représente le nombre moyen de contacts d'une personne par unité de temps qui résultent en une infection d'un individu susceptible.

En ce qui concerne le mécanisme de récupération, nous supposons qu'un individu infecté a une probabilité  $\alpha \in [0, 1]$  de mourir et  $1 - \alpha$  de guérir.

De plus, soit  $\tau_1$  le temps d'incubation qui, dans ce modèle, est le temps après lequel un individu ayant contracté le virus est infecté et devient contagieux,  $\tau_2$  et  $\tau_3$  respectivement le taux de guérison et de mort, comptés après la période d'incubation. Dans un premier temps, nous supposerons que  $\tau_1$ ,  $\tau_2$ ,  $\tau_3$  sont constants ; dans un second temps, cette hypothèse sera-être relâchée pour simuler des effets comme ceux liés au verrouillage

Considérons  $(S, I, R, D)$  comme quatre variables aléatoires qui prennent des valeurs dans  $N^4$  et dépendent du temps  $t$ . L'épidémie est déclenchée par un petit nombre d'individus infectés  $I_0$ , c'est-à-dire qu'au temps  $t = 0$  nous avons :

$$(S, I, R, D) = (N - I_0, I_0, 0, 0),$$

avec  $I_0 < S_0$ .

Nous divisons l'ensemble  $(S, I, R, D)$  en trois sous-ensembles dans chacun

desquels sera défini un processus stochastique. Le premier ensemble est  $(S, I)$ , correspondant au mécanisme d'infection. Nous considérons les deux variables aléatoires comme non synchronisées dans le temps. En particulier, on définit,

$$\tilde{I}(t) = I(t + \tau_1),$$

et nous considérons le nouvel ensemble  $(S, \tilde{I})$  et supposons qu'au temps  $t$  les variables aléatoires prennent les valeurs  $(s, i)$ , c'est-à-dire

$$(S(t), \tilde{I}(t)) = (s, i).$$

Après une petite période de temps  $\Delta t > 0$ ,  $\Delta t < \min \tau_i$ , l'état du système change en

$$(S(t + \Delta t), \tilde{I}(t + \Delta t)) = (s + m, i + n),$$

tel que  $m, n \in \{-1, 0, 1\}$ .

D'où nous définissons une chaîne de Markov à temps continu dont la probabilité de transition peut s'écrire comme suit

$$p_{(s,i) \rightarrow (s+m,i+n)}(\Delta t) = \begin{cases} \beta s \frac{i}{N} \Delta t + o(\Delta t) & (m, n) = (-1, 1), \\ 1 - (\beta s \frac{i}{N}) \Delta t + o(\Delta t) & (m, n) = (0, 0), \\ o(\Delta t) & \text{sinon.} \end{cases}$$

Le deuxième ensemble de variables aléatoires est  $(I, R)$ , couplé au premier. On définit

$$\begin{aligned} \tilde{\tilde{I}}(t) &= I(t + \tau_1 + \tau_2), \\ \tilde{\tilde{R}}(t) &= R(t + \tau_1 + \tau_2), \end{aligned}$$

supposons qu'à l'instant  $t$  les variables aléatoires  $\tilde{\tilde{I}}, \tilde{\tilde{R}}$  prennent les valeurs  $(i, r)$ , c'est-à-dire que

$$(\tilde{\tilde{I}}(t), \tilde{\tilde{R}}(t)) = (i, r).$$

Après une petite période de temps  $\Delta t > 0$ , l'état du système change en

$$(\tilde{\tilde{I}}(t + \Delta t), \tilde{\tilde{R}}(t + \Delta t)) = (i + n, r + u),$$

Avec  $n, u \in \{-1, 0, 1\}$ . De plus, étant donné qu'une guérison au temps  $t + \tau_1 + \tau_2$  est liée à une infection dans l'intervalle passé  $[t + \tau_1, t + \tau_1 + \Delta t]$ , nous devons connaître les valeurs prises par la variable aléatoire  $\tilde{I}$  en  $t$  et  $t + \Delta t$ . Dans ce cas, un processus stochastique non-markovien à temps continu est défini avec la probabilité de transition.

$$p_{(i,r) \rightarrow (i+n,r+u)}(\Delta t) = \begin{cases} (1 - \alpha)\Delta t + o(\Delta t) \cdot & (n, u) = (-1, 1), \\ 1 - (1 - \alpha)\Delta t + o(\Delta t) & (n, u) = (0, 0), \\ o(\Delta t) & \text{sinon.} \end{cases}$$

Enfin, le troisième ensemble de variables aléatoires est  $(I, D)$ , qui est également couplé au premier ensemble. Maintenant, nous définissons

$$\hat{I}(t) = I(t + \tau_1 + \tau_3), \hat{D}(t) = D(t + \tau_1 + \tau_3),$$

et on considère le couple  $(\hat{I}, \hat{D})$ , supposons qu'à l'instant  $t$  les variables aléatoires prennent les valeurs  $(i, d)$ , soit,

$$(\hat{I}(t), \hat{D}(t)) = (i, d),$$

Après une petite période de temps  $\Delta t > 0$ , l'état du système change en

$$(\hat{I}(t + \Delta t), \hat{D}(t + \Delta t)) = (i + n, d + v),$$

ou  $n, v \in \{-1, 0, +1\}$ . De plus, étant donné qu'un décès au temps  $t + \tau_1 + \tau_3$  est lié à une infection dans l'intervalle passé  $[t + \tau_1, t + \tau_1 + \Delta t]$ , nous devons connaître les valeurs prises par la variable aléatoire  $\tilde{I}$  en  $t$  et  $t + \Delta t$ . Dans ce cas, un processus stochastique non-markovien à temps continu est défini avec la probabilité de transition

$$p_{(i,d) \rightarrow (i+n,d+v)}(\Delta t) = \begin{cases} \alpha\Delta t + o(\Delta t) \cdot & (n, v) = (-1, 1), \\ (1 - \alpha)\Delta t + o(\Delta t) & (n, v) = (0, 0), \\ o(\Delta t) & \text{sinon.} \end{cases}$$

### Algorithme de la méthode de simulation [9]

Une simulation efficace du modèle *SIRD* peut-être réalisée par une approche Monte-Carlo.

L'état du système est représenté par un vecteur aléatoire dépendant du temps

$$X(t) = (X_1(t), X_2(t), \dots, X_N(t)) \in F^N,$$

pour  $t \geq 0$ , où  $F = \{-1, 0, 1, 2\}$  et  $N$  est la taille de la population. Nous indiquons par  $X_i(t) \in D$  pour  $i = 1, \dots, N$  la trajectoire d'un individu dans le temps, c'est-à-dire l'évolution temporelle des états pris par le  $i^{\text{ème}}$  individu.  $F$  est un ensemble d'étiquettes où 0 représente un individu susceptible, 1 un individu infecté, 2 un individu guéri et  $-1$  un individu mort.

Pour fixer les personnes infectées initiales, au temps  $t = 0$  un nombre  $I_0$  d'individus sont aléatoirement étiquetés par 1, tous les autres sont susceptibles donc étiquetés par 0. On note que le processus pur des rencontres est markovien, qu'il conduise à une infection ou non. Par conséquent, pour chaque individu infecté, un temps de contact  $t$  est déterminé selon la distribution exponentielle du paramètre d'échelle  $\beta$ , soit

$$t = -\frac{1}{\beta} \log \xi,$$

$\xi$  étant un nombre aléatoire uniformément distribué dans  $[0, 1]$ .

Supposons que le plus petit temps de contact soit celui du  $j^{\text{ème}}$  individu,  $t_{j,1}$  (le second indice indique le premier pas temporel de l'individu  $j$ ). A ce moment-là, un autre individu  $i$  est choisi au hasard. S'il appartient à la classe susceptible, le contact est effectif après l'incubation, c'est-à-dire une période de temps  $\tau_1$ , l'individu  $i$  change son état en infectieux,

$$X_i(t_{j,1} + \tau_1) = 1.$$

A l'instant  $t_{j,1} + \tau_1$ , soit  $d = -1$  ou  $d = 2$  du nouvel infectieux est établi lui aussi. conformément à une distribution de Bernoulli de probabilité  $\alpha$ , c'est-à-dire  $d \sim \mathcal{B}(1, \alpha)$ . Si la possibilité est de guérir, alors après un temps  $\tau_2$ , l'état de l'individu passe de contagieux à guérison; si la possibilité est de mourir après un temps  $\tau_3$  l'état du  $i^{\text{ème}}$  individu passe de contagieux à mort :

$$\begin{aligned} X_i(t_{j,1} + \tau_1 + \tau_2) &= 2 \quad \text{si } d = 2, \\ X_i(t_{j,1} + \tau_1 + \tau_2) &= -1 \quad \text{si } d = -1, \end{aligned}$$

Après le choix de l'individu  $i$ , l'individu  $j$  continue à être infecté à moins qu'il ne se soit rétabli ou qu'il ne soit décédé entre-temps. Un autre temps

d'infection aléatoire  $t_{j,2}$  est généré selon  $t = -\frac{1}{\beta} \log \xi$ , et on définit

$$t_j = t_{j,1} + t_{j,2}.$$

Une fois encore, nous déterminons l'individu infecté ayant associé le minimum de temps et on itère la procédure. L'algorithme se termine lorsqu'il n'y a plus d'individus susceptibles.

Afin d'enregistrer l'évolution temporelle du système, on fixe une grille temporelle et à chaque instant de cette grille on compte le nombre d'individus dans les différentes classes. De plus, pour réduire le bruit statistique, une procédure de moyennage est appliquée comme suit. Nous effectuons la simulation entière  $k$  fois. Soit  $T_r, r = 1, 2, \dots, k$ , l'instant où l'on compte le nombre d'individus dans les différentes classes.

L'algorithme se termine à la  $r^{\text{ème}}$  simulation. Nous définissons

$$m_k = \frac{T_1 + T_2 + \dots + T_k}{k},$$

la moyenne des temps de processus final. Après avoir introduit l'erreur comme

$$\varepsilon_k = |m_{k+1} - m_k|,$$

comme critère d'arrêt, nous adoptons

$$\varepsilon_k < tol, \quad k > N_{min}.$$

Ici,  $tol$  est une tolérance numérique et  $N_{min}$  est le nombre minimum d'itérations qui sont nécessaires pour éviter les arrêts prématurés de la procédure.

### 3.4.3.2 Modèle *SAILRD*

Les mêmes auteurs [9] ont développé un autre modèle présenté comme le modèle *SIRD* avec deux autres compartiments de plus : la classe  $A$  des individus asymptomatiques et la classe  $L$  des individus infectés isolés. Ce modèle est appelé *SAILRD*, les hypothèses de ce modèle sont résumées ci-dessous.

- Nous supposons que si un contact effectif se produit entre un individu infecté (symptomatique ou non) et un individu susceptible, ce dernier devient infecté, avec ou sans symptômes, et infectieux en même temps.
- Nous supposons qu'il existe une probabilité  $\eta \in [0, 1]$  d'être asymptomatique et par conséquent, que  $1 - \eta$  est la probabilité de présenter des symptômes une fois qu'un individu a été infecté. De plus, nous supposons qu'après un certain temps  $\tau_1$ , un individu symptomatique est reconnu et isolé dans une sous-classe, appelée  $L$  d'individus solitaires de  $I$ .

– Les individus solitaires ne sont plus infectieux. Les individus asymptomatiques guérissent après un temps  $\tau_2$ . Les individus solitaires symptomatiques peuvent mourir avec une probabilité  $\alpha$  dans un temps  $\tau_4$  ou guérir avec une probabilité  $1 - \alpha$  en un temps  $\tau_3$ .

– Enfin, les individus éliminés deviennent immunisés contre *Covid* – 19 pour une courte période de temps ou pour toujours. Soit  $\lambda \in [0, 1]$  la probabilité que *Covid* – 19 confère une immunité de courte durée  $\tau_5$  immunité de durée 5, après quoi les individus récupérés reviennent dans la classe des personnes susceptibles, et en principe peuvent subir une réinfection.

Notez que les personnes appartenant à la classe  $A$  et  $I$  peuvent être infectées. De plus, une personne qui s'est infectée à la suite d'un contact avec un individu asymptomatique peut appartenir à la classe  $A$  ou  $I$ . Nous considérons  $(S, A, I, L, R, D)$  comme une variable aléatoire à six dimensions qui peut prendre des valeurs dans  $\mathbb{N}^6$  et dépend du temps  $t \geq 0$ . Maintenant, nous divisons l'ensemble des variables aléatoires en plusieurs sous-systèmes couplés.

– Le premier ensemble est  $(S, A, I)$  correspondant au mécanisme d'infection. Nous supposons qu'au moment  $t$ , les variables aléatoires prennent les valeurs  $(s, a, i)$ , c'est-à-dire

$$(S(t), A(t), I(t)) = (s, a, i),$$

après une petite période de temps  $\Delta t > 0$ ,  $\Delta t < \min \tau_i$ , l'état du système change en

$$(S(t + \Delta t), A(t + \Delta t), I(t + \Delta t)) = (s + m, a + k, i + n),$$

avec  $m, k, n \in \{-1, 0, 1\}$ .

La probabilité de transition est donnée par :

$$\begin{aligned} p(s, a, i) &\longrightarrow (s + m, a + k, i + n)(\Delta t) \\ &= P((S(t + \Delta t), A(t + \Delta t), I(t + \Delta t)) = (s + m, a + k, i + n) \\ &\quad | (S(t), A(t), I(t)) = (s, a, i)). \end{aligned}$$

De cette façon, nous définissons une chaîne de Markov continue dans le temps avec des probabilités de transitions qui peut s'écrire comme suit :

$$P_{(s,a,i) \rightarrow (s+m,a+k,i+n)}(\Delta t) = \begin{cases} \eta \beta s \frac{i}{N} \Delta t + o(\Delta t) & (m, k, n) = (-1, 1, 0), \\ (1 - \eta) \beta s \frac{i}{N} \Delta t + o(\Delta t) & (m, k, n) = (-1, 0, 1), \\ 1 - (\beta s \frac{i}{N}) \Delta t + o(\Delta t) & (m, k, n) = (0, 0, 0), \\ o(\Delta t) & \text{sinon.} \end{cases}$$

– Dans ce modèle, nous supposons que tous les individus infectés seront isolés après un temps  $\tau_1$ , considérons  $(I, L)$ . Nous fixons

$$\begin{aligned}\tilde{I}(t) &= I(t + \tau_1), \\ \tilde{L}(t) &= L(t + \tau_1).\end{aligned}$$

Dans ce cas, un individu infecté seul au temps  $t + \Delta t + \tau_1$  est lié à une infection symptomatique dans l'intervalle passé  $[t, t + \Delta t]$ . En ce qui concerne la probabilité de transition

$$p_{(i,l) \rightarrow (i+n,l+j)}(\Delta t) = P\left(\tilde{I}(t + \Delta t), \tilde{L}(t + \Delta t) = (i + n, l + j) \mid (\tilde{I}(t), \tilde{L}(t)) = (i, l),\right)$$

avec  $I(t) = f, I(t + \Delta t) = f + 1$ .  
Pour  $f$  non négatif, nous avons

$$p_{(i,l) \rightarrow (i+n,l+j)}(\Delta t) = \begin{cases} 1 & (n, j) = (-1, 1), \\ 0 & \text{sinon.} \end{cases}$$

– On considère maintenant la paire de variables aléatoires  $(L, R)$ . Pour définir le processus de guérison, nous définissons

$$\begin{aligned}\tilde{\tilde{L}}(t) &= L(t + \tau_1 + \tau_3), \\ \tilde{\tilde{R}}(t) &= R(t + \tau_1 + \tau_3),\end{aligned}$$

et en supposant que,

$$(\tilde{\tilde{L}}(t), \tilde{\tilde{R}}(t)) = (l, r).$$

Après une petite période de temps  $\Delta t > 0$ , l'état du système change en

$$\left(\tilde{\tilde{L}}(t + \Delta t), \tilde{\tilde{R}}(t + \Delta t)\right) = (l + j, r + u),$$

avec  $j, u \in \{-1, 0, 1\}$ . De plus, puisque dans ce cas une guérison au temps  $t + \Delta t + \tau_1 + \tau_3$  est liée à une infection avec des symptômes dans l'intervalle



passé  $[t, t + \Delta t]$ , nous devons connaître les valeurs prises par la variable aléatoire  $I$  en  $t$  et  $t + \Delta t$ . Ceci est également équivalent à connaître les valeurs prises par la variable aléatoire  $L$  à  $t + \tau_1$  et  $t + \Delta t + \tau_1$ . Dans ce cas, la probabilité de transition est définie comme suit

$$p_{(l,r) \rightarrow (l+j,r+u)}(\Delta t) = P\left(\left(\tilde{L}(t + \Delta t), \tilde{R}(t + \Delta t)\right) = (l + j, r + u) \mid \left(\tilde{L}(t), \tilde{R}(t)\right) = (l, r)\right),$$

avec  $L(t + \tau_1) = f, L(t + \Delta t + \tau_1) = f + 1$ .

De cette façon, un processus stochastique non-markovien continu dans le temps est défini, dont la probabilité de transition peut s'écrire comme suit

$$p_{(l,r) \rightarrow (l+j,r+u)}(\Delta t) = \begin{cases} (1 - \alpha)\Delta t + o(\Delta t) & (j, u) = (-1, 1), \\ 1 - (1 - \alpha)\Delta t + o(\Delta t) & (j, u) = (0, 0), \\ o(\Delta t) & \text{sinon.} \end{cases}$$

– Avec les mêmes arguments, un processus de mort est décrit par  $(\hat{L}, \hat{D})$ , avec

$$\begin{aligned} \hat{L}(t) &= L(t + \tau_1 + \tau_4), \\ \hat{D}(t) &= D(t + \tau_1 + \tau_4). \end{aligned}$$

Dans ce cas, un décès au temps  $t + \Delta t + \tau_1 + \tau_4$  est lié à une infection avec des symptômes dans l'intervalle passé  $[t, t + \Delta t]$  et donc le gain d'une unité à la variable  $L$  en  $[t + \tau_1, t + \Delta t + \tau_1]$ . La probabilité de transition

$$p_{(l,d) \rightarrow (l+j,d+v)}(\Delta t) = p\left(\left(\hat{L}(t + \Delta t), \hat{D}(t + \Delta t)\right) = (l + j, d + v) \mid \left(\hat{L}(t), \hat{D}(t)\right) = (l, d)\right),$$

avec  $L(t + \tau_1) = f, L(t + \Delta t + \tau_1) = f + 1$ ,

pour un certain nombre entiers non négatifs  $f$ , est donné par

$$p_{(l,d) \rightarrow (l+j,d+v)}(\Delta t) = \begin{cases} \alpha\Delta t + o(\Delta t) & (j, v) = (-1, 1), \\ (1 - \alpha)\Delta t + o(\Delta t) & (j, v) = (0, 0), \\ o(\Delta t) & \text{sinon.} \end{cases}$$

– Un autre processus est la guérison d'un individu asymptomatique. Considérons  $(A, R)$ , nous définissons

$$\begin{aligned}\hat{A}(t) &= A(t + \tau_2), \\ \hat{R}(t) &= R(t + \tau_2).\end{aligned}$$

Dans ce cas, une guérison au temps  $t + \tau_2 + \Delta t$  est liée à une infection asymptomatique dans l'intervalle passé  $[t, t + \Delta t]$ . La probabilité de transition est donnée par

$$\begin{aligned}p_{(a,r) \rightarrow (a+k,r+u)}(\Delta t) &= p\left(\left(\hat{A}(t + \Delta t), \hat{R}(t + \Delta t)\right) = (a + k, r + u)\right. \\ &\left. | \left(\hat{A}(t), \hat{R}(t)\right) = (a, r)\right),\end{aligned}$$

avec  $A(t) = f$ ,  $A(t + \Delta t) = f + 1$ ,  
pour un certain nombre d'entiers non négatifs  $f$ , on lit

$$p_{(a,r) \rightarrow (a+k,r+u)}(\Delta t) = \begin{cases} 1 & (k, u) = (-1, 1), \\ 0 & \text{sinon.} \end{cases}$$

– Le dernier processus est celui qui implique un individu éliminé qui revient dans la classe des personnes susceptibles après un certain temps. Pour définir le processus, on définit

$$\begin{aligned}\hat{S}(t) &= S(t + \tau_5), \\ \hat{R}(t) &= R(t + \tau_5).\end{aligned}$$

Supposons qu'au temps  $t$  la variable aléatoire bidimensionnelle  $(\hat{S}, \hat{R})$  prend la valeur  $(s, r)$ . Après une petite période de temps  $\Delta t > 0$ , l'état du système change en

$$(\hat{S}(t + \Delta t), \hat{R}(t + \Delta t)) = (s + m, r + u),$$

avec  $m, u \in \{-1, 0, 1\}$ . De plus, étant donné que dans ce cas un individu guéri peut revenir dans la classe des personnes susceptibles après un certain temps  $\tau_5$ , il est nécessaire de connaître les valeurs prises par la variable aléatoire  $R$  aux temps  $t$  et  $t + \Delta t$ . Dans ce cas, la probabilité de transition

$$\begin{aligned}p_{(s,r) \rightarrow (s+m,r+u)}(\Delta t) &= p\left(\left(\hat{S}(t + \Delta t), \hat{R}(t + \Delta t)\right) = (s + m, r + u)\right. \\ &\left. | \left(\hat{S}(t), \hat{R}(t)\right) = (s, r)\right),\end{aligned}$$

avec  $R(t) = f, R(t + \Delta t) = f + 1$ , pour un certain nombre d'entiers non négatifs  $f$ , est donné par

$$p_{(s,r) \rightarrow (s+m,r+u)}(\Delta t) = \begin{cases} \lambda + o(\Delta t) & (m, u) = (-1, 1), \\ (1 - \lambda) + o(\Delta t) & (m, u) = (0, 0), \\ o(\Delta t) & \text{sinon.} \end{cases}$$

Le principal avantage de l'adoption d'un modèle stochastique réside dans la possibilité d'ajouter facilement des caractéristiques plus sophistiquées. En effet, les délais sont supposés constants mais il est possible de considérer à leur tour les temps  $\tau_i$  comme des variables aléatoires obéissant à des distributions de probabilité appropriées. Cependant, en moyenne nous obtenons les mêmes résultats.

### Algorithme de la méthode de simulation [9]

De la même manière que le modèle *SIRD*, le modèle *SAI(L)RD* peut-être simulé. Nous avons maintenant

$$X(t) \in E^N,$$

où  $E = \{-1, 0, 1, 2, 3, 4\}$ .  $-1$  représente une personne morte,  $0$  un individu susceptible,  $1$  un individu infecté,  $2$  un individu guéri,  $3$  un individu asymptomatique,  $4$  un individu infecté seul.

Même dans ce cas, au moment  $t = 0$ , nous sélectionnons aléatoirement  $I_0$  individus que nous qualifions d'infectés, c'est-à-dire par  $1$ . Un temps de contact  $t$  est déterminé selon  $t = -\frac{1}{\beta} \log \xi$ , pour chaque individu infecté. Supposons que le temps de contact minimum soit celui du  $j^{\text{ème}}$  individu,  $t_{j,1}$ . A ce moment, un autre individu  $i$  est choisi aléatoirement. Maintenant, à la différence du modèle *SIRD*, si ce dernier est susceptible son état évolue comme suit : on détermine la symptomaticité  $s \in \{1, 3\}$  par une distribution de Bernoulli ayant une probabilité  $\eta \in [0, 1]$ . Si  $s = 3$ , l'individu est asymptomatique et au bout du temps  $\tau_2$  il guérira, donc

$$X_i(t_{j,1} + \tau_2) = 2.$$

Si  $s = 1$ , la personne est infectée de manière symptomatique et après le temps  $\tau_1$  elle sera isolée, c'est-à-dire

$$X_i(t_{j,1} + \tau_1) = 4.$$

De plus, soit  $d = -1$  ou  $d = 2$  d'un tel individu est établi selon une Bernoulli avec une probabilité  $\alpha$ . Si la possibilité est de guérir alors après un temps  $\tau_3$  l'état de l'individu passe de contagieux à guéri ; si la possibilité est de mourir alors après un temps  $\tau_4$  l'état de l'individu passe de contagieux à mort. Cette évolution peut être décrite comme suit

$$\begin{aligned} X_i(t_{j,1} + \tau_1 + \tau_3) &= 2 \quad \text{si } d = 2, \\ X_i(t_{j,1} + \tau_1 + \tau_4) &= -1 \quad \text{si } d = -1. \end{aligned}$$

Enfin, il y a aussi la possibilité qu'un individu guéri perde son immunité, revenant ainsi dans la classe susceptible. Nous prenons cela en compte en générant un nombre aléatoire selon une distribution de Bernoulli de paramètre  $\lambda \in (0, 1)$ . De plus, si l'immunité est perdue on a deux possibilités : si l'individu a souffert d'une infection asymptomatique, nous fixons la valeur suivante .

$$X_i(t_{j,1} + \tau_2 + \tau_5) = 0;$$

si il souffrait d'une infection symptomatique, nous fixons

$$X_i(t_{j,1} + \tau_1 + \tau_3 + \tau_5) = 0.$$

Après le choix de l'individu  $i$ , l'individu  $j$  continue à infecter, sauf si qu'il ne se soit rétabli entre-temps sans perdre son immunité ou qu'il ne soit décédé. Un autre temps d'infection aléatoire  $t_{j,2}$  est généré selon  $t = -\frac{1}{\beta} \log \xi$ , et nous fixons à

$$t_j = t_{j,1} + t_{j,2}.$$

De nouveau, nous déterminons l'individu infecté ayant associé le temps minimum et itérons la procédure. L'algorithme se termine lorsque tous les individus ne peuvent plus changer leur état plus longtemps.

Pour réduire le bruit statistique, nous avons adopté la même technique que le modèle SIRD.

### 3.5 Conclusion

Danc ce chapitre, nous avons donné des notions et définitions de base sur le *Covid-19*. Puis nous avons présenté quatre modèles déterministes : modèle *SIR*, *SEIRU*, *SIRU* et *SEIR*, ainsi que deux modèles stochastiques *SIRD*, *SAILRD* avec l'algorithme de la méthode de simulation pour chaqu'un.

# Chapitre 4

## Implémentation et Application

### 4.1 Introduction

L'Algérie a été touchée par l'épidémie de *SRAS – CoV – 2* en février 2020, le premier cas a été signalé le 25 février 2020 un ressortissant italien a été notifié dans une base de vie à Hassi Messaoud dans la wilaya de Ouargla. A partir du 02 mars 2020 un foyer a été détecté dans la wilaya de Blida pour donner suite à une alerte lancée par la France après la confirmation au *Covid – 19* de deux citoyens Algériens résidant en France ayant séjourné en Algérie. Depuis l'épidémie s'est étendue à l'ensemble du territoire national avec une nette prédominance dans les wilayas du nord. Le début de confinement le 21 octobre 2020.

Depuis, une réunion de coordination hebdomadaire sur le *Covid – 19* se tient entre le bureau OMS-Algérie et le bureau régional OMS(AFRO) tous les lundis.

Le 30 novembre 2020, le premier ministre a décidé des nouvelles mesures de confinement au titre du dispositif de gestion de la crise sanitaire liée la pandémie de *Covid* ces mesures ont été prise pour arrêter la croissance exponentielle du nombre de cas, comme observée précédemment en chine, résumément comme suit : confinement partiel à domicile, pour les services aériens de transport public de passagers, pour les mosquées, pour les activités commerciales

Le 01 décembre 2020, une réunion sur le Mécanisme COVAX a été organisée au Ministère de la Santé par la Directrice Générale de la Pharmacie et des Equipements de Santé laquelle ont participé le Directeur Général de

l'Institut Pasteur d'Algérie et les équipes techniques de l'OMS et de l'UNICEF. Cette réunion a permis de faire le point sur le processus d'engagement du pays dans le Mécanisme COVAX et les activités d'assistance technique qui seront soutenues par l'OMS et l'UNICEF, ainsi que de définir les prochaines étapes de la préparation à l'élaboration de vaccins contre la *Covid* – 19.

Le 16 décembre 2020, le Premier Ministre a décidé au titre du dispositif de gestion de la crise sanitaire liée à la pandémie de *Covid* – 19, de nouvelles mesures applicables à compter du 17 décembre 2020 et pour une durée de 15 jours.

Un premier lot de 364800 doses de vaccins anti *Covid* – 19 a été réceptionné samedi 3 avril 2021 à l'aéroport international d'Houari Boumediene, dans le cadre de la coalition internationale du vaccin contre le *Covid* – 19(*Covax*).

La réouverture partielle des frontières aériennes est effective depuis le premier juin 2021 pour 9 pays. Les voyageurs doivent présenter à l'embarquement un test RT-PCR COVID négatif datant de moins de 36 heures et devront réaliser un test antigénique à leurs frais à l'arrivée.

L'Institut Pasteur d'Algérie (IPA) a annoncé jeudi 20 janvier 2022 l'enregistrement d'un total de 400 cas du variant Omicron du SRAS-CoV-2 jusqu'à ce jour.

Le 25 janvier 2022, le Gouvernement a décidé au titre du dispositif de gestion de la crise sanitaire liée à la pandémie de *Covid* – 19, de reconduire les mesures du dispositif actuel de protection et de prévention pour une période de 10 jours, à compter du 25 janvier 2022.

Le nombre de cas confirmés atteints à ce jour est 2.666.128 avec le nombre de morts 6.875.

Dans ce chapitre, nous voulons appliquer à l'épidémie de *SRAS-COV-2* en Algérie la simulation numérique, en utilisant le logiciel MATLAB, pour étudier la propagation de *Covid* – 19 en Algérie avec le modèle *SIR* déterministe, stochastique avec chaîne de Markov à temps continu et discret. L'objectif de notre étude, étant de prédire l'évolution temporelle de la pandémie en Algérie pour différentes périodes à partir de 01 Novembre 2021 jusqu'à 14 février 2022, en se basant sur des indicateurs épidémiologiques comme la date du pic épidémique (date dans laquelle le nombre de cas quotidien atteint sa valeur maximale) et la taille finale de l'épidémie (le nombre final des cas infectés).

## 4.2 SIR

Le modèle *SIR* décrit dans les deux premiers chapitres est l'un des modèles compartimentés les plus simples. Le modèle se compose de trois compartiments :  $S$  pour le nombre d'individus susceptibles,  $I$  pour le nombre d'individus infectieux et  $R$  pour le nombre d'individus guéris ou décédés. Ce modèle est raisonnablement prédictif pour les maladies infectieuses qui se transmettent d'humain à humain, et où la guérison confère une résistance durable, comme le *Covid-19*. Le modèle *SIR* peut-être exprimé par le système d'équations différentielles ordinaires suivant :

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta S(t)I(t), \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta S(t)I(t) - \gamma I(t), \\ \frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t), \end{cases} \quad (4.1)$$

où  $\beta$  et  $\gamma$  correspondent au taux de transmission et de guérison respectivement.

$\gamma$  est défini comme l'inverse de la durée de récupération  $d$  ( $\gamma = \frac{1}{d}$ ). Sachant que la taille de la population totale ( $N = S + I + R$ ) est indépendant du temps. La population de l'Algérie est estimée à 45431667 habitants selon les rapports des Nations Unies (Worldmeter 2022) qui est la valeur  $N$  pour la modélisation *SIR*.

Initialement, en l'absence d'infection, nous avons  $I + R = 0$  et  $S \simeq N$ . Nous obtenons l'équation suivante à partir de la deuxième équation du système (4.1) :

$$\frac{dI}{dt} \simeq I(\beta N - \gamma). \quad (4.2)$$

l'intégration de l'équation (4.2), donne l'équation

$$I = I_0 e^{(\beta N - \gamma)t}.$$

Nous pouvons calculer la valeur de la quantité  $\beta N - \gamma$  à partir des données log-plot et pour le meilleur ajustement de ligne, nous pouvons utiliser, par exemple, la méthode du moindre carrés. Supposons pour la suite que

$$\beta N - \gamma = C. \quad (4.3)$$

### 4.2.1 Estimation de $\beta$ et $\gamma$

A partir de la troisième équation du système (4.1) et pour  $I$  est une constante  $I(t) = I_0$ , on obtient l'équation :

$$\frac{dR(t)}{dt} = \gamma I_0, \quad (4.4)$$

par l'intégration de l'équation (4.4), on trouve,

$$R(t) = \gamma t I_0. \quad (4.5)$$

Supposons que le temps de guérison est  $t = T$  jours et  $R(T) = I_0$ , par substitution dans l'équation (4.5), on trouve,

$$\gamma \simeq \frac{1}{T}. \quad (4.6)$$

À partir de l'équation (4.3), on trouve,

$$\beta \simeq \frac{C + \frac{1}{T}}{N}. \quad (4.7)$$

Supposons maintenant que le temps change et posons  $dt = \alpha$ , par substitution dans la troisième équation du système (4.1), on trouve,

$$\frac{R(t + \alpha)}{\alpha} = \gamma I(t), \quad (4.8)$$

d'où

$$\gamma = \frac{R(t + 1) - R(t)}{I(t)}. \quad (4.9)$$

### 4.2.2 Estimation de $I_{max}$ et $S_\infty$

Soit  $I_{max}$  le nombre d'individus infectés au pic de l'épidémie et soit  $S_\infty$  le nombre d'individus susceptibles restant après la fin de l'épidémie. Si on divise la deuxième équation du système (4.1) par la première équation du système (4.1), on obtient l'équation :

$$\frac{dI}{dS} = -1 + \frac{\gamma}{\beta S}, \quad (4.10)$$

par l'intégration de l'équation précédente on trouve,

$$I = -S + \frac{\gamma}{\beta} \ln(S) + c, \quad (4.11)$$



où  $c$  est une constante. Nous savons qu'au début de l'épidémie  $S \simeq N$ , nous supposons que lorsque  $t = 0$ ,  $I \simeq 0$  et  $S \simeq N$ . Par substitution dans l'équation (4.11), on trouve

$$\begin{aligned} -N + \frac{\gamma}{\beta} \ln(N) + c &= 0 \\ \Rightarrow c &= N - \frac{\gamma}{\beta} \ln(N), \end{aligned}$$

par substitution dans l'équation (4.11), on trouve,

$$I = (N - S) + \frac{\gamma}{\beta} \ln\left(\frac{N}{S}\right). \quad (4.12)$$

À partir de cette relation, on peut déterminer la formule qui permet de calculer  $I_{max}$ .

À partir de la deuxième équation du système (4.1) et pour  $\frac{dI}{dt} = 0$ , on trouve

$$S = \frac{\gamma}{\beta}. \quad (4.13)$$

Par substitution de la valeur de  $S$  dans l'équation (4.12), on trouve

$$I_{max} = \left(N - \frac{\gamma}{\beta}\right) + \frac{\gamma}{\beta} \ln\left(\frac{N\beta}{\gamma}\right). \quad (4.14)$$

Nous nous intéressons maintenant à  $S_\infty = \lim_{t \rightarrow \infty} S(t)$  le nombre d'individus susceptible restants après la fin de l'infection. On note qu'à la fin de l'infection  $t$  tend vers l'infini ( $\infty$ ), et donc,  $I = 0$ . On peut réécrire l'équation (4.12) comme suit :

$$(N - S_\infty) + \frac{\gamma}{\beta} \ln\left(\frac{N}{S_\infty}\right) = 0. \quad (4.15)$$

La valeur de  $S_\infty$  peut-être obtenue par la résolution numérique de la relation (4.15).

### 4.2.3 Estimation de $\mathcal{R}_0$

$\mathcal{R}_0$  est le nombre de reproduction de base, est défini comme le nombre moyen de personnes infectées par une personne. Mathématiquement, il représente le rapport de transmission sur le taux de guérison (voir chapitre 1).

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta}{\gamma}. \quad (4.16)$$

Il est à noter aussi qu'il est possible d'utiliser la relation suivante pour calculer la valeur de  $\mathcal{R}_0$ ,

$$I_{max} = (N - \frac{1}{\mathcal{R}_0}) \ln(\frac{N}{\mathcal{R}_0}), \quad (4.17)$$

ou encore,

$$(N - S_\infty) + \frac{1}{\mathcal{R}_0} \ln(\frac{N}{S_\infty}) = 0, \quad (4.18)$$

d'où

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\ln(\frac{N}{S_\infty})}{S_\infty - N}. \quad (4.19)$$

#### 4.2.4 Simulation

L'objectif de notre étude, est de prédire l'évolution temporelle de la pandémie *Covid* – 19 en Algérie à partir du mois de Janvier 2022, en se basant sur des données qui représente l'évolution du nombre quotidien de nouveaux cas confirmés et nouveaux décès par *Covid* – 19 du 01 Novembre 2021 au 14 février 2022 en Algérie. La figure (4.1), représente l'évolution du nombre quotidien de nouveaux cas confirmés, nouveaux cas guéris, nouveaux décès et le nombre total de patients hospitalisés en soins intensifs pour *Covid* – 19 dans la période allant du 1 novembre 2021 au 14 février 2022 en Algérie.

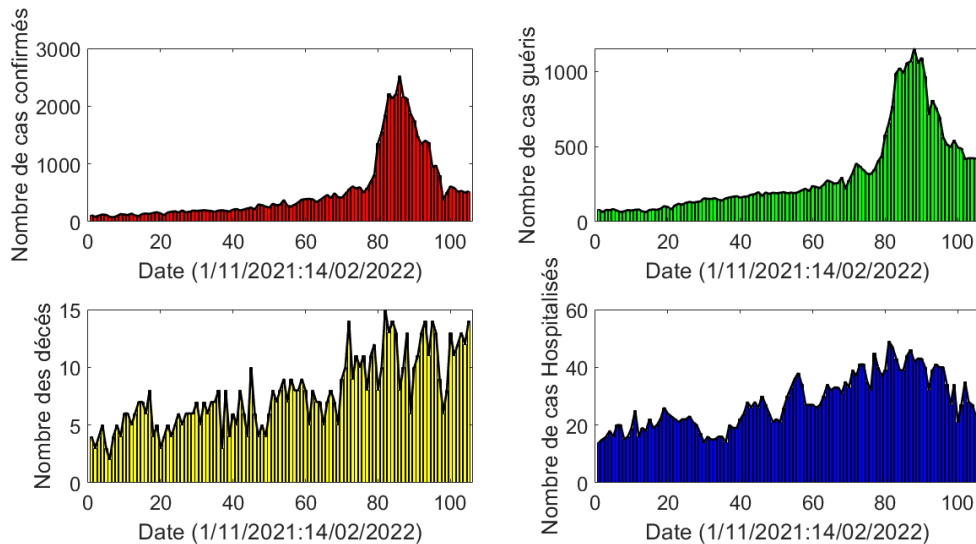


FIGURE 4.1 – Évolution de l'épidémie *Covid* – 19 du 1 novembre 2021 au 14 février 2022 en Algérie.

La figure (4.2), donne l'évolution du nombre total quotidien de cas confirmés, cas guéris et décès par *Covid* – 19 dans la période allant du 1 novembre 2021 au 14 février 2022 en Algérie.

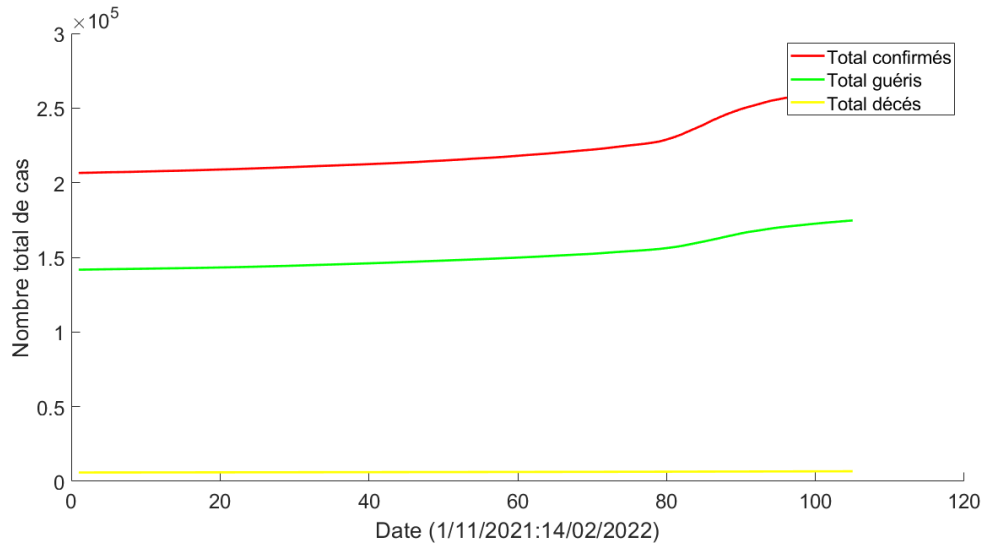


FIGURE 4.2 – Évolution du nombre total de cas entre le 1 novembre 2021 et le 14 février 2022 en Algérie.

L'évolution quotidienne du taux de létalité réel et de celui de létalité apparent sont donnés dans la figure (4.3).

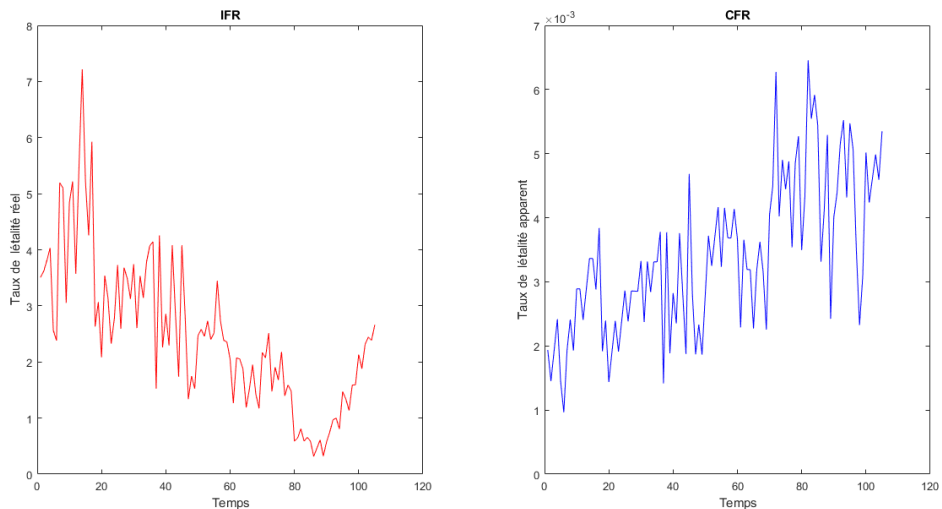


FIGURE 4.3 – Évolution du taux de létalité ICF et CFR .

Dans ce qui suit, nous allons appliquer le modèle simple *SIR* pour estimer les paramètres liés à la courbe épidémique *Covid – 19* pour l'Algérie.

L'estimation des valeurs de la quantité  $C = \beta N - \gamma$  donnée par l'équation (4.3), du taux de transmission  $\beta$ , du taux de guérison  $\gamma$  et du nombre de reproduction de base  $\mathcal{R}_0 = \frac{\beta}{\gamma}$  sont illustrés dans les deux figures (4.3) et (4.4). Il est à noter que pour l'estimation de ces différents paramètres, nous avons calculé la moyenne de leurs évolutions quotidienne entre le 60 ème et le 80 ème jours, date qui correspond à la période allant du 30/12/2021 au 19/01/2022.

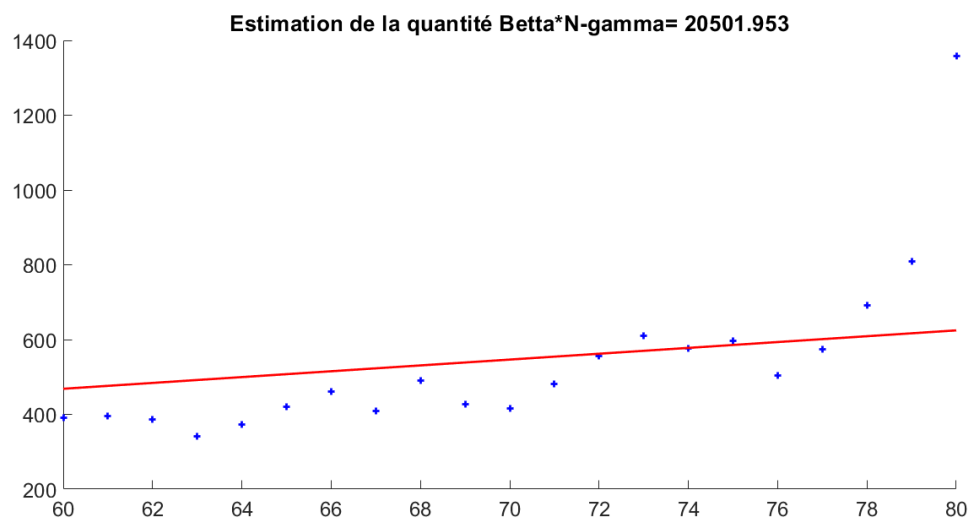


FIGURE 4.4 – Éstimation de la valeur de la quantité  $N\beta - \gamma$ .

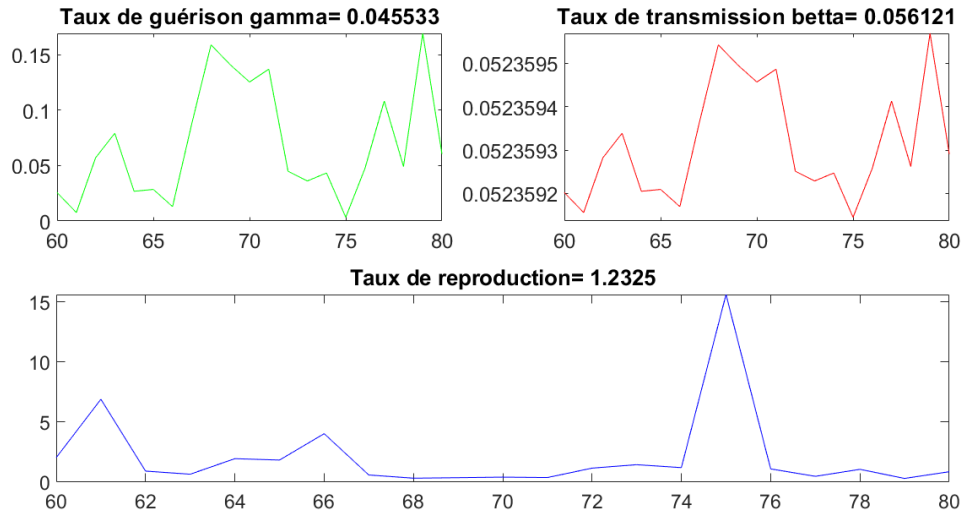


FIGURE 4.5 – Éstimation de la valeur du taux de transmission  $\beta$ , du taux de guérison  $\gamma$  et le nombre de reproduction de base  $\mathcal{R}_0$ .

Pour la simulation et la mise en oeuvre pratique de notre application, nous supposons que le nombre de la population initiale est  $N = 45.431.667$  ce qui correspond aux nombre de la population Algérienne. Nous supposons aussi que le nombres initial des indivudus infectés est  $I_0 = 4504$  ce qui correspond au total de nombre des cas *Covid* – 19 confirmés en Algérie entre le 15/12/2021 et le 30/12/2021. Il est à noter que cette période peut-être vue comme la date du début de la troisième vague de *Covid* – 19 en Algérie. En effet, le 30/12/2021 douze (12) nouveaux cas du variant Omicron de la pandémie du Coronavirus ont été détectés en Algérie, ce qui porte le total des cas confirmés de ce variant au nombre de 16 cas.

Pour un taux de guérison  $\gamma = 0.0455331$ , un taux de transmission  $\beta = 0.0561215$  et un nombre de reproduction de base  $\mathcal{R}_0 = 1.2325$ , la simulation de l'évolution de l'épidémie par l'application du modèle *SIR* basé sur *CMTD*, du modèle *SIR* déterministe et du modèle *SIR* basé sur *CMTC* pour les 1000 prochains jours sont données dans les figure (4.6) et (4.7).

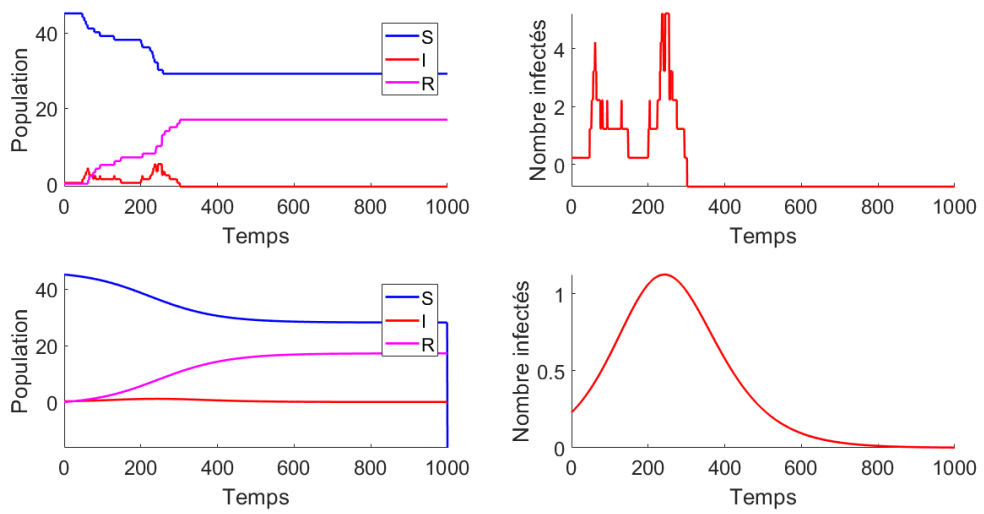


FIGURE 4.6 – En haut, simulation du modèle  $SIR$  basé sur  $CMTD$ . En bas, simulation du modèle  $SIR$  déterministe

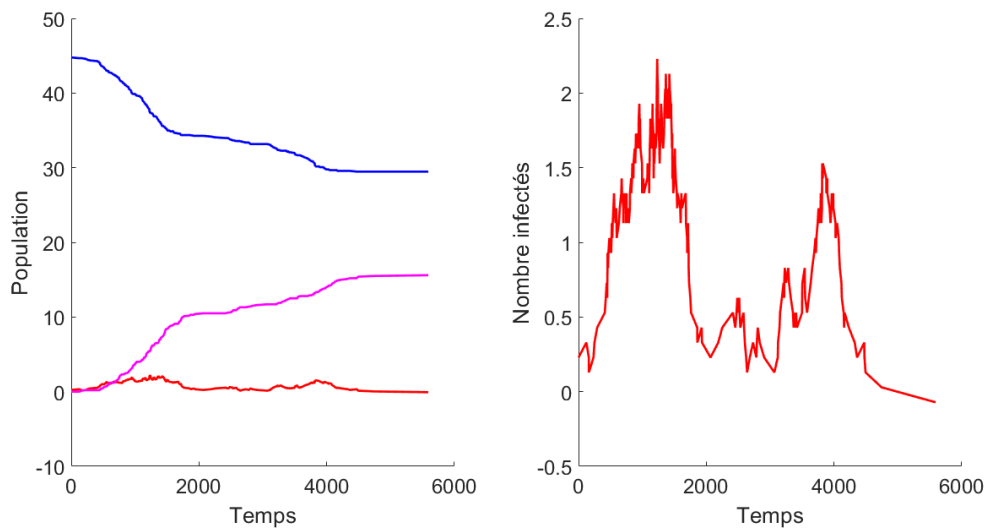


FIGURE 4.7 – Simulation du modèle  $SIR$  basé sur  $CMTC$ .

Le modèle  $SIR$  a montré que le pic de l'épidémie peut-être atteint après une période de 251 jours à compter du début de l'épidémie pour le modèle déterministe et de 263 jours pour le modèle basé sur  $CMTD$ . Tandis qu'il est de moins de 200 jours pour le modèle basé sur  $CMTC$ . Le pic de cas infectés théorique peut-être calculé à partir de la relation (4.14), sa valeur

est de 1.123.148 cas, ce qui représente presque 2.5% de la population totale. À partir des deux figures (4.6) et (4.7), on peut constater que le pic des cas confirmés pour le modèle déterministe est de 1.124.192 cas, qui est une valeur qui reste grossièrement proche de la valeur théorique. Tandis que ce pic est de plus de 4 millions et de 2 millions de cas pour les modèles stochastiques basé sur *CMTD* et *CMTC* respectivement. Donc, il est clair que la modèle stochastique basé sur *CMTD* n'est pas adapté aux données Algérienne. Par contre le deuxième modèle stochastique peut-être accepté. En effet, comme sont nom l'indique ce modèle reste un modèle stochastique et il est préférable de simuler le modèle à deux ou trois reprises et de faire la moyenne des résultats obtenus dans les trois simulations. La simulation de nombres de cas confirmés deux fois de suite, donne une valeur égale à 1.395.421 qui est grossièrement proche de la valeur théorique du pic de cas confirmés (voir figure(4.8)).

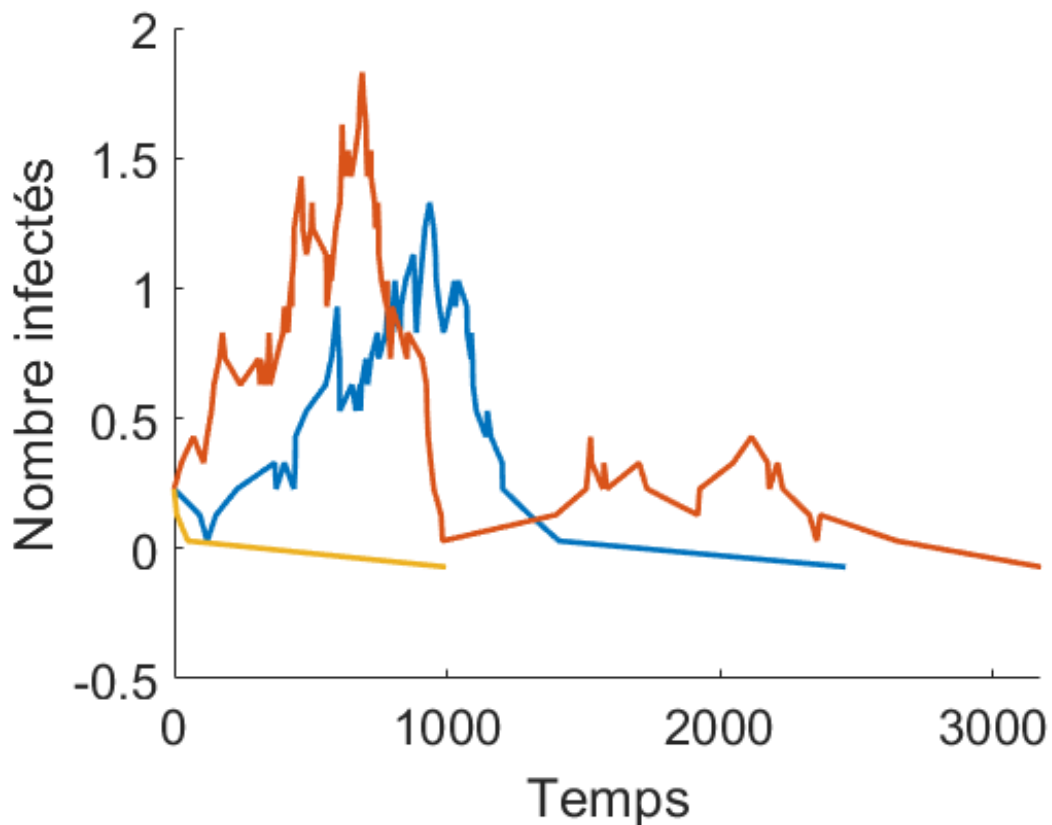


FIGURE 4.8 – Simulation de nombres de cas confirmés basé sur *CMTC* deux fois de suite.

Enfin, pour l'estimation des paramètres on s'est basé sur les données fournies par le ministère de la santé algérienne. Il est à noter que les résultats obtenus restent loin des résultats réels. Cela peut-être interprété par au moins deux choses différentes. D'un côté le nombre de cas confirmés ne peut pas dépasser 2500, chiffre qui correspond aux nombres maximum de tests effectués par jour. De l'autre côté, nous restons convaincu que la décision qui a été prise par le gouvernement Algérien, qui consiste à fermer les écoles et les campagnes de vaccination organisées durant cette période ont beaucoup joué pour stopper la troisième vague de l'épidémie.

### 4.3 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons estimé quelques données associées à la propagation du *Covid* – 19 en Algérie :taux de reproduction, taux de transmission, taux de guérison avec  $I_{max}$ , et  $S_{\infty}$  puis on a réalisé une simulation en se basant sur les données du 01 novembre 2021 au 14 février 2022 du *Covid* – 19 en Algérie. Cette simulation a été effectuée en utilisant le modèle *SIR* déterministe, et stochastique avec chaîne de Markov à temps discret et continu afin de prédire l'évolution temporelle de la pandémie *Covid* – 19 en Algérie.



# Conclusion

## 4.4 Conclusion

Nous avons abordé dans ce mémoire différentes approches sur la façon de modéliser la propagation d'épidémie, aussi bien avec des modèles déterministes que stochastiques. Nous nous sommes en particulier intéressés aux modèles stochastiques, qui sont parmi les moins étudiés dans le domaine épidémiologique. La modélisation, qu'elle soit déterministe ou probabiliste, fait ressortir un paramètre de seuil  $\mathcal{R}_0$ .

La modélisation mathématique est de plus en plus utilisée en épidémiologie comme un outil essentiel d'aide à la décision sanitaire. Dans ce travail, nous avons présenté d'une part, des outils mathématiques pour étudier théoriquement et numériquement certains phénomènes épidémiologiques à savoir la diffusion et la propagation d'épidémie. En effet, en premier chapitre nous avons donné quelques notions de la modélisation mathématique en épidémiologie, on a définit le taux de reproduction  $\mathcal{R}_0$ . Puis, nous avons présenté quelques modèles déterministes connus en épidémiologie  $SI$ ,  $SIS$ ,  $SIR$  ainsi que le modèle  $SEIR$ , et  $SIRS$ . Dans le deuxième chapitre nous avons donné quelque rappel sur les processus stochastiques et aux deuxième type de ces modèles à savoir les modèles stochastiques tel que le modèle  $SIR$  et  $SIS$  formulés à partir de chaînes de Markov a temps continu et discret. Au niveau de troisième chapitre, nous avons rappelé le principe et principaux paramètres d'un ensemble de modèles mathématiques appliqués au *Covid* – 19. Et d'autre part, nous avons présenté quatre modèles déterministes : modèle  $SIR$ ,  $SEIRU$ ,  $SIRU$  et  $SEIR$ , avec l'estimation des paramètres de modèles, ainsi que deux modèles stochastiques  $SIRD$ ,  $SAILRD$  avec leurs algorithmes de simulation. Finalement, nous nous sommes intéressés à la modélisation et l'étude de l'évolution du *Covid* – 19 en Algérie, en utilisant deux approches déterministes et stochastiques. Plus précisément, ces deux modèles mathématiques : le modèle  $SIR$  déterministe et stochastique avec chaîne de Markov à temps continu et discret ont été utilisés pour simuler numériquement la propagation du *Covid* – 19 en Algérie. C'est l'objectif du dernier chapitre.

## 4.5 Perspectives

En terme de perspectives, il est souhaitable d'envisager plusieurs voies de développement : une étude sur les modèles stochastiques avec les équations différentielles stochastiques, proposer un modèle spécifique pour le cas de l'Algérie.

# Table des figures

1.1	Diagramme de transmission du modèle $SI$ . . . . .	9
1.2	Modèle $SI$ , évolution des populations $S$ et $I$ au cours du temps. . . . .	10
1.3	Diagramme de transmission du modèle $IS$ . . . . .	11
1.4	Modèle $SIS$ , évolution des populations $S$ et $I$ au cours du temps. . . . .	12
1.5	Diagramme de transmission du modèle $SIR$ . . . . .	13
1.6	Modèle $SIR$ , évolution des populations $S$ $I$ et $R$ au cours du temps. . . . .	14
1.7	Réaction en chaîne, pour $\mathcal{R}_0 = 3$ . . . . .	15
1.8	$\mathcal{R}_0 = 16$ pour le graphe de haut à gauche, $\mathcal{R}_0 = 3$ pour le graphe de haut à droite, $\mathcal{R}_0 = 1$ pour celui d'en bas à gauche et $\mathcal{R}_0 = 1$ pour le dernier graphe. . . . .	16
1.9	Comparaison du pic en modifiant le taux de transmission. . . . .	17
1.10	Comparaison du pic en modifiant le taux de guérison. . . . .	18
1.11	Comparaison du pic en modifiant les deux taux à la fois. . . . .	19
1.12	Diagramme de transmission du modèle $SEIR$ . . . . .	20
1.13	Diagramme de transmission du modèle $SEIR$ . . . . .	21
1.14	Diagramme de transmission du modèle $SEIR$ . . . . .	21
1.15	Représentation graphique du modèle $SEIR$ . . . . .	22
1.16	Diagramme de transmission du modèle $SIRS$ . . . . .	23
1.17	Évolution du modèle $SIRS$ dans le temps. . . . .	24
2.1	Le graphe de transition pour le modèle $SIS$ . . . . .	33
2.2	Simulation du modèle $SIS$ basé sur $CMTD$ . $\beta = 0.01$ , $\gamma = 0.5$ , $N = 100$ , $I(t = 0) = 5$ , temps de simulation 20 semaines et le pas de simulation 0.01. . . . .	35
2.3	Simulation du modèle $SIR$ basé sur $CMTD$ . $\beta = 0.01$ , $\gamma = 0.5$ , $N = 100$ , $I(t = 0) = 5$ , temps de simulation 25 semaines et le pas de simulation 0.01. . . . .	38
2.4	Simulation du modèle $SIS$ basé sur $CMTC$ . $\beta = 0.01$ , $\gamma = 0.5$ , $N = 100$ , $I(t = 0) = 5$ , temps de simulation 25 semaines. . . . .	42

2.5	Simulation du modèle $SIR$ basé sur $CMTC$ . $\beta = 0.01$ , $\gamma = 0.5$ , $N = 100$ , $I(t = 0) = 5$ , temps de simulation 25 semaines. . . . .	45
3.1	Diagramme de transmission du modèle $SEIRU$ . . . . .	57
3.2	Diagramme de transmission du modèle $SIRU$ . . . . .	62
4.1	Évolution de l'épidémie $Covid - 19$ du 1 novembre 2021 au 14 février 2022 en Algérie. . . . .	82
4.2	Évolution du nombre total de cas entre le 1 novembre 2021 et le 14 février 2022 en Algérie. . . . .	83
4.3	Évolution du taux de létalité ICF et CFR . . . . .	83
4.4	Éstimation de la valeur de la quantité $N\beta - \gamma$ . . . . .	84
4.5	Éstimation de la valeur du taux de transmission $\beta$ , du taux de guérison $\gamma$ et le nombre de reproduction de base $\mathcal{R}_0$ . . . . .	85
4.6	En haut, simulation du modèle $SIR$ basé sur $CMTD$ . En bas, simulation du modèle $SIR$ déterministe . . . . .	86
4.7	Simulation du modèle $SIR$ basé sur $CMTC$ . . . . .	86
4.8	Simulation de nombres de cas confirmés basé sur $CMTC$ deux fois de suite. . . . .	87

# Liste des tableaux

3.1	Les paramètres du modèle <i>SEIRU</i> et leurs interprétations. . .	56
3.2	Les paramètres du modèle <i>SIRU</i> avec leur interprétations. . .	61
3.3	Les paramètres du modèle <i>SEIR</i> et leurs interprétations. . . .	65

Bibliographie

# Bibliographie

- [1] Aissani, D, Aissanou, K et Lekadir, O. *Modélisation mathématique de l'évolution de la pandémie Covid – 19 : Synthèse de la littérature*, LaMOS research Unit, 2020, v(18),1-18.
- [2] Allasane, M. *Modélisation et simulation numériques de l'épidémie du VIH-SIDA au Mali*. Thèse de doctorat en mathématiques appliquées, Université Diss-Lyon, Mali, 2012. 114 pages.
- [3] Allen, Linda JS. *An introduction to stochastic epidemic models*. In : Mathematical epidemiology. Springer, Berlin, Heidelberg, 2008. p. 81-130.
- [4] Allen, Linda JS. *A primer on stochastic epidemic models : Formulation, numerical simulation, and analysis*. Infectious Disease Modelling, 2017, vol. 2, no 2, p. 128-142.
- [5] Antoine, J et Hugo, F. *Modéliser la propagation d'une épidémie*. Mémoire en master Juin2015. 31 pages.
- [6] Belarbi, L et Daouma, Z. *Modélisation de la propagation d'une épidémie*. Stage de master 1 en laboratoire de physique et chimie théorique-UMR CNRS 7019, Université Lorraine, France, 2020/2021. 34 pages.
- [7] Benhammedi, M. *processus stochastique de population, application à la théorie stochastique des épidémies : cas du SIDA*. Thèse doctorat en sciences exactes, université mentouri, Constantine. 80 pages.
- [8] Berlette, C et Derrey, T et Sentos A.C, *Analyses de stratégies de dépistage dans la lutte contre la Covid – 19*. La logistique de crises sanitaires, 2020, no 1.
- [9] Calleri, F et Nastasi, G et Romano, V. *Continuous time stochastic processes for the spread of Covid – 19 disease simulated via a Monte Carlo approach and comparison with deterministic models*. Journal of mathematical Biology. 2021.
- [10] Gordillo, L and Greenwood, P. *Stochastic epidemic modeling*. In : Mathematical and statistical estimation approaches in epidemiology. Springer, Dordrecht, 2009. pages 31-52.

- [11] Hefferman, J.M and Smith, R.J and Wahil, L.M, *Perspectives on the basic reproductive ratio*. J.R.Soc. Interface, 2005, v(2), 281-293.
- [12] Hugues, L. *Estimation de paramètres dans des modèles d'épidémies*. Mémoire pr : Absenté comme exigence partielle de la maitrise en mathématiques, Université du Québec, Canada, 2011. 125 pages.
- [13] LIU, Z et MAGAL, P et SEYDI, O et WEBB, G, *A COVID-19 epidemic model with latency period*, Dr. J Wu , 2020, v(5), 223-337.
- [14] LIU, Z et MAGAL, P et SEYDI, O et WEBB, G, *Predicting the cumulative number of cases for the COVID-19 epidemic in China from early data :Mathematical Biosciences and Engineering*, v(17), 2020.
- [15] Medouar, F. *Les mathématiques des épidémies et modélisation de la pandémie de COVID-19*. Mémoire de master sciences et techniques(MST) , Université Sidi Mohamed Ben Abdellah, Maroc, 2020/2021. 66 pages.
- [16] Moulay, D. *Modélisation et analyse mathématique des systèmes dynamiques en épidémiologie. Application au cas du Chikungunya*. Thèse de doctorat en mathématiques appliquées, Université du Havre, 2010/2011. 223 pages.
- [17] Younci, F. *Mise en place d'un Système d'Information Décisionnel pour le Suivi et la Prévention des Epidémies*. Thèse de doctorat en sciences exactes, Université Ahmed Ben Bella, Oran, 2015/2016. 135 pages.