

**Aitouche Moh-Amokrane**  
**Baddari Kamel Djeddi Mabrouk**  
*Professeurs des Universités*

# **MODELISATION MATHEMATIQUE DE PROPAGATION D'UNE EPIDEMIE**



A la mémoire de toutes les victimes  
de la pandémie du Covid-19

**ديوان المطبوعات الجامعية**  
University Publications Office  
٠٤٤٠٠ | +٠٨٥٣٣٠٢٤١ +٤٠٨٠٤٤٤٤

**©Office des Publications Universitaires :**

**EDITION :**

**I.S.B.N :**

**Dépôt légal :**

The mathematician patterns, like those of the painter's or the poet's must be beautiful, the ideas like the colors or the words must fit together a harmonious way. Beauty is the first test. There is no permanent place in the world for ugly mathematics!

*Les modèles mathématiques, comme ceux du peintre ou du poète, doivent être beaux, les idées comme les couleurs et les mots doivent s'ajouter de façon harmonieuse. La Beauté est la première exigence, il n'ya pas de place permanente dans l'Univers pour des mathématiques laides!*

Godfrey Harold (1877-1947))

Mathématicien britannique



## Avant Propos

L'apparition soudaine et fulgurante de la pandémie Covid-19 d'abord dans la ville de Wuham (province de Hubei Est de la Chine) le 31 Décembre 2019 avant de s'étendre au reste de la planète, a posé le problème récurrent de l'identification de l'agent pathogène et du diagnostic de sa dynamique de propagation. Si le premier constat relève exclusivement des épidémiologistes, le second par contre a permis à l'épidémiologie de s'ouvrir sur d'autres disciplines scientifiques dont le noyau est la modélisation mathématique de la propagation d'une épidémie. On désigne alors cette approche sous le nom d'épidémiologie mathématique.

La modélisation mathématique d'une maladie infectieuse peut révéler des aspects non évidents à l'origine, de la progression séquentielle d'une épidémie et participer à la gestion sanitaire en donnant un aperçu des impacts qui pourraient en résulter.

La modélisation mathématique en épidémiologie n'est pas récente en elle-même puisque historiquement, des modèles plus ou moins fiables se rapportant aux épidémies sont rapportés dans la littérature épidémiologique. Dans le cas de la Covid-19, peut être en raison de l'urgence de la situation, des efforts considérables ont été consentis dans l'élaboration des modèles. Allant du modèle le plu simple (le modèle SIR par exemple) aux plus compliqués incluant des paramètres épidémiologiques diversifiés et une formulation mathématique parfois complexe, la modélisation a aboutit à la proposition de schémas de propagation d'une épidémie relativement fiables et surtout objectifs parce que déduits de raisonnements logiques et non plus issus d'observations.

Sur le plan méthodologique, on distingue trois approches possibles dans la modélisation de la propagation d'une épidémie: une approche phénoménologique, une approche basée sur la division de la population en compartiments et une approche unitaire de l'individu.

- Le modèle phénoménologique est à base de statistiques basées sur l'analyse des données épidémiologiques principalement les techniques de régression avec un intérêt particulier aux situations de croissance exponentielle observées lors des premiers instants de l'occurrence d'une épidémie.

- Dans le modèle à structure en compartiments, la population est divisée en entités "sanitaires" ou compartiments épidémiologiques distincts. Leur nombre et leur agencement spatial n'est pas standardisé *a priori* mais chaque schéma proposé doit obéir à une logique de la dynamique. Une conséquence immédiate est la complexité des équations mathématiques qui participent à la formulation du modèle.

- Les modèles individuels placent l'individu en tant qu'acteur de la transmission de l'agent pathogène au sens du phénomène de contamination. Ce dernier est généré d'abord à l'échelle de l'individu, puis d'un groupe d'individus (clusters par exemple) caractérisés par rapports d'organisation sociale (les clusters par exemple), les échanges ou contacts inter-individus ou intra - sociaux, les mouvements migratoires etc. La théorie des réseaux et l'approche par le phénomène de percolation en fournissent des outils d'analyse particulièrement adaptés.



## INTRODUCTION

D'excellents ouvrages et de nombreux thèmes de recherche ont été consacrés à l'immersion des modèles mathématiques dans les études épidémiologiques et l'approche préventive des épidémies et des maladies infectieuses. L'intérêt primordial ayant conduit à la rédaction du présent ouvrage sous le titre " *Modèles mathématiques de propagation d'une épidémie- Compartiments percolation Feu de forêt Réseau complexes- Eléments de modélisation de la pandémie Covid-19*" est d'intégrer les aspects fascinants et rigoureux que sont les mathématiques en épidémiologie, en biologie et plus largement dans le diagnostic des mécanismes de la dynamique de propagation des maladies infectieuses telle que la Covid-19. Nous estimons que des défis théoriques à travers la proposition de modèles mathématiques dont la formulation, la résolution, les contraintes posées par le choix des paramètres épidémiologiques s'inspire des facteurs régissant la dynamique infectieuse d'une épidémie.

Les modèles proposés offrent des perspectives d'investigation dans la compréhension d'une situation pandémique dont la gravité et l'extinction sont liés à certains facteurs dont l'influence est précisément mise en évidence par les modèles mathématiques et principalement dans l'interprétation des courbes épidémiques déduites de leur solution. Ces dernières sont fondamentales pour appréhender les facteurs intervenant dans la propagation d'une pandémie.

Dans la modélisation mathématique de la propagation d'une épidémie ou de la contagiosité d'une maladie se pose un préalable lié à la fiabilité du modèle elle-même lié aux mécanismes de cette propagation. Dans une situation épidémiologique réelle, ces derniers sont nombreux et parfois complexes, d'où la question insistante de savoir si le modèle mathématique proposé est le reflet fidèle d'une situation de terrain.

Nul ne peut ignorer que la propagation d'une épidémie est d'abord un fait social dont la trame est la population avec sa diversité, ses modes de fonctionnement, son organisation géographique, sa culture ou encore son schéma socio-économique. La question évidente qui se pose est la suivante: un modèle mathématique ou toute autre forme de modélisation peuvent-ils intégrer dans ses équations ou ses représentations cette complexité ? Il y a donc lieu de hiérarchiser les modèles en les répartissant en deux classes: les modèles simples et les modèles complexes ou complets. Ceci est la méthodologie adoptée dans le présent ouvrage.

### **Le modèle SIR**

Sur le plan chronologique, le modèle **SIR** pour **S**usceptible-**I**nfectés-**R**établis (**Removed** en appellation anglo-saxonne) fait figure de modèle précurseur et classique en modélisation épidémiologique. Il est l'un des modèles mathématiques les plus simples de propagation d'une

maladie. En présence d'une épidémie, le modèle SIR préconise la division de la population en trois (3) catégories de base ou compartiments en fonction de l'état de la maladie. Ce modèle n'est pas absolu mais repose sur des hypothèses simplificatrices mais non moins réalistes dans le contexte épidémiologique. L'une de ces hypothèses est de supposer que tout individu ou groupe d'individus sont vulnérables et susceptibles de contracter la maladie. Ils sont potentiellement contaminables mais non symptomatiques. En d'autres termes, il n'y a pas d'immunité innée. Cette catégorie d'individus forme le compartiment S des susceptibles.

La dynamique de propagation d'une épidémie se fait par le biais de contacts (quelque soit leur forme) inter-individus et partant du processus d'infection lui-même. Les individus infectés ou symptomatiques c'est-à-dire ceux présentant des symptômes externes dus à l'agent pathogène forment le second compartiment dit des "infectés" I. Le séjour des infectés dans ce compartiment est transitoire car ils sont sujets à deux états possibles: un état de guérison ou d'immunité et un état de décès. Les individus entrant dans ces deux catégories sont regroupés dans un troisième compartiment noté R pour rétablis bien que les décès y sont comptabilisés.

L'environnement du modèle SIR peut être de deux formes: un environnement clos où le modèle est isolé, c'est-à-dire qu'il n'est soumis à aucune contrainte démographique de natalité ou de décès en amont des compartiments S et I. C'est le cas le plus simple à formuler mathématiquement par un simple raisonnement logique. L'autre forme complique légèrement le modèle en y ajoutant une composante démographique de natalité ou de décès; Même négligeable, l'ajout de cette composante est répercuté par l'allure des courbes épidémiques S, I et R.

Pour saisir le principe du phénomène de propagation d'une épidémie, il est fait appel au concept physique de la dynamique des systèmes où la notion de flux (entrant ou sortant) est à la base des échanges entre les composantes du système. Le modèle SIR n'échappe pas à ce principe en prenant compartiment de référence, le compartiment S en amont (flux de susceptibles infectés quittant ce compartiment pour intégrer le compartiment) et un flux en aval formé des individus immunisés ou décédés et qui seront ainsi un flux entrant dans le compartiment R. Des signes arithmétiques dans les équations du modèle rendent compte de ce mouvement migratoire.

Il a été précisé précédemment qu'un modèle mathématique de propagation d'une épidémie doit mettre en évidence sa fiabilité et refléter autant que possible la situation sanitaire prévalant dans une situation de crise épidémique. La notion de flux migratoires susceptibles-infectés-rétablis nécessitent la définition de paramètres moteurs permettant à une partie des individus de quitter un compartiment pour en rejoindre un autre. Cette jonction a lieu par la définition et le choix de paramètres d'état spécifiques et qui sont fondamentaux une fois intégrés dans les équations mathématiques du modèle. En modélisation épidémiologique, ces paramètres s'apparentent beaucoup plus à des taux pour ne pas dire à des probabilités.



Il a été précisé que la propagation d'une épidémie a pour origine la nature et la fréquence des contacts entre les individus supposés asymptomatiques et les individus infectés donc symptomatiques. Ces contacts sont un phénomène de société et peuvent revêtir plusieurs formes: poignées de mains, embrassades, la promiscuité social (on parle de distanciation) les relations professionnelles etc. Il serait fastidieux de les énumérer toutes tant elles sont nombreuses et complexes. Cependant, elles se rattachent au type d'organisation sociale de la population, à sa densité, à ses fondements culturels et culturels et enfin à ses activités économiques.

Concernant le modèle SIR simplifié, deux paramètres fondamentaux son à préciser: le taux de contamination ou paramètre d'infection d'un individu susceptible par un individu infecté ou infectieux et le taux de guérison jumelé à la proportion de décès des suites de l'épidémie. Ces paramètres sont difficiles à en ce sens qu'ils peuvent être aléatoires. Pour le taux d'infection, quel est le nombre (par jour par exemple) et la nature des contacts entre susceptible et infecté. Pour le taux guérison, sa valeur est fortement influencée d'une part par le traitement auquel sont soumis les individus infectés et les mesures sanitaires préventives. Comment quantifier par exemple les mesures barrières (port du masque et distanciation sociale). Ce sont là quelques limites auxquelles se heurte la modélisation mathématique de la propagation des épidémies. Néanmoins, les mathématiques de par leur rigueur et leur objectivité peuvent assister les épidémiologistes en leur fournissant des arguments qui peuvent contribuer dans leur prise de décision en termes de politique sanitaire.

### **Les variantes du modèle SIR**

Le modèle SIR évoqué peut être à un modèle prototype dans la modélisation mathématique de la propagation d'une épidémie. Il ne peut se prévaloir de modèle universel en raison de sa non-représentativité de l'ensemble ou d'une partie des situations prévalant en temps de crise épidémique. L'idée d'intégrer d'autres compartiments jugés opportuns à ce modèle de base pourrait conduire à une approche plus réaliste de la situation épidémiologique. C'est ainsi que fut incorporé un compartiment **E** (E: exposés), inséré entre les compartiments S et I, comprenant les individus hôtes de l'agent pathogène, sans avoir encore le statut d'infectés. Le modèle résultant est dit de type **SEIR**. Un compartiment **H** (H: hospitalisés) peut être rattaché au compartiment des infectés I et en amont du compartiment R. Ceci donnerait les modèles **SIHR** ou **SEIHR**.

Parmi les autres hypothèses posées *a priori* dans le modèle SIR est qu'un individu rétabli acquiert une immunité définitive à la maladie. Dans le cas où cette immunité est partielle ou limité dans le temps, un individu immunisé peut redevenir susceptible de contracter la maladie auquel cas il rejoindrait à nouveau le compartiment S. On parle alors de modèles **SIRS** ou **SEIRS**. Il est à remarquer donc qu'il s'agit d'une opération de complexification du modèle de base SIR accompagnée d'une complexité du modèle mathématique et de ses équations qu'il faudrait pourtant résoudre.

D'autres configurations sans grand impact sur le scénario de la propagation d'une épidémie peuvent être aussi retenues. D'une portée locale ou restreinte, ces configurations sont obtenues par suppression de compartiments dans les modèles ci-dessus. Ainsi on peut énumérer les modèles **SI** (Susceptibles-Infectés), **SIS**, **SEI**, **SEIS**, **SRIS** etc.

Stratégie vaccinale et confinement par modélisation mathématique

Concernant la stratégie vaccinale, deux orientations sont à distinguer. La première concerne la vaccination comme une opération routinière forçant la guérison d'un individu infecté.

Dans le modèle mathématique correspondant, il suffit d'introduire le paramètre appelé "taux de vaccination" pour observer les effets de l'efficacité de cette vaccination sur les courbes épidémiques. L'autre aspect de la vaccination auquel peut contribuer la modélisation mathématique d'une épidémie se rapporte à la stratégie vaccinale à grande échelle, à l'échelle d'un pays ou d'une région géographique. Quel pourcentage de la population globale faut-il vacciner pour ralentir la progression de l'épidémie? Comment est-il calculer? Quels paramètres intégrer dans son calcul? Existe-t-il une expression mathématique unique et universelle pour déterminer ce pourcentage?

L'approche mathématique du confinement partiel ou total d'une population dans le cas de la virulence d'une épidémie est possible mais subjective par son modèle mathématique et le choix des paramètres décrivant le confinement. Si ce dernier est assimilé à une restriction des activités ou de déplacement d'une population, comment peut-on quantifier et mettre en équation cette restriction? Peut-on définir un coefficient de confinement et quel taux de la population faut-il confiner? Confinement total ou partiel? Un modèle mathématique est proposé avec le choix d'un coefficient mais basé essentiellement sur la translation en temps (temps différé) de l'apparition ou des effets conjoncturels d'une épidémie. L'efficacité d'un confinement sera mesuré par le degré d'aplatissement de la courbe épidémique des infectés et le temps nécessaire pour atteindre cet aplatissement, appelé aussi période de confinement.

### **Le taux de reproduction de base $R_0$**

Affirmer que le processus de propagation d'une épidémie s'apparente au principe de fonctionnement des systèmes dynamiques tels que définis en physique, ouvre des voies nouvelles et une méthodologie d'analyse étendue du processus épidémiologique. Les systèmes dynamiques dignes d'intérêt actuellement, sont ceux dits non linéaires exhibant des caractéristiques d'évolution dans le temps de caractéristiques spécifiques. Nous retiendrons les deux caractéristiques suivantes : la formulation mathématique des équations différentielles aux dérivées partielles régissant tant le mode d'évolution dans le temps des systèmes dynamiques non linéaires ainsi que le mode opératoire de propagation d'une épidémie sont elles-mêmes non linéaires. Leur résolution analytique est souvent ardue en raison de l'absence d'une méthode universelle de leur résolution. L'outil informatique est alors tout indiqué pour représenter

graphiquement la ou les solutions en vue de leur interprétation à l'instar des courbes épidémiques S,I et R entre autres. Dans ce contexte, le progiciel Matlab grâce à sa tool-box s PDE (Partial Differential Equations) est tout indiqué pour la résolution des équations des modèles épidémiologiques présentés ci-dessus.

En physique, les systèmes dynamiques non-linéaires sont les précurseurs au comportement chaotique et à l'imprévisibilité de trajectoires de phase. Ce dernier phénomène est accentué par le choix des conditions initiales posées lors de la résolution des équations différentielles. C'est ce qui est appelé "sensibilité aux conditions initiales" des trajectoires de phase et le phénomène observé est connu sous le nom "d'effet papillon".

Ces observations sont extrapolables dans le processus non-linéaire de propagation d'une épidémie à condition d'identifier ce qui pourrait représenter une condition initiale susceptible de favoriser cette propagation à grande échelle. Ce facteur est le taux de reproduction de base  $R_0$ . La définition de ce dernier obéit aux considérations suivantes. L'origine d'une infection relève de l'existence d'un individu infectieux que nous qualifions de source de l'infection ou de génération 0 des individus infectés. Il a été précisé que le moteur de la transmission de la maladie est le degré et la nature des contacts inter-individus. Si l'individu "source" contamine dans un premier temps  $n$  autres individus, le processus de propagation de l'épidémie est alors enclenché car chacun de ces  $n$  individus (génération 1) devient à son tour une source infectieuse et contaminera  $n$  autres individus. Le processus se poursuit tant que l'épidémie persiste et que les mesures préventives (mesures sanitaires principalement) n'infléchissent par sur la courbe épidémique majeure I.

Il est donc primordial de déterminer le taux de reproduction de base  $R_0$  car sa valeur est un indicateur d'orientation des mesures sanitaires préventives. Une estimation fiable de  $R_0$  n'est pas aisée étant donné la complexité des relations sociales entre individus. A titre d'exemple pour la pandémie Covid-19, certains épidémiologistes estiment que la valeur de  $R_0$  se situe entre 2 et 2.5 ( $2 < R_0 \leq 2.5$ ) mais cette valeur n'est pas universelle. On pourrait utiliser la valeur intermédiaire  $R_0 = 2.3$ .

Un inconvénient fondamental caractérise le taux de reproduction de base comme défini ci-dessus: il est indirectement supposé constant tout au long du déroulement de l'épidémie. Cependant ; dans une situation endémique, des mesures sanitaires de prévention sont prises au cours d'une période précise. Elles visent à réduire le nombre de contaminations nouvelles. Il y a donc une nécessité de mise à jour en fonction du temps de  $R_0$ . Le taux de reproduction de base ainsi établi est appelé "taux de reproduction de base effectif  $R_{eff}$ ".

## **Le taux de reproduction de base $R_0$ : un outil d'alerte**

Il est remarqué qu'en optant pour un taux de reproduction de base constant au cours d'une épidémie, le nombre cumulé pour une période donnée, du nombre d'individus infectés, suit la loi d'une progression géométrique de raison précisément le taux de reproduction cette de base  $R_0$ . En extrapolant les conditions de convergence (ou de divergence) de cette progression géométrique en épidémiologie, le le raisonnement suivant est envisageable :

-Il est connu que la convergence d'une progression géométrique est assurée lorsque la raison est inférieure à l'unité i.e.  $0 < R_0 < 1$ . En termes épidémiologiques, cela se traduit soit par une tendance baissière du nombre d'individus infectés ou à la limite une absence de cas d'infection c'est-à- dire en fait une absence d'épidémie.

-Le cas où la raison est plus grande que l'unité i.e.  $R_0 > 1$  se traduit par la divergence de la progression géométrique. En termes épidémiologiques, cela se traduit par une tendance à la hausse du nombre cumulé des individus infectés donc d'une expansion de l'épidémie

La valeur "frontière"  $R_0 = 1$  devient ainsi un indicateur d'alerte à la survenue d'une épidémie dans le cas  $R_0 > 1$ . Plus le taux de reproduction de base est proche de la valeur limite, plus l'épidémie est virulente, comme dans le cas de la Covid-19. A l'opposé si  $0 < R_0 < 1$ , la tendance à une régression de la maladie se confirme. Dans le cas de la Covid-19, la détermination du taux de reproduction de base  $R_0$  pourrait contribuer à juger de l'efficacité des mesures préventives prises ou contribuer à la politique sanitaire à entreprendre.

## **Taux de reproduction de base $R_0$ et couverture vaccinale**

Un problème récurrent se pose lors d'une opération de vaccination de masse de la population sous influence épidémique: quel taux de couverture vaccinale assurer, la vaccination de l'ensemble de la population étant à écarter à cause de contraintes organisationnelles et économiques. Un compromis entre le taux de couverture vaccinale et les objectifs escomptés à travers la vaccination doit être établi. Ainsi, dans le cadre d'une épidémie, on peut assigner à une campagne de vaccination d'une proportion de la population deux objectifs qui peuvent être complémentaires

-La vaccination d'une proportion estimable de la population afin d'assurer son immunité et sa sensibilité à l'agent pathogène au cours du temps, sous la forme d'une immunité acquise. Dans ce cas, la proportion  $p$  de la population doit être telle que

$$p > \left(1 - \frac{1}{R_0}\right)$$

-Si l'objectif assigné à de la vaccination est de ralentir la progression de la maladie, la proportion  $p$  de la population à vacciner tout en demeurant sensible à l'infection est telle que

$$p = \frac{1}{R_0}$$

Ainsi, dans l'hypothèse où  $R_0 = 2.3$  dans le cas de la Covid-19, il faut assurer la vaccination une proportion de la population  $p_1 = 56,52\%$  dans le premier cas et une proportion  $p_2 = 43.47\%$ . Ainsi, si à l'échelle d'un pays, la population compte 44 000 000 d'individus (estimation de la population en Algérie), on obtiendrait les proportions relatives et discutables suivantes

- 1<sup>er</sup> cas  $N_1 \cong 24\,867\,000$  individus à vacciner
- 2<sup>ème</sup> cas  $N_2 \cong 19\,127\,000$  individus à vacciner

Notons que ces valeurs ne sont pas significatives et doivent être revues à la baisse car tous les individus d'une population ne sont pas éligibles à la vaccination (critère de la tranche d'âge par exemple). Elles sont aussi fonction de la détermination du  $R_0$  laquelle dépend entre autres, des taux d'infection et de guérison. Le calcul de la valeur du  $R_0$  relatif à une épidémie reste un sujet de discussion et de recherche en épidémiologie et en mathématiques.

La courbe des infections: un témoin privilégié d'une épidémie

Tant en amont qu'en aval, l'évolution temporelle de la population des infectés est décrite par la courbe notée  $I(t)$  dont l'étude, les variations et certaines de ses caractéristiques contribuent au diagnostic de l'épidémie et au pronostic de son évolution future. Ainsi, il est possible de prédire, en fonction des paramètres épidémiologiques fixés, le maximum d'individus qui seront infectés par rapport à une période donnée, de formuler la durée de l'épidémie et d'affirmer que toute épidémie a nécessairement une fin (son extinction). Ces conclusions, peut être évidentes pour certaines, découlent de la fonction  $I(t)$  devenant ainsi, un témoin privilégié de l'évolution dans le temps de la pandémie.

### **Propagation d'une épidémie : modèles de percolation et de feu de forêt**

De caractère aléatoire, le concept de percolation est éminemment mathématique et profondément probabiliste. En physique, la percolation s'apparente à un phénomène de transition de phase dont le siège est un réseau dans lequel ont été supprimés des sommets (ou sites) et des arêtes (ou liens). Cette opération de retrait, au-delà d'un certain seuil est accompagnée par la formation de grappes de dimensions de plus en plus petites. Ainsi, pour un réseau comprenant  $N$  sites et si  $N_1$  désigne le nombre d'éléments (individus) occupant ce site, la probabilité d'occuper un site est donc  $p = \frac{N_1}{N}$ ,  $0 \leq p \leq 1$ . Un amas représente un ensemble d'individus ayant au moins un voisin. Si  $A_{max}$  désigne la taille du plus gros amas, il existe une probabilité  $p = p_c$  appelée "probabilité critique ou seuil de percolation pour laquelle il est observé une transition de percolation. Dans où le nombre de sites  $N$  devient infini ( $N \rightarrow \infty$ ), on remarque que  $A_{max}$  devient fini si  $p < p_c$  et infini si  $p > p_c$ . En épidémiologie, le statut d'une maladie affectant une population donnée et basculant en régime épidémique, s'apparente à une transition de phase. Il existe donc une probabilité appelée "seuil épidémique" en deçà de laquelle la maladie déclarée n'est pas une épidémie mais au-delà de laquelle la

maladie va muter en épidémie. La valeur de la probabilité critique  $p_c$  dépend de la géométrie du réseau. Ainsi, pour un réseau carré, le type de percolation décrit ci-dessus (percolation par site), la valeur du seuil critique  $p_c$  est telle que  $p_c = 0.593$ .

L'étude des quantités physiques telles que le nombre de contaminations en épidémiologie, au voisinage du seuil de percolation  $p_c$ , est d'un grand intérêt. En effet, ces quantités physiques varient suivant une loi de puissance de la forme  $(p - p_c)^\alpha$ ,  $\alpha$  appelé "exposant critique". Un raisonnement similaire peut être tenu pour la percolation par les liens.

La propagation des feux de forêt n'est qu'une approche simpliste de la percolation dans laquelle le réseau (carré) est remplacé par une forêt, les sites par les arbres plantés. Une loi de propagation du feu d'un arbre à un autre est ensuite définie. Les amas sont représentés par le nombre d'arbres brûlés. Le seuil de percolation sera alors une référence indiquant l'état d'incendie de la forêt en feu.

### **Théorie des réseaux et propagation d'épidémie**

L'opportunité d'introduire la théorie des réseaux (ou théorie des graphes) dans l'étude du processus de propagation d'une épidémie, trouve son origine dans l'organisation sociale et la distribution spatiale des individus composant une population. La notion de nœud est alors extrapolée au type d'organisation sociale, individus, famille, tribu, communauté etc. La notion d'arête ou de lien désigne l'ensemble des relations sociales entre les individus ou entre les communautés et résumées sous le nom de communication.

La propagation d'une épidémie à travers un réseau dépend globalement de la structure interne du réseau lui-même en termes de densité des nœuds (densité de la population, nombre de communautés, etc.) et des liens gérant la cohabitation des individus et des communautés (en épidémiologie, le nombre et la nature des contacts et des échanges inter-individus). L'extrapolation de la notion de réseau et principalement de ses caractéristiques conceptuelles (architecture du réseau) trouve naturellement un mode d'organisation semblable dans la société.

La propagation d'une épidémie est un phénomène de contact tout comme la circulation d'une information dans un réseau. Les modes de la répartition spatiale d'une population sont répercutés par la géométrie d'un réseau et les formes de connexion entre les nœuds. Cependant la théorie des réseaux introduit des concepts ignorés pour la plupart dans les analyses de la société et qui s'avèrent cruciaux pour comprendre le processus de propagation d'une épidémie au sein d'une population. Dans ce contexte, les notions de distance et de raccourci entre sommets ou entre groupes de sommets feront allusion à une autre forme de contact entre individus. Le diamètre d'un réseau peut faire référence à la taille d'une population et aux disparités d'occupation de l'espace. Certains types de réseaux peuvent explorer des formes possibles de transmission de la maladie. A ce titre, le réseau dit de "petit monde" ou six degrés de séparation par exemple, met en évidence à la fois un mode et une vitesse possibles de propagation d'une épidémie qui ne peuvent être révélées par les méthodes d'investigation épidémiologique traditionnelles.

L'aspect géo-temporel du développement des épidémies et autres maladies infectieuses, se pose avec acuité dans les études épidémiologiques. La question qui se pose est la suivante : comment inclure et quantifier les effets spatiaux de propagation ? Une première possibilité raisonnable d'ailleurs, serait d'inclure une variable spatiale  $x$  en plus de la variable temps  $t$  dans les différents modèles mathématiques de prop

agation d'une épidémie comme dans le modèle SIR ou autres. Dans ce cas, les fonctions "susceptibles et "infectés"  $S$  et  $I$  dépendront des deux variables pour devenir  $S(x, t)$  et  $I(x, t)$  respectivement. Les équations différentielles qui en découleront seraient un peu plus complexes. Ceci étant, le phénomène de propagation spatial nécessite un agent moteur pour assurer cette dynamique. Dans ce cas, on fera appel un phénomène bien connu dans la dynamique des sciences: la diffusion. La propagation sera alors induite par l'apport d'une part du modèle bidimensionnel et du phénomène de diffusion.

### **Le phénomène de diffusion**

La diffusion désigne l'action qu'un agent expansif à se répandre à travers un milieu favorable et atteindre un état ou une répartition uniforme. Le phénomène de diffusion se retrouve dans plusieurs domaines allant de la chimie, les télécommunications, les sciences de l'information, les sciences de la matière aux sciences biologiques et épidémiologiques. Dans la Nature, la diffusion renvoie à la tendance vers l'étalement spatial de particules, atomes ou molécules grâce à une excitation énergétique. Les épidémies sont caractérisées par leur diffusion très étendue du point de vue géographique et atteindre plusieurs continents.

La diffusion est basée sur le processus de mouvement aléatoire donc à forte connotation probabiliste. Elle se situe à des échelles spatiales et/ou temporelles variables pouvant aller du niveau macroscopique vers des échelles nettement plus importantes.

Dans le cas de la propagation d'épidémies, deux facteurs importants décrivent le phénomène de diffusion d'une maladie: la territorialité ou milieu de diffusion impliquant la géométrie et la dimension de ce dernier (notions que l'on retrouve aussi dans la résolution des équations de diffusion) et le mode de diffusion fondamental dans la propagation des maladies. Les illustrations ci-dessous en donnent un aperçu.

### **Ondes progressives de la propagation spatiale d'une épidémie**

En résolvant le système intégro-différentiel descriptif du phénomène de propagation spatiale d'une épidémie, on a alors accès au mode qualitatif de cette propagation. Ce dernier découle de la nature des solutions et de leur représentation graphique. Dans le cas développé dans le présent travail, il est prouvé que la propagation spatiale d'une épidémie obéit à une loi ondulatoire en  $z = x - ct$  avec  $c$  la célérité ou vitesse de propagation. Il est mis en évidence que le phénomène de propagation pour voir lieu, repose sur certaines conditions que doit vérifier cette vitesse en particulier l'influence du taux de reproduction de base  $R_0$ .





## CHAPITRE I

### SYSTEME DYNAMIQUES ET MODELISATION MATHEMATIQUE

#### I- Systèmes dynamiques

##### I-1 Notion de système dynamique

Les systèmes dynamiques sont la branche des mathématiques consacrée à l'étude des systèmes régis par un ensemble cohérent de lois fonction généralement du temps telles que les différences et les équations différentielles. L'objectif essentiel de l'étude des systèmes dynamiques est la compréhension des propriétés géométriques des trajectoires et du comportement à long terme. Les systèmes dynamiques peuvent modéliser une gamme incroyable de comportements tels que le mouvement des planètes dans les systèmes solaires, la façon dont les maladies se propagent dans une population, la forme et la croissance des plantes, l'interaction des impulsions optiques ou les processus qui régulent les circuits électroniques et le cœur.

Un système dynamique peut être défini comme un ensemble d'entités – les composantes du système- en interaction les unes avec les autres assurant ainsi son évolution ans le temps, c'est-à-dire sa L'évolution dynamique temporelle. Une théorie unifiée et descriptive peut être énoncée. Un [système dynamique se](#) compose d'un [espace de phase](#) abstrait ou [espace d'](#) états, dont les coordonnées décrivent l'état à tout instant, et d'une règle dynamique qui spécifie l'avenir immédiat de toutes les variables d'état, étant donné uniquement les valeurs actuelles de ces mêmes variables d'état.

Un système dynamique est décrit par un ensemble de variables dites dynamiques qui peuvent être traduites sous la forme d'un vecteur-colonne  $X = (x_1, x_2, \dots, x_n)^T$  de l'ensemble  $\mathfrak{R}^n$ . L'état du système à un instant donné  $t$  est décrit de façon univoque par un point  $X$  de l'espace des phases. Les termes  $x_i$  sont des coordonnées généralisées qui peuvent représenter diverses quantités. Dans leur ensemble, les valeurs associées aux grandeurs des entités qui forment le système évoluent dans le temps. Le comportement du système découle alors des variations dans le temps de ces valeurs donc de comprendre et de prédire le comportement du système. L'étude formelle des systèmes dynamiques consiste à étudier des modèles mathématiques spécifiques à une discipline bien précise telle que celle proposée dans le présent travail, l'épidémiologie vue à travers le processus de propagation d'une épidémie. Certains systèmes peuvent être dérivés de principes de base et testés pour montrer une précision expérimentale suffisamment forte pour créer les outils d'analyse et d'une dynamique et éventuellement rendre accessible sa complexité.

## I-2 Classes des systèmes dynamiques

Les systèmes dynamiques peuvent être répartis selon trois classes: les systèmes déterministes, stochastiques ou aléatoires et les systèmes à comportement chaotique.

### I-2-1 Systèmes dynamiques déterministes

L'évolution globale  $X(t)$  du système dynamique est déterminée si un état initial  $X(t_0)$  est donné. L'évolution du système dans le temps, sera décrite par une équation différentielle de premier ordre de la forme

$$\frac{dX(t)}{dt} = F[X(t, \alpha)]$$

$F$  est une fonction non-linéaire des coordonnées  $X$ . De plus  $F$  peut dépendre explicitement du temps  $t$ . Dans le cas contraire, le système sera dit autonome. Le paramètre  $\alpha$  est un paramètre de contrôle. Le choix de ses valeurs peut affecter la dynamique du système et même changer le caractère de cette dernière.

### I-2-2 Systèmes dynamiques aléatoires

Dits aussi stochastiques, les systèmes aléatoires sont caractérisés par une distribution de probabilité d'états possibles. La dynamique stochastique ou aléatoire a ouvert de multiples horizons et modèles impliquant des résultats sur les variétés invariantes, les attracteurs globaux et les mesures invariantes pour de tels systèmes. Des événements aléatoires se produisent dans le monde physique et tout au long de nos expériences quotidiennes. La prise en compte des effets stochastiques est d'une importance capitale pour le développement de modèles mathématiques de phénomènes complexes en cas d'incertitude survenant dans les applications. Les modèles macroscopiques pour ces systèmes contiennent le caractère aléatoire de plusieurs manières, telles que le forçage stochastique, des paramètres incertains, des sources ou des entrées aléatoires et des conditions initiales et aux limites aléatoires. La théorie des systèmes dynamiques aléatoires et des équations différentielles stochastiques fournit des idées et des outils fondamentaux pour la modélisation, l'analyse et la prédiction de phénomènes complexes.

### I-2-3 Un modèle classique de système dynamique non linéaire

Il s'agit du modèle non linéaire de Lorenz, connu sous le nom d'attracteur de Lorenz, défini par:

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = \sigma(y - x) \\ \frac{dy}{dt} = x(\rho - z) - y \\ \frac{dz}{dt} = \beta z + xy \end{cases}$$

où  $x = x(t)$ ,  $y = y(t)$  et  $z = z(t)$ ; On a posé  $t = [0,100]$  et  $x(0) = y(0) = z(0)$ . Les paramètres du système sont  $\sigma = 10$ ,  $\rho = 30$   $\beta = -3$ . Les figures suivantes sont une représentation croisée des fonctions inconnues  $x(t)$ ,  $y(t)$  et  $z(t)$  (figure I-1)

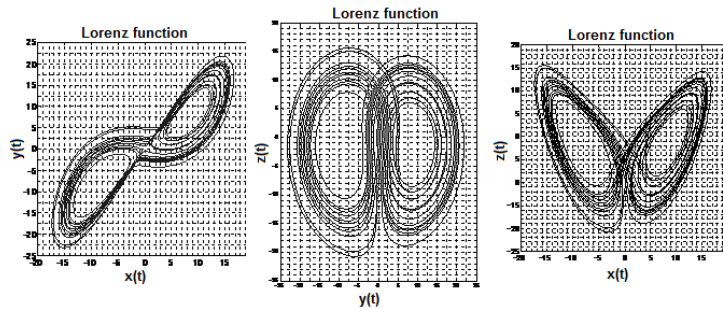


Figure I-1 Un modèle dynamique complexe: le modèle de Lorenz

Cette procédure de représentations partielles des trajectoires de phase

$$\begin{cases} [x(t), y(t)] \\ [y(t), z(t)] \\ [x(t), z(t)] \end{cases}$$

sera dans le présent travail à travers le modèle mathématique épidémiologique SIR. Il est possible dans l'exemple cité ci-dessus de donner une représentation tridimensionnelle  $[x(t), y(t), z(t)]$  des trajectoires de phase (figure I-2)

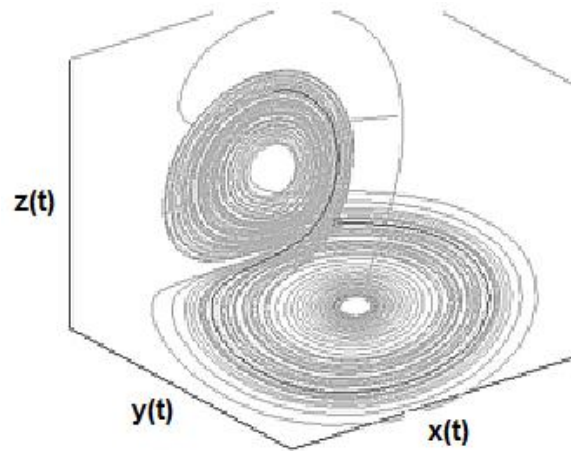


Figure I-2 Représentation tridimensionnelle des trajectoires de phase

## II- Concepts généraux sur la modélisation mathématique

### II-1 Modélisation mathématique

La modélisation mathématique est une approche génératrice d'un modèle. Elle est, de nos jours, considérée comme une démarche efficace pour la reproduction en termes d'équations pour la forme la plus populaire, traitant des variables et des paramètres. De ce fait, la modélisation s'apparente à une représentation symbolique certains aspects d'un objet ou d'un phénomène réel comme la propagation d'une épidémie. Il est à remarquer que les modèles mathématiques n'ont pas l'exclusivité dans la modélisation. En effet en l'absence de mesures, les représentations schématiques est une option de substitution. Dans les deux cas, la modélisation s'impose comme une démarche d'autant plus efficace si elle est associée à une démarche expérimentale rigoureuse tout en y associant ses contraintes. L'étape de modélisation d'un processus physique ou d'un événement est assez délicate, longue et exposée aux critiques.

### II-2 Phases d'une modélisation mathématique

Même nuancée dans son formalisme, l'acte de modélisation mathématique obéit à certains principes qui renforceront son statut de démarche scientifique

- Poser la problématique du phénomène à modéliser avec la mise en valeur des questions à résoudre
- Définir les actions à entreprendre
- Prendre en considération les données et les connaissances disponibles et accessibles par l'expérience et les observations

### II-3 Caractérisation d'un modèle

Un modèle mathématique est une description d'un système ou d'un processus (l'épidémiologie ne faisant pas exception) en utilisant des outils mathématiques et un langage. Le processus de développement de modèles mathématiques est appelé modélisation mathématique. Nous nous intéresserons à la modélisation des maladies infectieuses et de leur propagation. Des modèles mathématiques sont développés pour aider à expliquer un système, pour étudier les effets de ses divers composants et pour faire des prédictions sur leur comportement. Nous citons quelques avantages

- Les mathématiques sont un langage très précis. Cela nous aide à formuler des idées et à identifier les hypothèses
- Les mathématiques sont un langage concis, avec des règles bien définies pour les manipulations.
- On dispose d'un ensemble de concepts non seulement théoriques mais aussi adaptés à nos questionnements et qui sont l'héritage des travaux et des découvertes des mathématiciens à travers les âges.
- L'évolution technologique aidant, des moyens de calcul numérique, de résolution et de représentation sont venus suppléer notre curiosité de comprendre les processus même les plus infimes ou discrets.

Les modèles mathématiques se composent généralement de paramètres et de variables reliés par des formulations précises et réfléchies :les équations d'état. Les variables sont des abstractions des propriétés du système qui peuvent être quantifiées ou mesurées. Les modèles peuvent être classés selon le processus à modéliser, en un Modèle dynamique/statique. Un modèle dynamique tient compte des changements de l'état du système en fonction du temps, tandis qu'un modèle statique calcule les quantités du système en supposant qu'il ne change pas dans le temps et qu'il est donc invariant dans le temps. Les modèles dynamiques utilisent généralement des équations différentielles ou des équations différentielles.

### II-4 Les différents types de modèles

Les modèles que nous considérerons dans ce livre seront des modèles dynamiques.

#### II-4-1 modèles continus/ discrets

Les modèles discrets traitent le temps ou les états du système comme discrets. Les modèles continus intègrent le temps et les états du système comme étant continus.

#### II-4-2 modèle déterministe / stochastique

Un modèle déterministe est un modèle dans lequel chaque ensemble d'états de variables est déterminé de manière unique par les paramètres du modèle et l'état initial des variables. Les modèles stochastiques sont caractérisés par le caractère aléatoire et les états des variables sont décrits par des distributions de probabilité.

### II-4-3 Autres formes de modélisation

Outre ces deux principales classes de modèles les plus couramment appliquées, citons les formes de modèles spécifiques suivantes

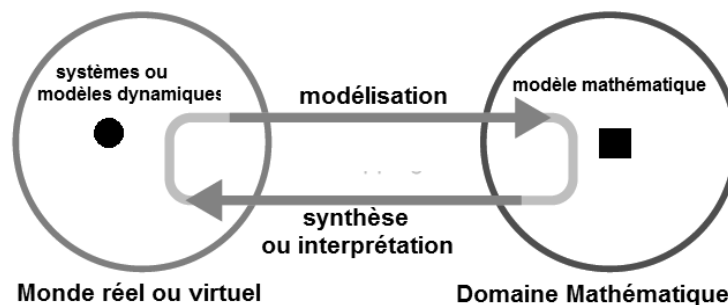
- Le modèle géométrique
- Le modèle de simulation
- Le modèle basé sur la structure des données

### III- Elaboration et interprétation d'un modèle

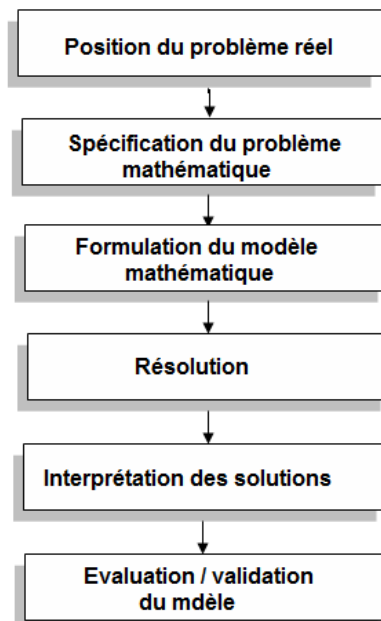
Le processus de modélisation nécessite la traduction d'un scénario donné (biologique ou épidémiologique par exemple) en un problème mathématique. Le processus de modélisation commence généralement par une description claire des processus ou des systèmes basée sur la compréhension du système par le scientifique. La traduction en équations mathématiques doit être faite avec un objectif spécifique. Le modèle mathématique ne doit incorporer que les caractéristiques qui sont pertinentes pour les objectifs spécifiques retenus. Sa résolution conduit à des solutions destinées dont

- l'analyse pour produire des quantités critiques qui régissent le comportement global des solutions
- l'estimation des paramètres du modèle
- la "manipulation" par simulation de ces paramètres pour juger de l'importance de ces derniers dans la nature de la solution
- son adaptation aux données disponibles ou utilisées pour simuler des expériences susceptibles de produire des données

Schéma de principe d'une modélisation et de sa synthèse



Une fois le modèle compris, il faut interpréter ses résultats à la lumière du scénario considéré et chercher potentiellement la réponse à la question posée au départ. À tout le moins, nous devons répondre à ces questions: qu'avons-nous appris sur le monde réel grâce au modèle? Le message de notre modèle est-il corroboré par les informations sur le système? L'organigramme suivant décrit un type de processus de modélisation mathématique d'un phénomène spécifié avec comme finalité l'évaluation ou la validation du modèle mathématique initié



Workflow dans un processus de modélisation

:



## CHAPITRE II

### Conception d'un modèle mathématique en épidémiologie

#### I- Impératifs de modèles mathématiques en épidémiologie

Les agents infectieux ont façonné le monde orienté vers la simplicité. Sur le plan sanitaire à travers les âges. Le choix et l'adoption d'un modèle mathématique en épidémiologie doivent être effectués avec précaution. Ils sont soumis à des critères précis dont le plus important est de préciser la finalité attendue d'un modèle mathématique de la propagation d'une épidémie, autrement dit "un modèle mathématique, pourquoi faire ?" Les modèles mathématiques sont certes un outil de recherche mais ils peuvent aussi concerner le domaine de la santé publique par les réponses qu'ils peuvent apporter à des questions vitales sur une épidémie comme son ampleur, son évolution dans le temps ou peut-être comment la contrôler. A cet effet, un modèle épidémique doit s'appuyer sur le réalisme orienté vers la simplicité. Cela ne signifie nullement qu'il faut bannir dans le modèle plusieurs possibilités de l'épidémie mais plutôt incorporer les principales composantes qui rendraient compte le mieux de la propagation de l'épidémie.

#### II- Spécificités d'un modèle mathématique en épidémiologie

La modélisation épidémiologique se heurte au problème de sa non unicité bien que l'objectif soit le même: modifier le taux de propagation de l'infection. On se retrouve donc avec deux impacts sur la population: un impact réel direct dû à l'épidémie (la contamination principalement) et un impact véhiculé par le modèle avec un problème majeur représenté par leur corroboration si elle existe. Il a été précisé plus haut, que dans la hiérarchie des considérations dont il faut tenir compte pour établir un modèle mathématique relève avant tout et surtout du phénomène épidémiologique compris et établi, pouvant être descriptif, qualitatif, observationnel et interprétable. Notons qu'à ce niveau, l'aspect quantitatif au sens mathématique du terme, c'est-à-dire fait d'équations, de conditions initiales à poser, de fonctions à calculer et à représenter. Un modèle mathématique ne peut être établi qu'à partir d'hypothèses intimement liées au phénomène épidémiologique.

L'élaboration d'un modèle mathématique relativement à une discipline mathématique, l'épidémiologie ne faisant pas exception, requiert la L'élaboration du modèle mathématique de la propagation d'une épidémie est une étape fondamentale dans l'acte de modélisation. Un modèle mathématique n'est pas une évidence car en premier lieu il doit répondre à la question "pourquoi modéliser?". Autant dire qu'un modèle mathématique doit répondre à des objectifs préétablis. Le bon sens mènera à dire qu'en multipliant le nombre d'objectifs à atteindre, le modèle gagnerait en fiabilité.

### III- types de modèles mathématiques en épidémiologie

#### III-1 Modèles déterministes

Les premières propositions de modèles épidémiologiques remontent au début du XX<sup>ème</sup> siècle, relativisé chacun par les hypothèses qui le prédéterminent. Il est ainsi proposé deux modèles fondamentaux: le modèle déterministe et le modèle stochastique. Le premier modèle cité inaugure ce qui est appelé aujourd'hui "la modélisation mathématique en épidémiologie.

Les travaux de Hamer (1906) ont jeté les bases du modèle déterministe en épidémiologie. L'hypothèse sur laquelle se fonde ce modèle est la suivante: le nombre de nouveaux cas déclarés pour une maladie infectieuse dépend de l'effectif des individus sains réceptifs à l'infection, du nombre de sujets déjà infectés et d'un coefficient de proportionnalité représentant le taux de contagion. Ce dernier comprend la virulence de l'agent infectieux et surtout sa capacité à se propager, la fréquence des contacts entre individus sains et individus infectés. Ce modèle simplifié s'est avéré par la suite insuffisant pour rendre compte de la complexité d'un phénomène épidémiologique. De nouvelles hypothèses ont donc été ajoutées, rendant le modèle certes plus complexe mais plus réaliste. C'est ainsi que furent proposés les modèles de classes ou compartiments épidémiques.

#### III-2 Les modèles infectieux compartimentaux

En épidémiologie, s'est posée la méthodologie de la gestion des flux non-uniformes d'individus ne répondant pas tous aux mêmes critères de classification: sains, potentiellement, contaminés, en voie guérison etc. Il est alors naturel d'entrevoir leur répartition en classes épidémiologiques ou compartiments épidémiologiques. Par leur identification et leur agencement, ces derniers formeront les unités de base à la modélisation mathématique d'une épidémie. Précisons d'emblée que ces compartiments ne sont pas étanches mais plutôt ouverts et en étroite communication sino la notion d'épidémie perdrait de sa signification. Une analogie évidente peut être alors établie avec la dynamique des systèmes, chapitre ô combien important en physique.

La population peuplant un case "compartimentale" est supposée homogène c'est-à-dire que les individus peuplant le compartiment jouissent du même statut vis-à-vis de l'infection et converse se statut tant qu'il appartient au compartiment. Un individu qui change d'état (immunité ou décès) doit changer de compartiment. Il y a donc mouvement de flux inter-compartiments ce conduit à une variation des effectifs respectifs. Ce type de modèle est dit déterministe.

La dynamique engendrée par le phénomène épidémique étant semblable à celle décrite dans les systèmes dynamiques, nécessite la définition de conditions initiales qui conditionneront l'évolution du système. Les flux circulant entre les compartiments ne dépendent que des effectifs des compartiments et des coefficients de proportionnalité considérés comme le tau de contagion, de guérison, ...). Un modèle déterministe exclut les critères probabilistes. Donc les conditions initiales posées conduisent toutes à la même évolution du système. Il s'agit donc de systèmes déterministes à temps continu. La variable 'temps  $t$ ' est donc fondamentale dans les équations qui régissent cette catégorie de systèmes. Relativement à un pas de temps  $\Delta t$ , on évalue le nombre de nouveaux cas uniquement dans le cadre de cet intervalle de temps mais

non le nombre d'individus recensés postérieurement à  $\Delta t$ . L'évolution est donc continue mais non ponctuelle.

#### IV- Formulation d'un modèle

Dans l'absolu, plus un modèle mathématique est complexe, plus il est représentatif du phénomène dont il veut donner une représentation. Il n'est pas superflu de rappeler que ce modèle doit répondre à des objectifs qui ne versent nullement dans la complexité. Un modèle mathématique destiné à comprendre le phénomène de propagation d'une pandémie n'est qu'un appoint à la gestion sanitaire de cette dernière sans avoir la prétention de répondre à tous les questionnements posés par cette propagation.

En ayant écarté le standard de modèle absolu, on se limite alors à ne considérer le modèle mathématique que comme le reflet de suppositions ou d'hypothèses. Tout au long de son évolution, les critères d'hypothèses ou de supposition prédétermineront sa fiabilité. Autant dire qu'ils doivent être choisis avec soin et surtout avec objectivité comme il sera le cas dans cette étude. Cependant un modèle mathématique établi tel que celui d'une pandémie doit être placé dans toute sa modestie et sa relativité en permettant d'entrevoir par extrapolation ou par projection dans le temps par exemple, un autre regard sur le phénomène de propagation d'une pandémie. Le revers de la question se situe dans la complexité que vont exiger de tels systèmes avec comme corollaire la tâche ardue qu'exigeront les modèles mathématiques généralement à base de systèmes d'équations différentielles non-linéaires. La détermination d'une solution analytique est souvent impossible. Le calcul des solutions pourrait être effectué soit par des algorithmes spécifiques tels que la méthode d'approximation par les différences finies. Pour cette étude, nous avons mis à profit la boîte à outil **ODE** dédiée aux équations différentielles insérée dans le langage de programmation **Matlab** sous la syntaxe **ODE45** dont le principal avantage est de fournir les solutions graphiques des systèmes d'équations différentielles non-linéaires, d'où sa parfaite adaptation pour la phase de l'interprétation. Le diagramme sur la figure II-1 est un exemple de procédure engagée dans un processus de modélisation.

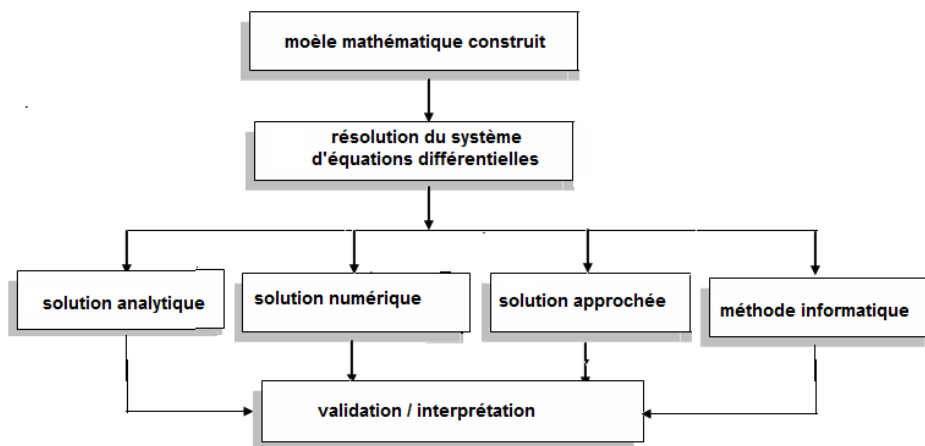


Figure II-1 un organigramme type dans un processus de modélisation

## V- Dynamique des populations et formulation mathématique

La traduction en langage mathématique de la dynamique des populations a d'abord été accueillie avec scepticisme pour ne pas dire curiosité tant l'approche descriptive était prédominante. Affecter un modèle mathématique à un phénomène biologique par exemple, semblait relever d'une transgression des méthodologies d'observation, expérimentales et d'interprétation faisant consensus jusque-là. Affecter une équation mathématique à un fait biologique par exemple ou à un problème de santé générale relève d'une hérésie. Cet antagonisme apparent pourrait sous-entendre une compétition entre les approches c'est-à-dire une inversion de primauté et de hiérarchie. Ce n'est nullement le cas. On parlerait plutôt de complémentarité car une observation ou une description en biologie est matérialisée par des questions posées et le modèle mathématique riche de ses concepts contribue à proposer des solutions scientifiquement avérées.

Les modèles mathématiques orientés vers l'étude de la dynamique des populations remontent pratiquement au XVII<sup>ème</sup> et les premières applications du calcul différentiel en épidémiologie ont été attribuées à Bernoulli. Les travaux de P. D. Enko ont jeté les bases de ce que l'on pourrait appeler "l'épidémiologie mathématique" prolongée vers les maladies infectieuses (1873)

En termes d'étude de la dynamique orientée vers l'évolution d'une population, c'est incontestablement le modèle mathématique d'Alfred Lotka (1925) et de Vitoq Volterra (1926) qui retiennent l'attention avec le modèle "proies-prédateurs".

## VI- Un modèle dynamique de l'évolution d'une population

Le modèle le plus simple dans la description et la compréhension de l'évolution démographique d'une population d'une au sens de sa croissance ou de sa décroissance est de relier ces derniers à un paramètre quantifiant cette évolution. Ce paramètre sera défini comme proportionnel à la taille de la population relation à l'augmentation de cette taille en termes de régénérescence ou à sa diminution en termes d'extinction d'une espèce. Une autre hypothèse simplificatrice serait de supposer qu'une population évolue en système isolée c'est-à-dire sans influence externe mais se régénère en intra-muros. Mathématiquement, l'évolution  $y$  au cours du temps de la population en fonction  $t$  obéit à l'équation différentielle suivante

$$y'(t) = k y(t)$$

Le facteur  $k$  représente le taux d'évolution de l'espèce cité plus haut. Une Intégration élémentaire de cette EDO à variable séparable conduit à écrire

$$y(t) = C \exp(kt)$$

Cependant, ce modèle mathématique trop simpliste, ne s'applique qu'aux premières étapes de l'évolution d'une population. Un modèle plus réaliste est décrit par la fonction logistique obéissant à l'équation différentielle suivante

$$y'(t) = ky(t) \left(1 - \frac{y(t)}{\mu}\right)$$

Le nouveau paramètre  $\mu$  est appelé paramètre de capacité de transport. On résout l'équation logistique en la recopiant sous la forme

$$\frac{y'}{y \left(1 - \frac{y}{\mu}\right)} = k$$

Nous considérons la fraction  $\frac{1}{y \left(1 - \frac{y}{\mu}\right)}$  que nous décomposons comme suit

$$\frac{1}{y \left(1 - \frac{y}{\mu}\right)} = \frac{A}{y} + \frac{B}{1 - \frac{y}{\mu}}$$

Après réduction au même dénominateur, on procède par une identification de coefficients on obtient

$$\begin{cases} A = 1 \\ B = \frac{1}{\mu} \end{cases}$$

Ceci permet d'écrire

$$\frac{1}{y \left(1 - \frac{y}{\mu}\right)} = \frac{1}{y} + \frac{1}{\mu \left(1 - \frac{y}{\mu}\right)} = \frac{1}{y} + \frac{1}{\mu - y}$$

Nous pouvons maintenant intégrer l'équation différentielle logistique en écrivant

$$\int \left( \frac{1}{y} + \frac{1}{\mu - y} \right) dy = k dt \rightarrow \ln \left| \frac{y}{\mu - y} \right| = kt + c$$

Ceci permet aussi d'écrire

$$\frac{y}{\mu - y} = e^{kt+c} \rightarrow y(t) = \frac{\mu e^{kt}}{1 + e^{kt+c}} = \frac{\mu e^{kt}}{1 + e^{kt} e^c}$$

En tenant compte de la condition initiale  $y(0) = \alpha$ , il vient

$$\alpha = \frac{\mu}{1 + e^c} \rightarrow e^c = \frac{\mu}{\alpha} - 1$$

En reportant cette valeur de  $e^C$  dans l'expression donnant la fonction inconnue  $y(t)$  on obtient

$$y(t) = \frac{\mu e^{kt}}{\alpha e^{kt} + \mu - \alpha}$$

Le code Matlab ci-dessous résout à la fois l'équation différentielle conduisant à la loi exponentielle de  $y(t)$  et l'équation différentielle logistique ainsi que les représentations graphiques respectives de  $y(t)$ (figure II-2).

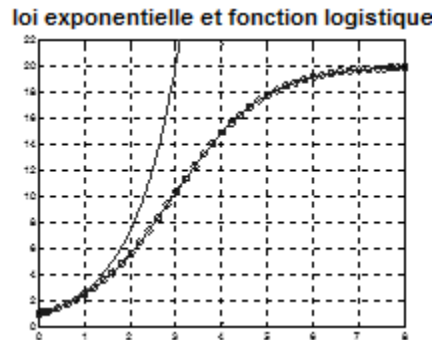


Figure II-2 Loi exponentielle et fonction logistique  
le modèle d'évolution d'une population

### VII- Modèle dynamique d'un système proie-prédateur

Le plus souvent, les éléments d'une population ne vivent pas isolément mais plusieurs espèces peuvent cohabiter, une espèce représentant une proie pour la seconde représentant le prédateur. Nous disposons alors de deux populations  $y_1$  et  $y_2$  en évolution simultanée. Le taux d'évolution de l'espèce  $y_1$  est une fonction linéaire de  $y_2$  et inversement, ce qui donne le système d'équations différentielles suivant

$$\begin{cases} y_1' = \left(1 - \frac{y_2}{\mu_2}\right) y_1 \\ y_2' = \left(1 - \frac{y_1}{\mu_1}\right) y_2 \end{cases}$$

L'intégration de la première équation donne

$$y_1(t) = C_1 \exp \left[ \left(1 - \frac{y_2}{\mu_2}\right) t \right]$$

L'intégration de la deuxième équation donne

$$y_2(t) = C_2 \exp \left[ \left(1 - \frac{y_1}{\mu_1}\right) t \right]$$

Les fonctions  $y_1(t)$  et  $y_2(t)$  représentent respectivement les populations de proies et de prédateurs. Exprimons le rapport des dérivées suivant

$$\frac{y_1'}{y_2'} = \frac{\left(1 - \frac{y_2}{\mu_2}\right) y_1}{\left(1 - \frac{y_1}{\mu_1}\right) y_2}$$

En appliquant la méthode de séparation des variables on obtient

$$\int_{y_0^1}^{y_1} \frac{d\alpha_1}{\left(1 - \frac{\alpha_2}{\mu_2}\right) \alpha_1} = \int_{y_2^0}^{y_2} \frac{d\alpha_2}{\left(1 - \frac{y_1}{\mu_1}\right) \alpha_2}$$

Le calcul des intégrales conduit à écrire

$$\mu_2 \log\left(\frac{\mu_2 - y_0^1}{\mu_2 - y_1}\right) = \mu_1 \log\left(\frac{\mu_1 - y_2^0}{\mu_1 - y_2}\right)$$

Ce qui revient aussi à écrire

$$\left(\frac{\mu_2 - y_0^1}{\mu_2 - y_1}\right)^{\frac{\mu_2}{\mu_1}} = \frac{\mu_1 - y_2^0}{\mu_1 - y_2}$$

Il est ainsi possible de suivre l'évolution des populations proie-prédateurs en fonctions de populations initiales de chaque espèce. Le code Matlab suivant fournit la représentation graphique de la population "proie" et celle de la population "prédateur" (figure II-3).

### Code Matlab

```
mu = [300 200]';
alpha = [400 100]';
signs = [1 -1]';
pred_prey_ode = @(t,y) signs.*(1-flipud(y./mu)).*y
```

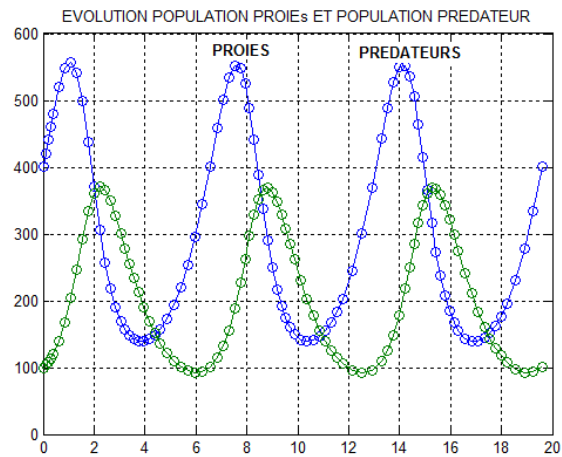


Figure II-3 lois d'évolution dans le modèle proie-prédateur

### VIII - Problématique de la modélisation mathématique d'une pandémie

Les modèles mathématiques dédiés à la biologie en général et à l'épidémiologie en particulier s'apparentent aux modèles phénoménologiques dits aussi modèles de patterns ou "mécanistes". Ces derniers caractérisent des phénomènes de types évolutifs comme ceux observés lors de la propagation d'une épidémie. La notion de modèle est en elle-même ambiguë car elle renvoie à des conceptions variées pouvant définir ces modèles. Néanmoins, ces derniers aspirent aux mêmes objectifs –fournir une explication scientifique rationnelle et raisonnée de faits observés. La modélisation mathématique d'une pandémie présente la particularité d'être à la fois de pattern et de type mécaniste. Le pattern est lié au caractère phénoménologique de la pandémie alors que l'aspect mécaniste vise à saisir les causes du phénomène de pandémie. Il est donc à retenir qu'on ne peut élaborer un modèle mathématique fiable d'une pandémie à l'instar de la Covid-19 sans avoir cerner les tenants et les aboutissants d'une contamination élargie des individus d'une population.

Le phénomène épidémiologique dans son approche la plus simple est celui d'abord d'une infection primaire au cours de laquelle le virus identifié provoque une rupture sanitaire au sein d'une population saine en colonisant au moins un hôte de cette dernière. Ceci est la phase d'infection. Le phénomène évolutif de la pandémie est induit par une dynamique de multiplication ou de reproduction du virus non seulement au sein de l'hôte infecté mais aussi portée vers une "exportation" de la descendance à coloniser d'autres hôtes: c'est la phase de contamination qui, limitée dans l'espace et dans le temps est une épidémie. Généralisée elle devient alors une pandémie.



### **IX- Modèles - courbe et plateau épidémiques**

Au cours de l'expansion d'une pandémie, il est régulièrement établi une courbe appelée "courbe épidémique" ou épi-courbe traduisant la progression de l'épidémie. Devant l'inquiétude sanitaire induite, cette épi-courbe est établie quotidiennement et rend compte de la population infectée donc malades par jour.

La courbe épidémique est établie dans le référentiel qui inclut en axe des abscisses les dates d'évaluation de la pandémie et en ordonnée le nombre d'individus infectés par le virus à une date précise. La courbe épidémique est régulièrement mise à jour en fonction des données disponibles. Plus qu'un graphe, la courbe épidémique recèle des informations pertinentes sur l'éclosion d'une pandémie. Encore faut-il en extraire ces informations, les analyser et surtout les interpréter.

Une courbe épidémique peut être perçue comme une juxtaposition de séries chronologiques d'infections quotidiennes et dont les paliers sont d'inégales longueurs. L'étude d'une courbe épidémique peut donc être effectuée par le biais de fenêtres d'analyse et de corrélations. .

Dans son ensemble, une courbe épidémie traduit la dynamique et la taille de la pandémie. A l'origine de cette dernière, cette courbe ne peut être que croissante auquel cas on peut parler de pandémie. Des questions récurrentes sur la pandémie sont régulièrement et légitimement posées: quand l'épidémie culminera-t-elle? La courbe épidémie fléchira-t-elle? Affichera-t-elle dans le temps un pic ou un plateau? Le paradoxe dans une situation pandémique est que l'on ne connaît pas avec précision la date du déclenchement de l'épidémie et prévoir avec précision l'extinction de cette dernière.

Il est souvent fait référence en statistiques épidémiologiques aux notions de pic et de plateau. Encore faut-il faire la différence entre ces deux notions. Lorsqu'une épidémie atteint son apogée, la croissance de la courbe épidémique est rapide et l'on pense que sa décroissance serait tout aussi rapide via un point appelé "pic". Dans le cas d'un plateau épidémique, la tendance à la décroissance est plus lente et l'on observe plutôt un aplatissement plus ou moins étalé avant que la courbe ne s'étale le long de l'axe des temps. Ceci augure de la fin de la pandémie, assez loin de sa phase virulente. L'aplatissement de la courbe épidémique peut être obtenu par confinement total ou partiel de la population ou par l'instauration de mesures barrières comme le port du masque et la distanciation sociale.

### **X- Simplicité et complexité d'un modèle épidémiologique**

Les modèles épidémiologiques ne sont pas immuables c'est-à-dire qu'ils peuvent être enrichis par l'introduction de nouveaux compartiments et un ajustement de ces derniers relativement à une conjoncture épidémiologique bien réelle. Cela conduit à une multitude de combinaisons des différents compartiments avec comme conséquence la complexification du modèle. Pourtant il s'agit d'analyser et commenter l'évolution d'une même épidémie. La figure II-4 expose un scénario potentiel des différentes phases pouvant régir une situation épidémiologique. Il s'agit de concevoir une subdivision du modèle global en sous-compartiments interconnectés et pouvant répondre à des situations réelles. Cependant cette "architecture" est incomplète car elle ne répond pas à toutes les situations possibles, par exemple elle ne tient pas compte du facteur démographique, de la période d'incubation, de la perte d'immunité ou encore de la phase de vaccination qui méritent toutes de figurer dans le modèle.

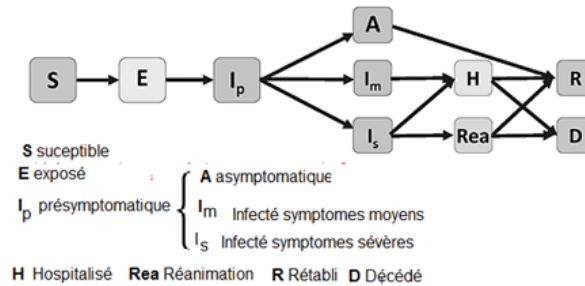


Figure II-4 Modèle épidémiologique incluant plusieurs compartiments

Au titre d'une autre complexification du modèle SEIR adapté à la Covid-19, nous décrivons ci-dessous le modèle proposé par Wladimir et al. (<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0237627> September 2020) basé sur une autre forme de compartimentation du modèle SEIR par un ajout de compartiments admissibles dans le cas de cette pandémie. Les flux régissant les "échanges" d'individus entre les différents compartiments quantifiés par des paramètres fixés *a priori*. Nous retrouvons dans ce modèle les compartiments de base en modélisation épidémiologique côtoyant d'autres compartiments spécifiques au modèle proposé par les auteurs.

Une population susceptible  $S$  soumise à des contacts avec des individus infectés verra son effectif réduit d'une fraction ou taux d'infectiosité  $\beta$  appelé aussi "force de l'infection". Cette fraction d'individus perd son statut de susceptible pour intégrer le compartiment des exposés (E) prédisposés à la contamination. Une fraction  $p$  de ces derniers devient à son tour franchement infectée par contact avec des infectieux avec un taux de contamination  $\sigma$  et intègre le compartiment des infectés (I). La fraction restante  $((1 - p)$  relativement saine formera la classe des individus asymptomatiques (A). Le sort des individus asymptomatiques peut être de deux formes:

- Une fraction  $w$  des individus asymptomatiques peut être déclaré hors infectieux dans un rapport  $\theta$  auquel cas il rejoint le compartiment des rétablis (R)
- La fraction restante  $(1 - w)$  aura été contaminée pour rejoindre le compartiment des symptomatiques (I)

Parmi les dispositions sanitaires en présence d'une épidémie, se pose la gestion des individus infectés c'est-à-dire ceux peuplant le compartiment I. Parmi les mesures susceptibles d'être prises, la mise en quarantaine avec un taux  $\gamma$  des infectés et créer ainsi un compartiment "quarantaine" (Q). Une fraction  $q$  des individus mis en quarantaine peut être orientée vers une structure hospitalière avec un taux  $\xi$  d'où le compartiment (H). La fraction restante des individus c'est-à-dire  $(1 - q)\xi$  rejoindra le compartiment R des rétablis qui, rappelons le, comprend aussi les décédés. Les pensionnaires du compartiment H peuvent à leur tour rejoindre le compartiment R avec un taux  $\eta$ .

Le modèle décrit ci-dessus intègre une opération de confinement en créant un compartiment (C) mitoyen du compartiment(S). Le confinement consiste à retirer un sous- ensemble d'individus du compartiment (S) au taux  $\psi$  et à les isoler temporairement de la dynamique épidémique. Le déconfinement ou confinement inverse n'est autre que l'extraction au rythme  $\varphi$  d'individus du compartiment ( C ) et leur redonner le statut de susceptibles en les réintégrant dans le compartiment (S) ( figure II-5)

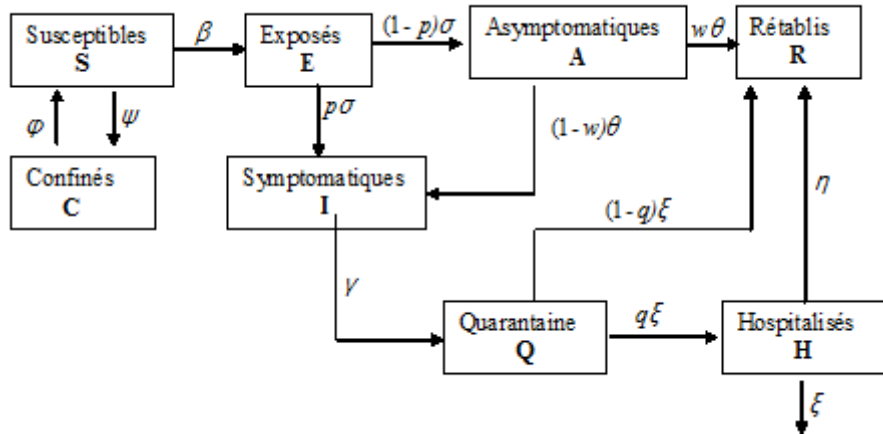


Figure II-5 Modèle Susceptibles-Infectés-Guérés (removed) complexe

Cette complexification par l'introduction est mise en exergue dans les équations d'un grand nombre de paramètres comme les interactions entre individus, ou les probabilités de contamination. Ces paramètres peuvent être difficiles à fixer ou à estimer. Les auteurs du modèle ont préconisé le modèle mathématique suivant

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = -\beta S - \psi S + \varphi C \\ \frac{dC}{dt} = \psi S - \varphi C \\ \frac{dE}{dt} = \beta S - \sigma E \\ \frac{dA}{dt} = (1-p)\sigma - \theta A \\ \frac{dI}{dt} = p\sigma E - \gamma I + (1-\omega)\theta A \\ \frac{dQ}{dt} = \gamma I - \zeta Q \\ \frac{dH}{dt} = q\xi Q - \eta H \\ \frac{dR}{dt} = \omega\theta A + (1-q)\xi Q + \eta H \end{array} \right.$$

Cette complexification par l'introduction est mise en exergue dans les équations d'un grand nombre de paramètres comme les interactions entre individus, ou les probabilités de contamination. Ces paramètres peuvent être difficiles à fixer ou à estimer. Comment peut-on par exemple quantifier dans une équation le port du masque ou la distanciation sociale? Les modèles épidémiologiques sont donc à multiple sources d'incertitudes. Comment peut-on par exemple quantifier dans une équation le port du masque ou la distanciation sociale? Les modèles épidémiologiques sont donc à multiple sources d'incertitudes.

## CHAPITRE III

### ETYMOLOGIE ET TERMINOLOGIE EN EPIDEMIOLOGIE

#### SCENARIO DE PROPAGATION D'UNE EPIDEMIE

##### A- ETYMOLOGIE ET TERMINOLOGIE

###### I- Séquençage grec du mot "épidémiologie"

La référence étymologique de la désignation de certaines spécialités de biologie entre autres est une aide dans l'orientation à saisir même superficiellement les objectifs de ces dernières.

Le mot "épidémiologie" a pour racine le séquençage grec suivant

- *Epi* : "au-dessus" ou bien "parmi"
- *Demos*: "peuple" ou bien "district"
- *Logos* : "mot" ou bien "discours"

Cette décomposition étymologique du mot "épidémiologie" suggère que cette discipline ne s'intéresse qu'aux populations humaines.

###### II- Epidémiologie

###### II-1 Objectifs

L'épidémiologie a pour objet les études de santé, des maladies et des facteurs associés au sein d'une population. Le terme "épidémiologie" semble être apparu en 1802 dans les travaux du physicien espagnol Villalba. Au cours du 20<sup>ème</sup> siècle, les travaux épidémiologiques sont surtout consacrés aux maladies infectieuses par leur propension dans le monde. L'épidémiologie a aussi pour objectifs l'étude des fréquences des maladies et la dynamique des états de santé dans une population humaine telle que la propagation d'agents pathogènes à travers des déterminants tels que l'exposition et les facteurs de risque. Il est à noter que les études épidémiologiques s'intéressent plus aux groupes d'individus qu'à l'individu lui même

Les méthodes d'études épidémiologiques se répartissent en deux classes

- une approche descriptive
- une approche descriptive visant à vérifier ou valider des hypothèses inhérentes à l'occurrence d'une épidémie et éventuellement proposer des solutions dans la gestion sanitaire de cette dernière.

## II-2 - Vocabulaire en épidémiologie

### II-2-1 Endémie – épidémie – pandémie

- **Endémie**

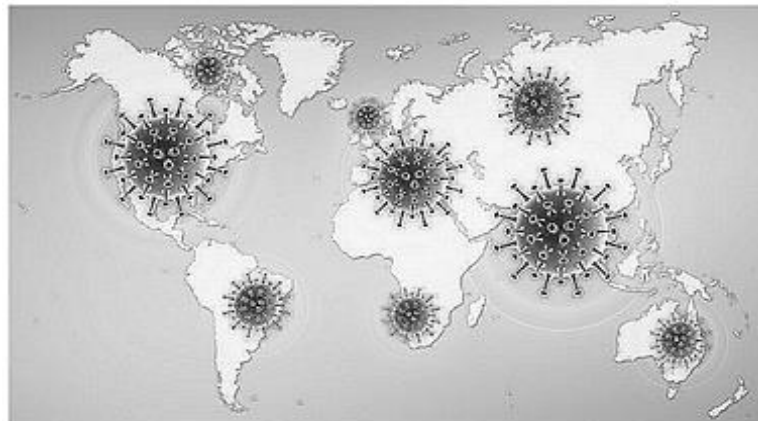
Une endémie est une maladie infectieuse et contagieuse qui affecte de manière durable une région donnée. Elle y sévit en permanence ou de façon latente.

- **Epidémie**

Une épidémie est définie comme une augmentation de la fréquence d'apparition d'une maladie dans une population au-dessus de son niveau de référence, ou du niveau attendu, dans une période donnée. <sup>2</sup> Le terme est utilisé au sens large et le nombre de cas et la période sont souvent non spécifiés.

- **Pandémie**

Une pandémie est une épidémie de très grande envergure qui se développe sur un vaste territoire en dépassant les frontières d'un état.



La Covid-19 : une Pandémie planétaire

### II-2-2 Maladie infectieuse – individu infecté – infectieux – Patient Zéro

- **Maladie infectieuse :**

Maladie provoquée par la transmission d'un agent pathogène virus, bactérie, parasite, mycose, prion, etc.

- **Individus infectés et infectieux**

Si l'agent pathogène s'établit dans un individu exposé (individu hôte), ce dernier devient infecté. Les individus infectés ne sont pas nécessairement infectieux pendant la période de leur infection.

- **Patient zéro**

Il désigne le premier cas reconnu d'une pathologie infectieuse qui est à l'origine de tous les autres cas recensés

## **II-3 Individus exposés – individus latents période de latence**

### **II-3-1 Individus exposés**

Quand un individu sain mais vulnérable à contracter une maladie, il fait figure de chaînon potentiel dans le duo maladie-transmission. Cet individu a alors le statut d'individu vulnérable. Cet individu n'est pas typiquement infectieux. Cependant, dans les modèles mathématiques étudiés au cours du présent travail, les individus exposés seront supposés infectieux

### **II-3-2 Individus Latents et Période de Latence**

Les individus latents sont des individus infectés mais pas encore infectieux. La période de latence est définie comme le temps entre l'infection et le moment où l'hôte est capable de transmettre l'agent infectieux à un autre individu. *La période de latence est représentée par l*  
La période entre l'exposition et le début de la période de transmissibilité, qui peut être plus courte ou plus longue que la période d'incubation.

### **II-3-3 Individus Asymptomatiques – pré-symptomatiques**

Asymptomatique signifie "qui ne montre aucun signe de la maladie. Une personne asymptomatique (porteur sain) est une personne qui est porteuse d'une maladie mais sans en développer les symptômes (signes). L'apparition des symptômes est donc différée dans le temps sans toutefois certifier qu'une personne asymptomatique est exempte de la maladie.

## **III- Morbidité et indicateurs de morbidité**

### **III-1 La morbidité**

Elle regroupe l'ensemble des pathologies ou des symptômes observés au sein d'une population à risque ou à l'échelle d'un individu. L'évaluation de la morbidité repose sur le principe de fréquence issu d'analyses statistiques

### **III-2 Les indicateurs de morbidité**

#### **III-2-1 Incidence et taux d'incidence**

Pour une pathologie donnée, l'incidence exprime le nombre de nouveaux cas enregistrés (cas incidents) au nombre de personnes d'une population qui pendant une période donnée, est susceptible de contracter la maladie. L'incidence cumulée est calculée à partir du rapport suivant

$$\frac{\text{nombre de nouveaux cas pendant une période de temps}}{\text{population totale susceptible de contracter la maladie}}$$

Le taux d'incidence est exprimé généralement en nombre de cas pour 100, 1000 ou 100 000 individus. Il indique le risque moyen de contracter une maladie donnée par un individu de la population.

Exemple: Dans une population comprenant 700 individus, on enregistre 75 personnes ayant contracté une pathologie donnée. Le taux d'incidence est alors

$$\text{taux d'incidence} = \frac{75}{700} = 0.1071 \rightarrow 10.71 \text{ cas pour } 100 \text{ individus}$$

Le taux d'incidence d'une pathologie est l'un des critères les plus importants pour évaluer la fréquence et la vitesse d'apparition de cette pathologie (figure III-1).

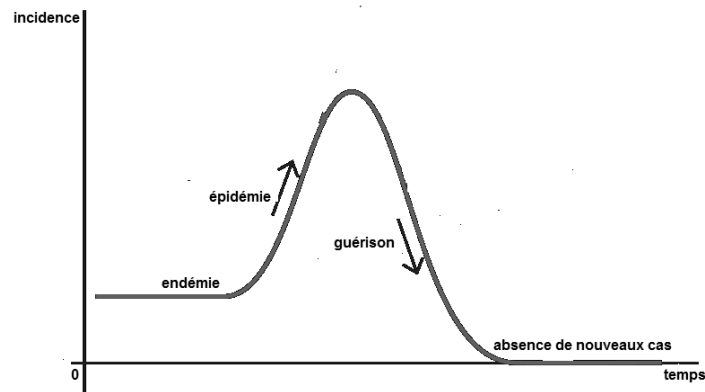


Figure III-1 Un type de courbe d'incidence

### III-2-2 Prévalence

La prévalence est un des paramètres de mesure de la fréquence d'une maladie. Les études de prévalence de mesurer l'évolution de la maladie (cas récents et cas anciens) par rapport à l'effectif total de la population susceptible par rapport à la même période  $T$

$$\text{prévalence} = \frac{\text{nombre de cas d'une maladie dans une population à l'instant } T}{\text{effectif total de la population à l'instant } T}$$

### III-2-3 Taux d'attaque (TA)

Le taux d'attaque ( $TA$ ) représente l'incidence cumulée des cas d'une épidémie dans le temps depuis le début de la survenue de cette épidémie. Il est donc essentiel de connaître l'effectif de la population vivant dans la zone affectée par la maladie. Le taux d'attaque ( $TA$ ) est calculé à partir de l'expression suivante

$$TA(\%) = \frac{\text{nombre de cas pendant une période}}{\text{population exposée pendant la } m^{\text{me}} \text{ période}} \times 100$$

Le taux d'attaque augmente rapidement en début d'épidémie, se stabilise en plateau mais ne diminue pas.



### III-2-4 Taux de létalité ( $TL$ )

Le taux de létalité est représenté par le rapport du nombre de décès dû à l'épidémie à une période donnée et le nombre de nouveaux cas déclarés pendant la même période.

$$TL = \frac{\text{Nombre de décès à la période } T}{\text{nombre de nouveaux cas à la même période}} \times 100$$

- Exemple

Une épidémie E s'est déclarée dans une ville abritant 300 000 habitants. Depuis le début de l'épidémie, 455 cas ont été recensés au total, parmi lesquels 150 nouveaux cas comptabilisés il y a une semaine. Parmi les 150 nouveaux cas, 6 sont morts au cours de la même semaine.

- Taux d'attaque

$$TA = \frac{455}{300\,000} \times 100 = 0.15\%$$

- Taux de létalité ( $TL$ )

$$TL = \frac{6}{150} \times 100 = 4\%$$

A la fin de l'épidémie, on a recensé un total de 3313 cas dus à l'épidémie et 25 décès ont été enregistrés. Par rapport à la population initiale de la ville (300 000 habitants.), on calcule les indicateurs cumulés suivants

$$TA_{cumulé} = \frac{3313}{300\,000} \times 100 = 1.1\%$$

$$TL_{cumulé} = \frac{25}{3313} \times 100 = 0.75\%$$

## IV- Paramètres dynamiques caractéristiques d'une épidémie

### IV-1 Période d'incubation

La période d'incubation est la période entre l'exposition à un agent infectieux et l'apparition des symptômes de la maladie. Dans les maladies infectieuses, la période d'incubation est le temps nécessaire pour que l'agent infectieux se multiplie.

#### **IV-2 Transmissibilité**

La période de transmissibilité est la période pendant laquelle un agent infectieux peut être transféré directement ou indirectement d'une personne infectée à une autre personne. La période de transmissibilité est aussi appelée "période infectieuse". Dans la dynamique de propagation d'une épidémie, on définit le coefficient de transmission de l'infection à un individu susceptible de contracter la maladie comme suit

*coefficient de  $b$  = taux de contact inter – individus  $\times$  probabilité de transmission*

#### **IV-3 Force d'une infection**

Le paramètre d'estimation du taux d'infection décrivant la susceptibilité des personnes saines à contracter la maladie, est appelé en épidémiologie la force. C'est l'un des paramètres fondamentaux des modèles épidémiologiques qui seront développés dans cette étude.. La force d'infection traduit l'importance du processus de contamination en cours en exprimant la probabilité qu'un individu susceptible contracte la maladie. La force d'infection est le moteur de la contamination, faisant passer un individu d'un état de susceptibilité à un état d'infecté ou d'infectieux.

#### **IV-4 Veille épidémiologique**

Désignée aussi sous le nom de "surveillance épidémiologique", la veille épidémiologique a pour objectif de détecter les variations dans la distribution spatio-temporelle des facteurs épidémiologiques ou de la tendance que pourraient prendre ces derniers. Il existe un certain nombre de concepts en épidémiologie lesquels relèvent strictement du domaine des maladies infectieuses. Ces concepts jouent un rôle majeur dans la construction des modèles mathématiques puisqu'ils prédéterminent la nature même du modèle et son traitement.

La veille épidémiologique est souvent associée à la veille sanitaire qui elle-même relève d'un système d'alerte aux épidémies. On distingue une phase de pré-alerte initiée par l'apparition d'une situation sanitaire "anormal" pouvant basculer vers une situation épidémique. Néanmoins, il y a lieu de disposer d'informations épidémiologiques et virologiques fiables et surtout de les corréler avant de décréter une situation de crise sanitaire de type épidémique.

#### **IV- 5 Courbe épidémique**

Une courbe épidémique est définie comme une augmentation de la fréquence d'apparition d'une maladie dans une population au-dessus de son niveau de référence, ou du niveau attendu, dans une période donnée.

#### **IV-6 Seuil épidémique**

Il s'agit d'un seuil théorique présent dans les modèles mathématiques au-dessus duquel il existe ou pourrait exister une épidémie. Ce terme désigne une maladie qui s'installe de façon durable au sein d'une population

## B- SCENARIO ET DYNAMIQUE DE PROPAGATION D'UNE EPIDEMIE

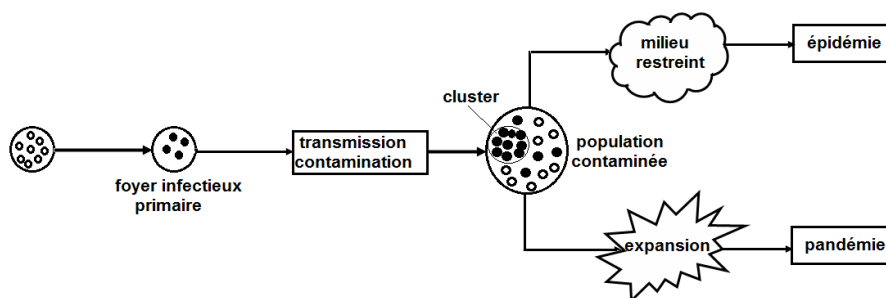
### I- Scénario de propagation d'une épidémie

Il est primordial de situer la différence entre les fléaux d'épidémie et de pandémie car elle conditionne leur approche sanitaire de gestion et de traitement.

Le terme "épidémie" trouve sa racine dans les mots grecs "epi" se rattachant à un évènement brutal et "demos" pour "population". Une épidémie est définie comme un évènement brutal comme l'émergence quasi-spontanée d'une maladie infectieuse, ayant un effet sur une proportion importante de la population ramenée à un espace géographique limité et un laps de temps relativement court, à l'échelle d'une famille, d'une agglomération ou simplement d'un groupe d'individus.

Le concept d'épidémie à varier au cours du temps et englobe actuellement même certains phénomènes qui ne sont pas nécessairement de nature infectieuse comme des phénomènes de société. Il y a lieu d'outrepasser le critère de délimitation spatiale d'une épidémie pour son extrapolation à une plus grande échelle de manifestation. On désigne ce phénomène apparenté à une extrapolation sous le nom de pandémie abritant le radical "pan" signifiant la totalité ou à grande échelle, à l'échelle de la planète dans le cas extrême (figure III-2).

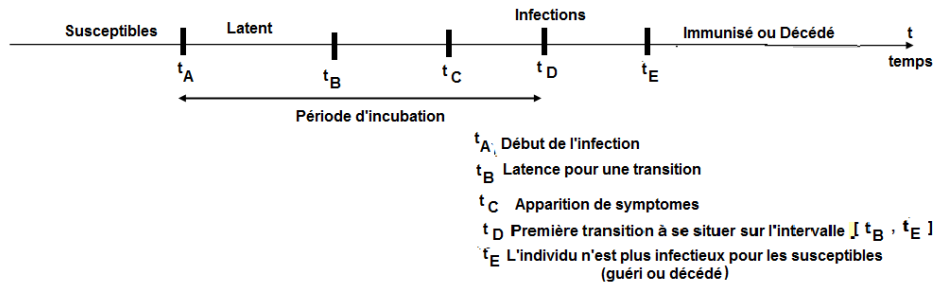
Un autre regard est cependant porté sur les définitions avec l'introduction aujourd'hui, outre les aspects qualitatifs (observables) d'une épidémie ou d'une pandémie, des concepts quantitatifs sous-tendus par des définitions et des modèles mathématiques. Rapidement une théorie mathématique de l'épidémiologie a vu le jour au XX<sup>ème</sup> siècle permettant ainsi une approche plus raffinée du phénomène épidémiologique ou pandémie. Forcée à base de modèles et d'équations, l'approche mathématique offre l'avantage d'intégrer certains concepts en vogue dans l'analyse fonctionnelle dans la compréhension du mode de propagation d'une épidémie. Ne parle-t-on pas du pic d'une épidémie ou de seuil comme on parlerait du maximum ou de support d'une fonction. Nous pouvons citer d'autres analogies qui feront l'essence du présent travail.



Figur III-2 Scénario de propagation d'une pandémie

## II- La dynamique d'une pandémie

La mortalité due à la maladie est le nombre de personnes qui sont décédées de la maladie en une unité de temps (par exemple, un an) divisé par l'ensemble de la population;



Chronologiquement, la dynamique d'une épidémie est décomposée en périodes ou phases d'exposition à la maladie, d'infection (de contamination), de rémission ou de guérison établies sur la double échelle de temps et de l'état des individus sujets à l'épidémie (figure III-3)

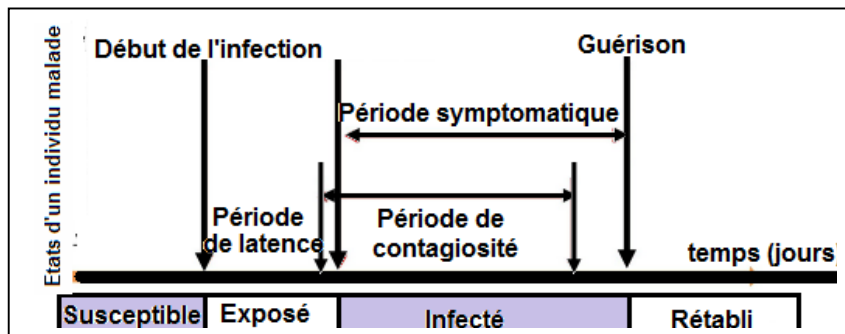


Figure III-3 Chronologie d'un développement d'épidémie

## CHAPITRE IV

### LE MODELE MATHEMATIQUE PRIMORDIAL D'UNE EPIDEMIE

#### - LE MODELE SIR -

#### I- Dynamique de la propagation d'une épidémie

Il a été fait allusion plus haut que la propagation d'un agent infectieux au sein d'une population s'apparente à un phénomène dynamique sous-entendant un ensemble d'outils principalement mathématiques dans l'approche théorique et d'analyse de ce dernier. Sur le plan épidémiologique, deux grandes classes d'individus se côtoient au cours d'une épidémie: la classe des individus sains non hôtes de l'agent infectieux (du moins temporairement) et la classes des malades ou infectés. Les effectifs de ces deux classes évoluent dans le temps induits par la présence et la fréquence des contacts entre ces deux catégories d'individus. Pour rester dans l'esprit de la dynamique des systèmes physiques, un tel phénomène épidémiologique peut être approché par un modèle mathématique à base d'équations différentielles dont la solution rendra compte de l'évolution de l'épidémie et participer dans une certaine mesure à la gestion de la crise sanitaire. L'effectif des populations auxquelles il est fait allusion ci-dessus étant variable au cours d'une épidémie sera représenté par une fonction de la variable  $t$  et cela pour chaque classe d'individus acteurs de la pandémie

#### II- Premiers modèles SIR

Les premiers modèles proposés relativement simples ont été proposés par Kermack et t McKendrick . Cependant leur efficience a été vérifiée dans le cas de plusieurs épidémies dont l'évolution est très proche de celle initiée par ces modèles. Le principe de base est relativement simple : décomposer un phénomène épidémiologique global affectant une population en classes épidémiologiques ou compartiments en interconnexion les uns avec les autres. Le nombre de compartiments à considérer dépend des classes d'individus qui subissent les effets épidémiologiques (figure IV-1)

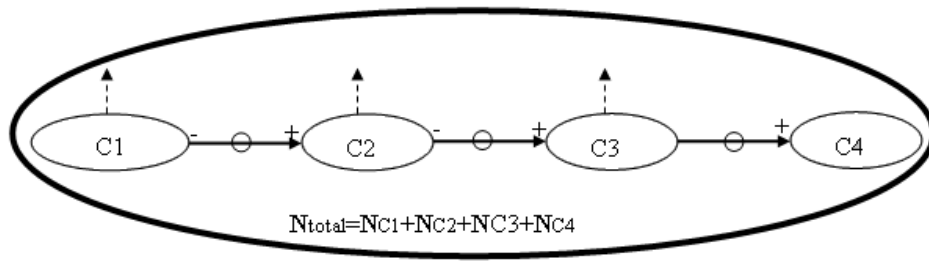


Figure IV-1 Structuration en compartiments épidémiologiques

Au-delà de l'interconnexion entre les différents compartiments, ces derniers peuvent être aussi sous l'influence du milieu extérieur (apport démographique, décès...). Toujours est-il que l'une des hypothèses du modèle compartimental (adjectif admis en épidémiologie) est la stabilité de l'effectif total de la population

$$N_{population} = N_{C1} + N_{C2} + N_{C3} + N_{C4}$$

Ce modèle est utilisé pour décrire l'évolution temporelle d'une maladie au sein d'une population. Le modèle de Kermack et McKendrick est basé sur des hypothèses simples de flux d'individus d'un compartiment à un autre relativement à des lois ou règles épidémiologiques indiquées. Théoriquement, le nombre de compartiments n'est fixé *a priori* mais il dépend de la nature de l'étude à effectuer. La présente étude reposera sur trois puis quatre compartiments. Les mécanismes de la transmission des infections sont maintenant assez connus: d'abord, ils répondent à une dynamique au sens physique du terme, de la propagation et au mode de contamination. Généralement, les épidémies sont transmises via des agents infectieux. Une épidémie, qui agit sur une échelle temporelle très courte, est définie comme une manifestation soudaine d'une maladie qui affecte une partie substantielle d'une population relativement à une région donnée suivie de son extinction progressive. Le modèle de base le plus cité dans la littérature et aussi le plus étudié est le modèle **SIR**, faisant référence à la distribution de la population selon trois compartiments, Susceptibles, Infectés, Remis ou **Recovered** (immunisés ou décédés). Le modèle SIR peut s'étendre du modèle le plus élémentaire intégrant un nombre minimal de paramètres et un scénario de propagation assez simple jusqu'aux schémas les plus élaborés. Aux compartiments S, I, R peuvent être incorporés d'autres classes qui doivent rentrer dans la logique de la propagation de l'épidémie. Les composantes S,I,R deviennent alors des variables dépendant du temps

$$\begin{cases} S \rightarrow S(t) \\ I \rightarrow I(t) \\ R \rightarrow R(t) \end{cases}$$

- Les individus sains ou susceptibles regroupés dans le compartiment  $S$  sont susceptibles d'être infectés et ne possèdent pas d'immunité contre l'agent infectieux
- Les individus infectés regroupés dans le compartiment  $I$  transmettent la maladie au contact des susceptibles
- Les individus malades puis immunisés (ou décédés) sont regroupés dans le compartiment  $R$  ("Remis" ou "Recovered" en anglais). Ils sont supposés avoir acquis une immunité permanente (figure IV-2).

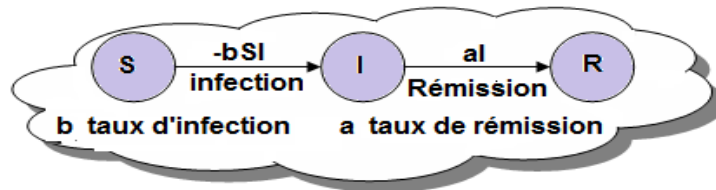


Figure IV-2 Schéma de principe du modèle SIR

### III- Approche heuristique du modèle SIR simplifié

#### III-1 Construction du modèle

L'objectif principal est d'élaborer le système d'équations différentielles modélisant l'évolution épidémiologique relativement à la figure ci-dessus en intégrant les paramètres épidémiologiques  $b$  et  $a$ .

Les fonctions de "Susceptibilité", "d'infection" et de "guérison ou décès" dépendent de la variable temps  $t$  (en jours) et seront notées respectivement  $S(t)$ ,  $I(t)$  et  $R(t)$ . On not  $\Delta t$  l'incrément en temps (toujours en jours).

Les paramètres épidémiologiques sont au nombre de deux:

- La probabilité qu'un individu susceptible soit infecté, notée  $b$  (taux d'infection)
- La probabilité qu'un individu qu'un individu infecté guérisse (remis) ou décède notée  $a$

On effectue l'incrémentation en temps (en jours) selon le schéma classique

$$\begin{aligned}
 t &\rightarrow t + \Delta t \\
 S(t) &\rightarrow S(t + \Delta t) \\
 I(t) &\rightarrow I(t + \Delta t) \\
 R(t) &\rightarrow R(t + \Delta t)
 \end{aligned}$$

Il y a lieu de relier les paramètres épidémiologiques au temps. Ici nous optons pour la variation linéaire de ces paramètres (cas le plus simple) . Le modèle suivant est alors retenu

$b \rightarrow b \cdot \Delta t$  probabilité d'infection d'un susceptible au temps  $\Delta t$

$a \rightarrow a \Delta t$  probabilité qu'un individu guérisse ou décède

### III-2 Déroulement du processus épidémiologique- mise en équation

$$\begin{cases} S(t + \Delta t) = S(t) - (b\Delta t)S(t)I(t) \\ I(t + \Delta t) = I(t) + (b\Delta t)S(t)I(t) - (a\Delta t)I(t) \\ R(t + \Delta t) = R(t) + (a\Delta t)I(t) \end{cases}$$

Il revient aussi à écrire

$$\begin{cases} \frac{S(t + \Delta t) - S(t)}{\Delta t} = -b \cdot S(t)I(t) \\ \frac{I(t + \Delta t) - I(t)}{\Delta t} = b \cdot S(t)I(t) - a \cdot I(t) \\ \frac{R(t + \Delta t) - R(t)}{\Delta t} = aI \Delta. (t) \end{cases}$$

En réduisant l'incrément en temps  $\Delta t$ , en fait calculant la  $\lim_{\Delta t \rightarrow 0}$  des trois expressions ci-dessus, on obtient le système d'équations différentielles décrivant le modèle SIR en propagation d'épidémie

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -bS(t)I(t) \\ \frac{dI}{dt} = bS(t)I(t) - aI(t) \\ \frac{dR}{dt} = aI(t) \end{cases}$$

Souvent, il est introduit le nombre  $N$  de l'effectif total de la population mise en jeu dans le modèle SIR. Dans ce cas, le système d'équations précédent devient

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -bNS(t)I(t) \rightarrow \frac{1}{N} \frac{dS}{dt} = -bSI \\ \frac{dI}{dt} = bNS(t)I(t) - aNI(t) \rightarrow \frac{1}{N} \frac{dI}{dt} = bSI - aI \\ \frac{dR}{dt} = aNI(t) \rightarrow \frac{1}{N} \frac{dR}{dt} = aI \end{cases}$$



Il est donc possible d'admettre le premier système d'équations différentielles comme représentant du modèle mathématique sauf dans le cas où l'on voudrait inclure l'effectif de la population dans les calculs. Il y a lieu de noter aussi que si le nombre  $N$  est très grand, on procède à une normalisation de la taille de l'effectif en divisant ce dernier par l'effectif global ce qui aboutit à un effectif fractionnaire sous la forme d'un nombre décimal.

### III-3 Hypothèse de conservation de l'effectif global au cours d'une épidémie

En effectuant la somme membre des trois équations différentielles du modèle, on obtient

$$\frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dR}{dt} = \frac{d}{dt}(S + I + R) = 0$$

La somme  $(S + I + R)$  est donc une constante qui ne dépend pas de la variable  $t$ . Elle représente précisément la taille de la population tout compartiment confondu  $S + I + R = N$

### IV- Hypothèses de validité du modèle SIR

Il est à rappeler que le modèle SIR est une version simplifiée parmi les modèles épidémiologiques. Néanmoins ce modèle continue à faire l'objet de nombreuses études le principalement dans le domaine mathématique. Cette simplicité trouve son origine dans les hypothèses posées *a priori* sur le modèle et dont nous énumérons les plus importantes.

- la taille de la population reste constante tous compartiments confondus et durant la période où sévit l'épidémie donc pas de mise à jour de l'effectif de la population
- les variations démographiques (natalité et mort naturelle) ne sont pas incluses dans le modèle SIR de base. Des modèles plus complexes sont cependant élaborés.
- Les individus remis (guéris ou décédés) acquièrent une immunité permanente et ne peuvent plus être infectés. Ces hypothèses peuvent paraître restrictives mais dans une certaine limite elles sont satisfaites.

### V- Propriétés des fonctions $S(t)$ et $I(t)$

Nous avons la propriété suivante

$$\begin{cases} S(t) \geq 0 \\ I(t) \geq 0 \end{cases} \quad \forall t \geq 0$$

Preuve

Supposons que pour  $t' \geq 0$ , on  $S(t') < 0$ . Dans l'intervalle  $[0, t']$ , nous considérons  $t_1$  tel que  $S(t_1) < 0$ . Sachant que  $S(0) \geq 0$  que les fonctions  $S(t)$  et  $I(t)$  sont continues et dérivables avec en particulier

$S(0)S(t') < 0$  . Les conditions du théorème de la valeur intermédiaire sont réunies. Par application de ce théorème, on écrit donc

$$\exists \tau \in [0, t'] \quad \text{tel que } S(\tau) = 0$$

$$\frac{dS}{dt} = -bIS \rightarrow \frac{dS}{S} = -bI dt$$

L'intégration de cette équation différentielle à variables séparables conduit à écrire

$$S(t) = S(\tau_1) \exp\left(b \int_{\tau}^t I(x) dx\right) \quad \text{avec } t > \tau$$

Comme  $S(\tau) = 0$  alors  $\forall t, S(t) = 0$  ce qui n'est pas compatible avec le modèle; donc quelque soit la variable  $t, S(t) > 0$ .

### VI- Méthodologie de simulation d'un modèle SIR

Le modèle est caractérisé par sa simplicité son usage n'est pas prédictif. Aussi est-il orienté vers l'aspect graphique des solutions  $S(t), I(t)$  et  $R(t)$  relativement à un même repère. La modélisation nécessite de fixer les paramètres "taux d'infection "  $b$ " et "du taux de rémission  $a$ ". Il est aussi nécessaire de fixer les conditions initiales à  $t = 0$  (début de l'épidémie) sur les trois fonctions à savoir  $S(0), I(0)$  et  $R(0) = 0$  . La procédure algorithmique est donnée par la figure IV-3.

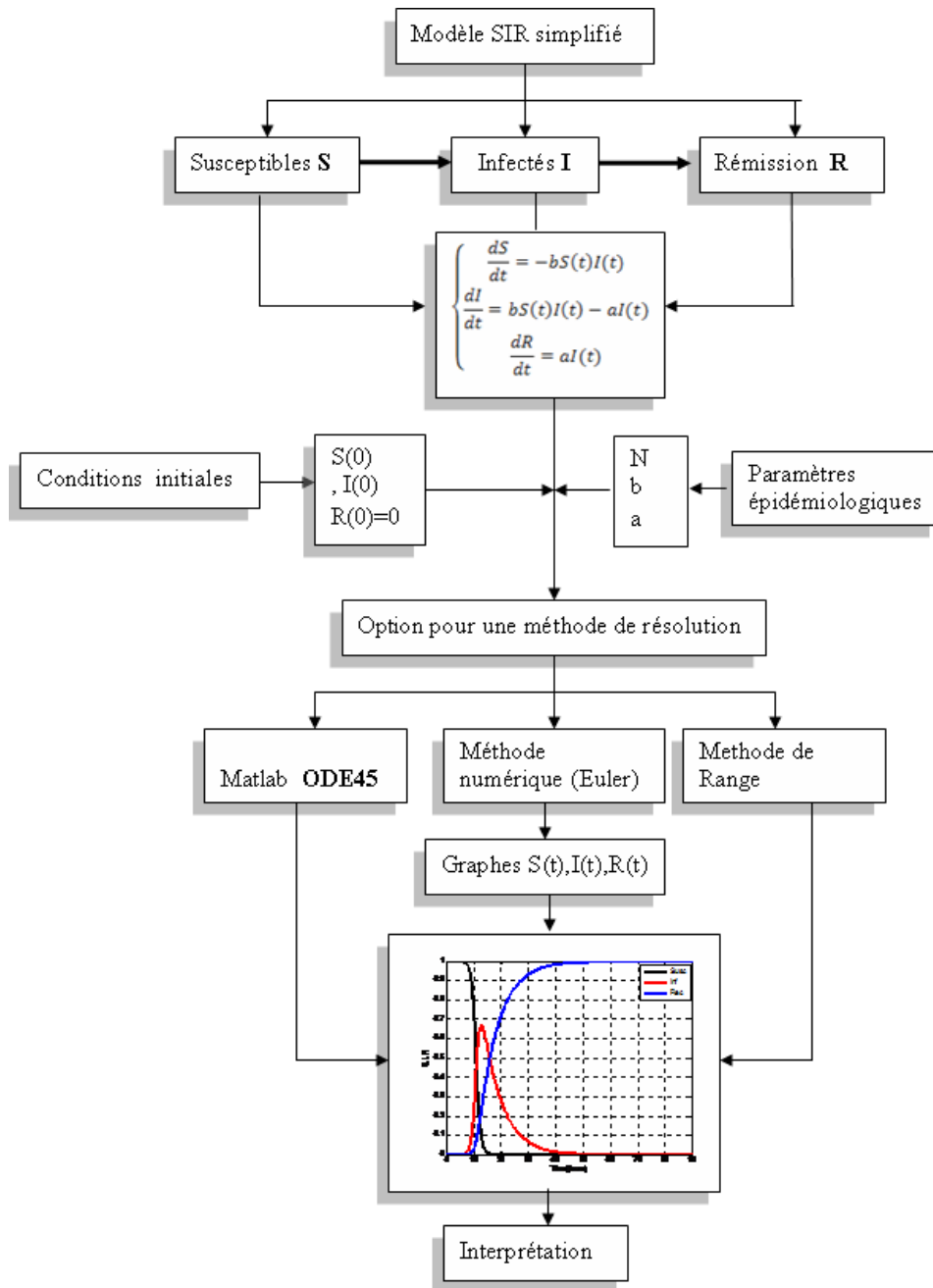


Figure IV-3 Organigramme de résolution du modèle mathématique SIR

## VII- Simulation du modèle SIR et interprétation des courbes

### VII-1 Deux cas de simulation du modèle SIR

Les figures suivantes illustrent le comportement des courbes  $S(t)$ ,  $I(t)$  et  $R(t)$ . Les paramètres épidémiologiques sont fixés aléatoirement, l'objectif étant de rendre compte des variations de ces courbes pour différentes valeurs des paramètres (figure IV-4).

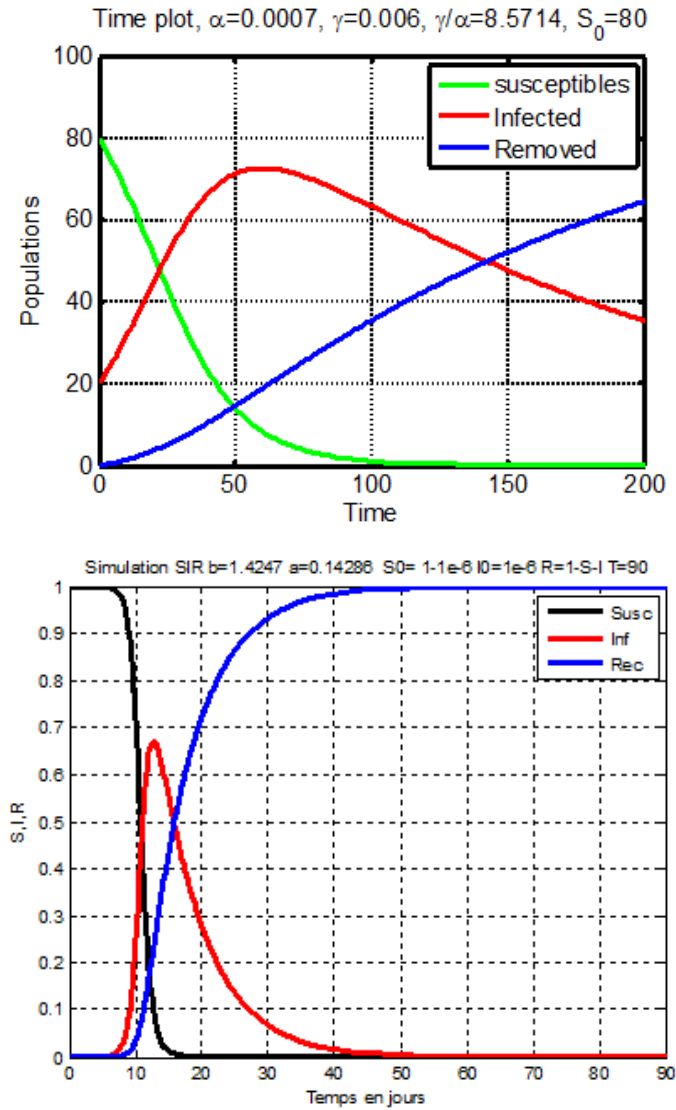


Figure IV-4 Deux modèles SIR simulés pour deux classes de paramètres épidémiologiques

## VII-2 Interprétation des courbes SIR

La figure V-4 ci-dessus exhibe trois courbes d'allures différentes tracées par rapport à une même échelle des abscisses, la durée en temps de l'épidémie (ici 90 jours). L'axe des ordonnées représente l'évolution de l'effectif de chaque compartiment au cours de la durée d'observation de l'épidémie. L'axe des ordonnées correspond à l'effectif contenu dans chaque compartiment. Cet effectif ne peut être constant à cause du principe même du phénomène épidémiologique. Ce pendant les variations ne sont pas uniformes, chaque effectif évolue au rythme de l'épidémie. Trois courbes de couleurs différentes se côtoient

- La courbe (couleur noire) décrit l'évolution décroissante de la population susceptible synonyme de diminution de son effectif par suite de contamination

- La courbe (couleur rouge) représente l'évolution dans le temps de la population d'individus infectés donc appartenant au compartiment I. Cependant cette courbe présente trois aspects nettement distincts: une phase ascendante correspondant à l'étape de la virulence de l'épidémie accompagnée de ce qui est communément appelé "le pic" de l'épidémie. L'emplacement et l'amplitude de ce pic sont des indicateurs relativement au temps épidémique de la force de l'épidémie. La phase de décroissance est liée à l'extinction progressive de l'épidémie. La courbe de contamination ne présente pas de symétrie donc la phase d'extinction de l'épidémie peut s'étaler dans le temps contrairement aux premiers instants de l'épidémie. L'extinction brusque étant exclue, la tendance à l'aplatissement de la courbe est un indice plus réaliste du ralentissement de l'épidémie impliquant une diminution du nombre d'individus infectés mais avec cependant une plus longue période avant l'extinction finale de l'épidémie. C et aplatissement de la courbe d'infection est fortement lié au protocole sanitaire instauré entre le confinement et le respect des gestes barrières (figure IV-5).

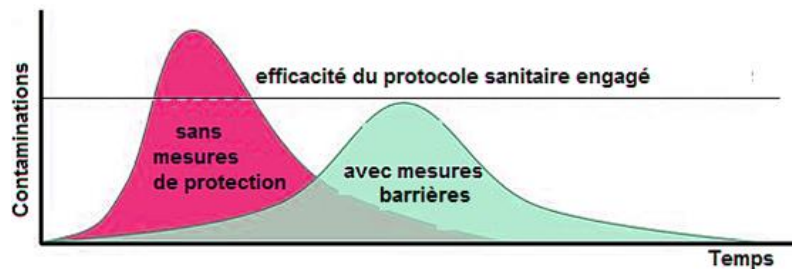


Figure IV-5 Variations des cas d'infection avant et après des mesures barrières

- La courbe de rémission (couleur bleue) est une fonction monotonement croissante du temps indiquant que la tendance des individus infectés est à l'immunité (ou décès).

Les courbes épidémiques  $S, I, R$  permettent de suivre l'effectif instantané de chaque compartiment pour une référence en temps fixée. Il devient ainsi possible de suivre dans le temps l'évolution de la pandémie (figure IV-6).

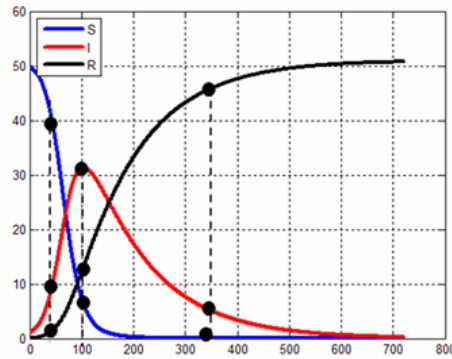


Figure IV-6 Procédure de suivi des populations S,I,R

**VIII- Influence du choix des paramètres épidémiologiques**

Il est évident que le choix des paramètres épidémiques rentrant dans le modèle mathématique influera sur l'allure et le positionnement spatial des courbes épidémiques  $S, I, R$ . Nous prenons comme référence à des fins de comparaison la représentation graphique ci-dessous accompagnée de ses paramètres.

**VIII-1 influence du nombre initial d'infectés  $I_0$**

Différentes valeurs du nombre initial d'infectés  $I_0$  allant des plus faibles aux plus exagérés. Précisons que les courbes ci-dessous ont pour vocation de comprendre le phénomène de propagation d'une épidémie et peuvent ne pas correspondre à des situations concrètes de pandémie (figure IV-7)

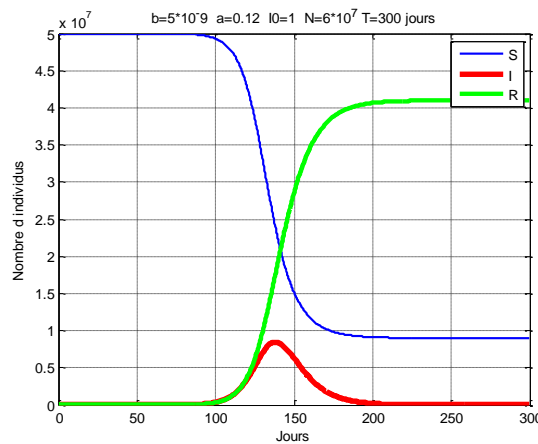


Figure IV-7 Modèle SIR avec un nombre initial d'infectés  $I_0 = 1$

Les courbes "Susceptibles", infectés  $I$  et removed  $R$ " présente une monotonie et une symétrie par rapport à la droite  $t = 150$  jours qui représente la moitié de la période d'observation (300 jours). La courbe des infectés affiche un pic de maximum relativement peut important avant de s'annuler, synonyme de fin d'épidémie. Nous devinons dans ce cas toute l'importance à accorder au taux de reproduction de base  $R_0$ . Les courbes représentant la population susceptible et removed se stabilisent dès la fin de l'épidémie (figure IV-8).

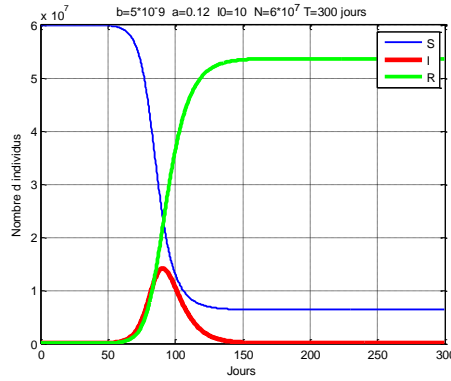


Figure IV-8 Modèle SIR avec un nombre initial d'infectés  $I_0 = 10$

Le nombre de contaminés augmente précocement comparé au premier. Il se situe vers le 60<sup>ème</sup> jour de la période d'observation pour atteindre son maximum vers le 90<sup>ème</sup> jour. On retient donc que l'augmentation du nombre initial d'infectés se traduit est traduit par une translation de la courbe  $I$  vers l'origine du temps. Ceci rejoint le cas des courbes proposées ci-dessous (Figures IV-9 et IV-10)

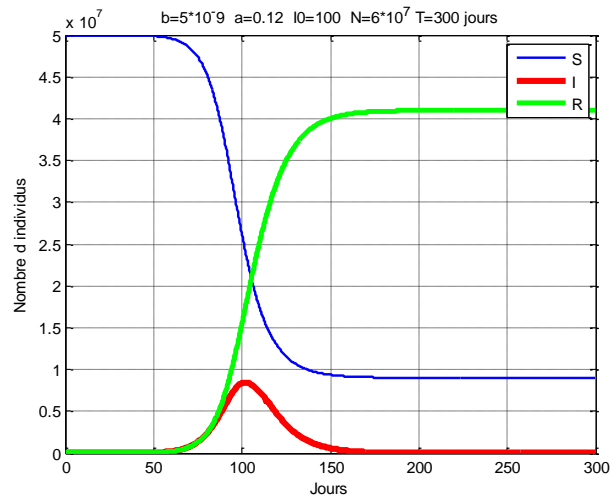


Figure IV-9 Modèle SIR avec un nombre initial d'infectés  $I_0 = 100$

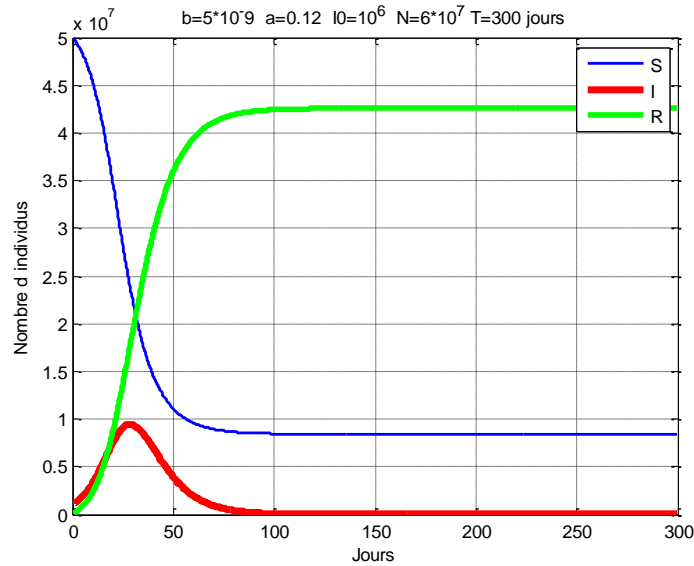


Figure IV-10 Modèle SIR avec un nombre initial d'infectés  $I_0 = 10^6$

Les courbes SIR ci-dessus représentent un cas fictif où le nombre initial de contaminés est exagérément grand ( $I_0 = 1000\ 000$ ). Cela renseigne au moins sur le caractère instantané de la propagation de l'épidémie.

Notons enfin que seul le comportement de la courbe  $I$  est pris en considération, les autres paramètres épidémiologiques ou autres étant fixés.

### VIII-2 Influence du taux d'infection

En épidémiologie, le taux d'infection qui réalise la jonction entre les compartiments "Susceptibles-Infectés", est fondamental dans le développement de l'infection en termes de force d'infection donc de la vitesse de propagation de l'épidémie. Les simulations ci-dessous ont été effectuées en ne faisant varier que le taux d'infection  $b$ , les autres paramètres épidémiologiques étant constants (Figure IV-11).

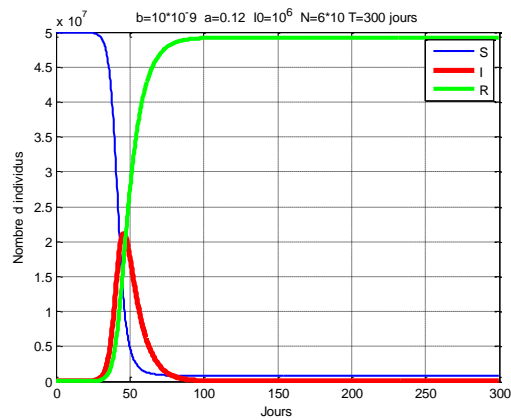


Figure IV-11 Modèle SIR avec un taux de contamination  $b = 10 \cdot 10^{-9}$



La simulation ci-dessus a été effectuée avec un taux de contamination relativement faible ce qui pourrait indiquer un contact infecté (ou infectieux)-susceptible restreint. Néanmoins nous observons un pic de la courbe quelque peu important situé au 50<sup>ème</sup> jour de la période d'observation. L'épidémie amorce une décroissance à partir de cet instant pour finalement disparaître vers le 90<sup>ème</sup> jour. La population susceptible a subi une chute drastique mais elle semble être régénérée au vue de la courbe des removed  $R$  (aux décès près) car les courbes  $I$  et  $R$  présentent une symétrie appréciable l'une de l'autre.

### VIII-3 Influence du taux de guérison / décès $a$

L'état d'un système de santé ou l'existence d'un traitement permet d'augmenter ce taux (Figure IV- 12)

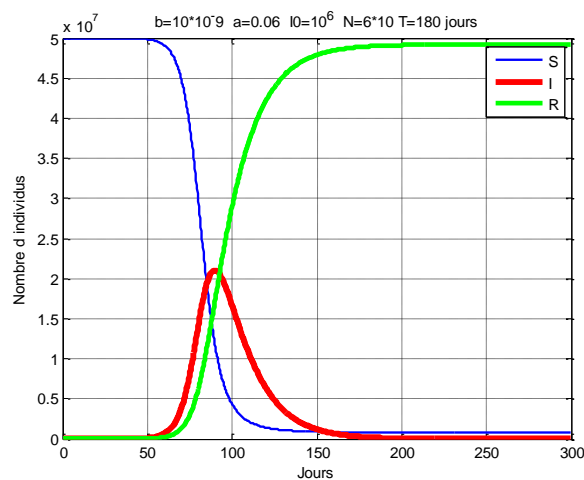


Figure IV-12 Modèle SIR avec un taux de guérison/décès  $a = 0.06$

### Etude de deux autres cas

Une fois établi le modèle différentiel générant graphiquement la situation épidémiologique, diverses situations sanitaires peuvent être envisagées pour peu que les paramètres entrant dans le modèle sont variés individuellement ou collectivement sans toutefois verser dans l'excès. Précisons à cet effet que les graphes épidémiologiques renseignent sur une situation sanitaire donnée mais ils sont aussi établis dans un but de corrélation de ces graphes répondant chacun à des paramètres de modèle fixés.

Les figures IV-13 et IV-143 en sont deux exemples deux exemples de situation épidémiologique exhibant deux courbes nettement différentes mais potentiellement possibles si les paramètres fixés peuvent correspondre à de situations sanitaires réelles. Nous retrouvons ainsi les insuffisances d'un modèle théorique dans un environnement réel de la propagation d'une épidémie.

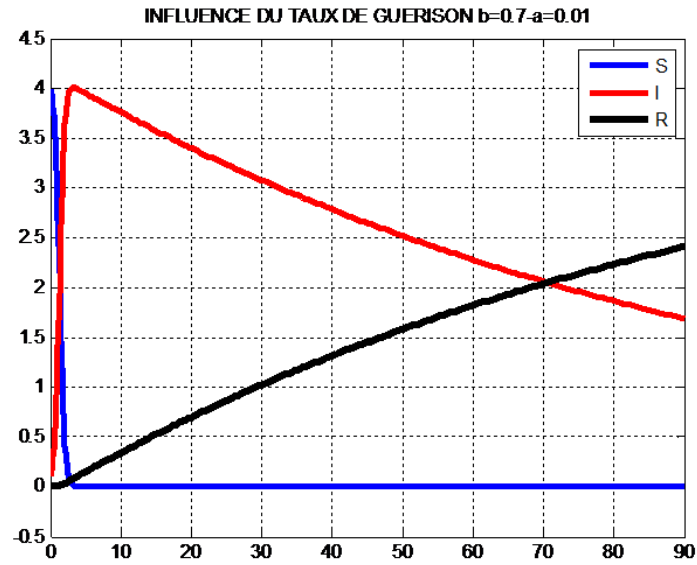


Figure IV-13 Influence du taux de rémission  $a = 1\%$  ( $a = 0.01$ )

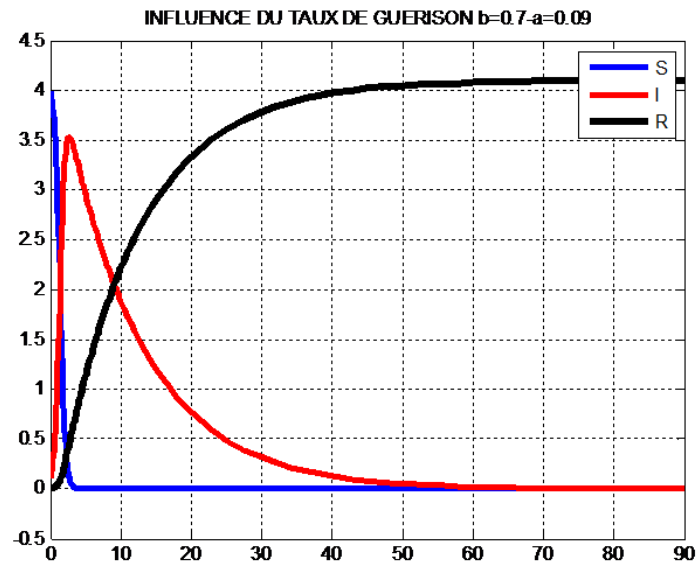


Figure IV-14 Influence du taux de rémission ( $a = 0.09$ ) 0.9%

La simulation ci-dessus a été réalisée avec un taux de guérison/décès des infectés  $a = 0.06$ . Cela signifie que seuls 60% d'individus par la population des infectés guérissent ou décèdent.

### VIII-4 Influence de la période d'observation sur les courbes SIR

De prime abord, les modèles mathématiques développés dans cette étude reposent sur l'évolution temporelle de la dynamique de propagation de l'épidémie. Les fonctions épidémiologiques  $S, I$  et  $R$  sont donc traduisibles en  $S(t), I(t)$  et  $R(t)$ . La période d'observation ou de suivi de l'évolution devient ainsi non seulement un paramètre (ou variable) de modélisation mais aussi un enjeu dans la gestion sanitaire de la maladie. En modélisation, cette période d'observation peut être fixée tout comme les autres paramètres épidémiologiques de taux de contamination et de guérison. Il est donc possible de "prévoir" la situation épidémiologique sur une longue. Les prévisions seront donc relatives (figure IV-15).

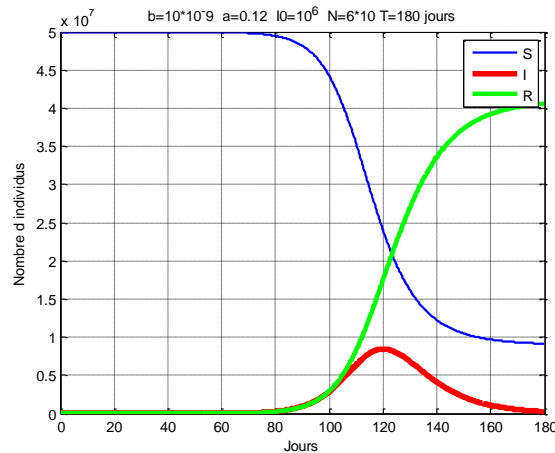


Figure IV-15 Influence de la période d'observation ( $T = 180$  jours)

Avec les paramètres épidémiologiques fixés, la simulation ci-dessus a été réalisée pour une période d'observation  $T = 180$  jours. Il ressort le constat que tous les événements sont différés vers la seconde moitié de la période d'observation. Les premiers signes de l'épidémie n'apparaissent qu'au du 80<sup>ème</sup> jour et l'épidémie n'amorce sa disparition que vers la fin de la période d'observation considérée.

### IX- Modèle SIR numérique - Méthode d'Euler

Reprenons le schéma maintenant connu du modèle SIR Les variables et paramètres requis par le modèle SIR numérique:

- La variable "temps"  $t$  en jours discrétisée suivant le schéma suivant

$$t \rightarrow n \Delta t \quad \Delta t \text{ pas de temps en jours; } n: \text{entier naturel}$$

$S(t)$  nombre de susceptibles au temps  $t \rightarrow S(n\Delta t) = S(n)$  en notation discrète

$$I(t) \text{ nombre d'individus infectés au temps } t \rightarrow I(n\Delta t) \\ = I(n) \text{ en notation discrète}$$

$$R(t) \text{ nombres de guéris ou décédés au temps } t \rightarrow R(n\Delta t) \\ = R(n) \text{ en notation discrète}$$

- Formulation du modèle SIR continu sous la forme discrète

$$\begin{cases} S(t + \Delta t) = S(t) - b S(t)I(t) \\ I(t + \Delta t) = bS(t)I(t) - aI(t) \\ R(t + \Delta t) = R(t) + aI(t) \end{cases}$$

Avec la notation  $[t \rightarrow n\Delta t] \rightarrow [t + 1 \rightarrow n\Delta t + 1]$ , le système précédent prend la forme numérique suivante dans laquelle il n'est pas nécessaire de répéter le pas  $\Delta t$  puisqu'il est unique et fixé avant d'entamer l'exécution du modèle SIR numérique

$$\begin{cases} S(n + 1) - S(n) = -bS(n)I(n) \\ I(n + 1) - I(n) = bS(n)I(n) - aI(n) \\ R(n + 1) - R(n) = aI(n) \end{cases}$$

- Les paramètres épidémiologiques à fixer

Les deux seuls paramètres épidémiologiques à fixer sont le paramètre "b" définissant la probabilité qu'un individu susceptible devienne infecté et le paramètre "a" relatif à la probabilité qu'un individu infecté guérisse ou décède.

- Les conditions initiales à fixer

- Le nombre d'individus composant la population initiale  $S(0)$
- Le nombre initial d'individus infectés  $I(0)$  à partir duquel se fera l'étude
- Le nombre initial d'individus  $R(0)$  guéris ou guéris ou décédés. Evidemment

$$R(0) = 0$$

La **figure IV-16** est une représentation des courbes SIR par la méthode d'Euler.

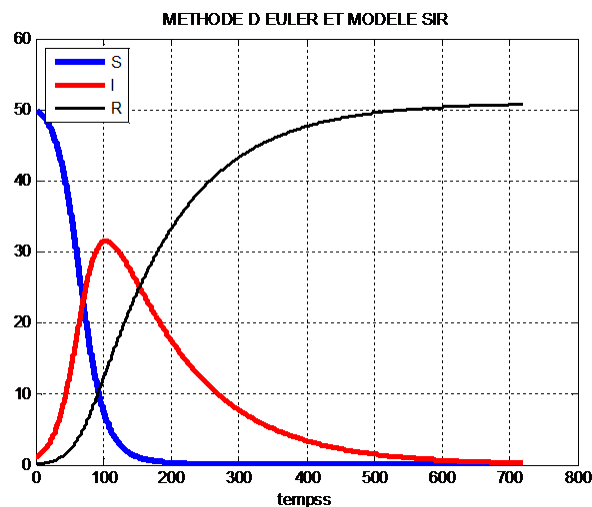


Figure IV-16 Méthode d'Euler dans le modèle SIR

### X- Un exemple type d'application du modèle SIR - interprétation

Dans la modélisation de type SIR, il est nécessaire de bien poser les hypothèses sur les paramètres épidémiologiques:

- Paramètres du modèle épidémiologique
  - Temps global d'observation de la propagation de l'épidémie:  $T = 100 \text{ jours}$  avec un pas  $\Delta T = 0.05 = \frac{5}{100}$  jours
  - Effectif global de la population concernée par l'épidémie  $N = 100\ 000$  individus
  - Taux de contamination par rapport à l'ensemble de population  $b = 1/10000$  ce qui signifie qu'un individu susceptibles sur 10000 peut être affecté par la contamination.
  - Taux de guérison:  $a = 1/10$ . L'inverse de  $\frac{1}{a} = 10$  indique le nombre de jours séparant le début d'infection et la guérison totale.

Le maximum de la courbe d'infection (en rouge) est établi visuellement à 6800 individus infectés par une durée de suivi de la propagation de 27 jours. Ce nombre est assez élevé pour une population de 100000 individus soit 6.8% de la population globale. La virulence de l'épidémie est corroborée par le taux de reproduction de base  $R_0 = 9.999$

### XI- Modèle SIR généralisé

#### XI-1 Conception schématique et modélisation mathématique

Le modèle présenté ci-dessus est l'une des formes les plus simples du modèle SIR. Il évolue en autarcie c'est-à-dire sans échanges avec le son environnement. Des modèles plus élaborés et peut-être un peu plus complexes sont proposés en modélisation mathématique de la propagation d'une épidémie. Le modèle de la figure IV-17 en est un exemple susceptible de prendre d'autres formes plus complexes.

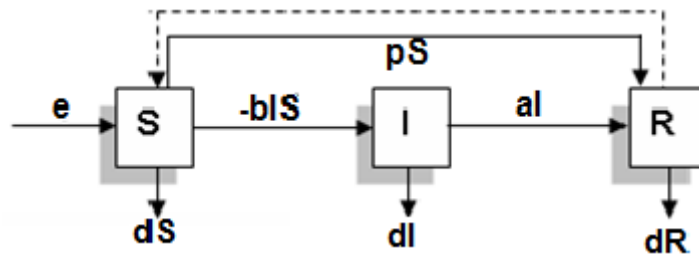


Figure IV-17 Un modèle SIR généralisé

Ce modèle incorpore trois composantes par rapport au système SIR simplifié

- Une composante "alimentant" le compartiment  $I$  en individus d'origine hors-système et qui peuvent être d'origine démographique donc d'une natalité de taux noté  $b$
- Une composante "décès" dont le taux est noté  $d$  et affectant les trois compartiments
- Une composante liée à la vaccination, de rapport  $p$  permettant à un individu du compartiment  $I$  d'être immunisé contre la maladie et de rejoindre directement le compartiment.

Le modèle SIR mentionné ici décrit un modèle plus global comparé au modèle généralement décrit dans la littérature. Il répond au système d'équations différentielles libellé comme suit

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = e - dS - bSI + pS \\ \frac{dI}{dt} = bSI - (d + a)I \\ \frac{dR}{dt} = aI - dR + pS \end{cases}$$

L'indice de reproduction  $R_0$  est calculé comme suit

$$R_0 = \frac{eb}{(d + a)(d + p)}$$

### XI-2 Calcul et étude du point d'équilibre

Il est simplement obtenu en résolvant le système d'équations homogènes suivant

$$\begin{cases} \frac{dI}{dt} = 0 \rightarrow e - bSI - dS + pS = 0 \\ \frac{dI}{dt} = 0 \rightarrow bSI - (d + \mu)I = 0 \\ \frac{dR}{dt} = 0 \rightarrow \mu I - dR + pS = 0 \end{cases}$$

En posant  $I = 0$ , les solutions du système fourniront le d'équilibre  $E$  tel que

$$E = \left( \frac{e}{d + p}, 0, \frac{pe}{d(d + p)} \right)$$

### XI-3 Stabilité du système SIR généralisé

Pour étudier la stabilité du système SIR au point d'équilibre, considérons le système d'équations suivantes

$$\begin{cases} E_1 = e - dS - bSI - pS \\ E_2 = bSI - (d + a)I \\ E_3 = aI - dR + pS \end{cases}$$

On construit le Jacobien  $J$  du vecteur  $(E_1, E_2, E_3)$  en écrivant

$$J = \begin{bmatrix} \frac{\partial E_1}{\partial S} & \frac{\partial E_1}{\partial I} & \frac{\partial E_1}{\partial R} \\ \frac{\partial E_2}{\partial S} & \frac{\partial E_2}{\partial I} & \frac{\partial E_2}{\partial R} \\ \frac{\partial E_3}{\partial S} & \frac{\partial E_3}{\partial I} & \frac{\partial E_3}{\partial R} \end{bmatrix}$$

Le calcul des dérivées partielles fournit le déterminant suivant

$$J = \begin{bmatrix} -d - bI + p & -bS & 0 \\ bI & bS - (d + a) & 0 \\ p & a & -d \end{bmatrix}$$

On exprime le Jacobien au point d'équilibre calculé plus haut à savoir

$$E = \begin{cases} S = \frac{e}{d + p} \\ I = 0 \\ R = \frac{eb}{d(d + p)} \end{cases}$$

$$J_E = \begin{bmatrix} -d - p & \frac{-be}{d + p} & 0 \\ 0 & \frac{be}{d + p} - (d + a) & 0 \\ p & a & -d \end{bmatrix}$$

Les valeurs propres de la matrice  $J_E$  sont

$$\begin{cases} \alpha_1 = -d - p \\ \alpha_2 = R_0 - 1 \\ -d \end{cases}$$

Pour qu'il y ait une stabilité asymptotique, les valeurs propres doivent être négatives. Si la première valeur propre et la troisième vérifient cette condition, la seconde valeur propre doit être telle que

$$R_0 - 1 < 0 \rightarrow R_0 < 1 \text{ stabilité asymptotique} \rightarrow \text{pas d'épidémie}$$

$$R_0 > 1 \rightarrow \text{instabilité} \rightarrow \text{occurrence d'épidémie}$$

### XII- Estimation du taux de "rémission" (immunisés ou décédés) $a$

Pour certaines épidémies, il est possible de déterminer la période moyenne d'infection d'exposition ou d'infection. Pour cela, on suppose que la classe des infectés  $I$  est isolée c'est-à-dire sans entrants mais avec  $I_0$  le nombre initial d'individus infectés. L'équation différentielle du compartiment  $I$  s'écrit simplement

$$\frac{dI}{dt} = -aI \quad I(0) = I_0$$

Après intégration, la fonction  $I(t)$  admet pour expression

$$I(t) = I_0 \exp(-at)$$

Le rapport  $\frac{I(t)}{I_0}$  représente la proportion d'individus qui, pour  $t > 0$ , sont toujours infectés au temps  $t$  ou, pour reprendre le langage probabiliste, la probabilité des individus toujours infectés au temps  $t$  :  $\frac{I(t)}{I_0} = \exp(-at)$  (figure IV-18)

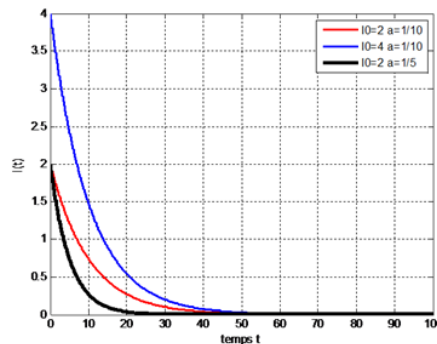


Figure IV-18 Variations de  $I(t)$  en fonction de  $I_0$  et du taux de guérison  $a$



La probabilité relative au nombre d'individus qui auraient quitté la classe  $I$  sera

$$F(t) = 1 - \exp(-at)$$

La fonction  $F(t)$  n'est autre que la fonction de distribution qu'un individu guérisse (ou décède) c'est-à-dire quittant la classe  $I$  dans l'intervalle  $[0, t]$  avec  $t > 0$ . Notons  $f(t)$  la fonction densité de probabilité. Sachant que

$$f(t) = f'(t) \rightarrow f(t) = a \exp(-at)$$

En conséquence, le temps moyen passé par un infecté séjournant dans la classe  $I$  est donné par la moyenne d'une certaine variable aléatoire  $X$  donnant le temps moyen passé la classe  $I$ . Il s'agit donc d'estimer l'espérance mathématique suivante

$$E(X) = \int_0^{+\infty} t f(t) dt = \int_0^{+\infty} a t \exp(-at) dt$$

Une intégration par parties donne le résultat suivant

$$E(X) = \frac{1}{a}$$

C'est la période moyenne de séjour d'un infecté dans le compartiment  $I$  avant d'intégrer le compartiment  $R$  des immunisés ou des décédés.

### XIII- Théorème du seuil

Le seuil épidémiologique synthétisé en mathématique sous le nom de "théorème" du seuil" est un des paramètres fondamentaux d'alerte du développement probable d'une épidémie suite à l'apparition des premiers cas symptomatiques de la maladie. La prise de conscience de l'occurrence d'une épidémie repose d'abord sur des faits évidents qualifiés d'observables. Il s'agit en fait, d'un suivi comptable des populations dans chaque compartiment du modèle SIR. L'image qui peut être donnée des compartiments composant ce modèle est celle d'une combinaison architecturale de blocs interdépendants.

Dans ce contexte, une pandémie qui sévit au sein d'une population est caractérisée par une augmentation du nombre d'individus dans le compartiment  $I$  traduisant ainsi le caractère croissant de la fonction  $I(t)$  lui-même induisant que la dérivée  $I'(t) > 0$

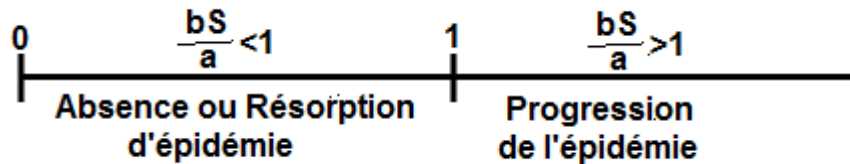
$$I'(t) > 0 \leftrightarrow bSI - aI > 0$$

$$I(bS - a) > 0 \rightarrow \frac{bS}{a} > 1$$

A cause du caractère positif des paramètres d'infection, de guérison  $a$  et de la variable  $S$ , on déduit les cas suivants

$$\begin{cases} 0 < \frac{bS}{a} < 1 \\ \frac{bS}{a} > 1 \end{cases}$$

La condition  $\frac{bS}{a} > 1$  signifie que le nombre d'individus infectés est en augmentation et l'épidémie en expansion car un individu infecté contaminera plus d'un individu susceptible. Ce rythme de contamination se prolongera jusqu'à ce que la première condition  $0 < \frac{bS}{a} < 1$  soit satisfaite d'où le schéma suivant



Le rapport  $\frac{b}{a}S = \left(\frac{b}{a}\right)S$  peut être interprété comme la mise en fonction de la population  $S$  d'un terme de base à savoir le rapport  $\frac{b}{a}$ . Il est communément noté  $R_0$  tel que

$$R_0 = \frac{b}{a}$$

Le terme  $R_0$  désigne ce qui est appelé le "taux de reproduction de base" de l'épidémie. Il peut alors être interprété comme la proportion de contacts infectieux. En multipliant ce rapport par le nombre d'individus susceptibles à chaque instant (ce que nous appelons la mise à jour), on obtient le nombre des nouvelles infections causées par un seul individu contagieux (figure IV-19).

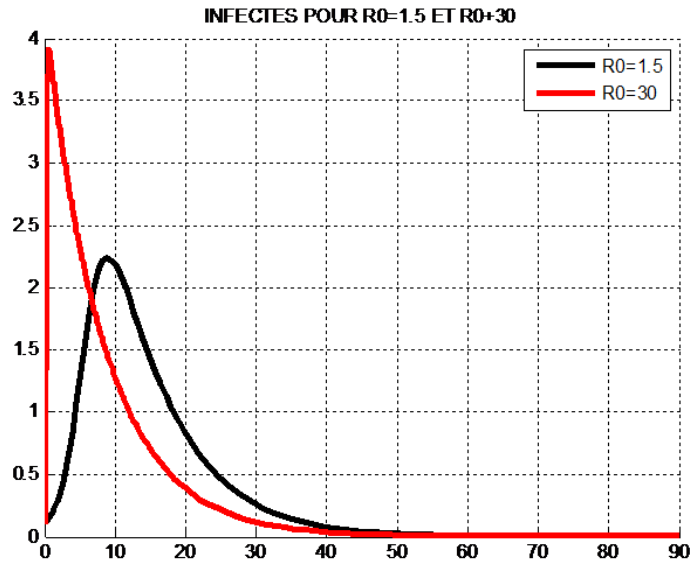
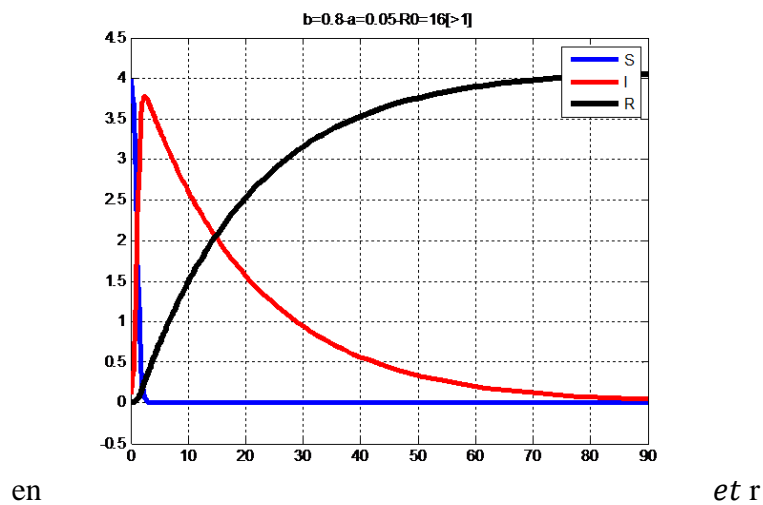


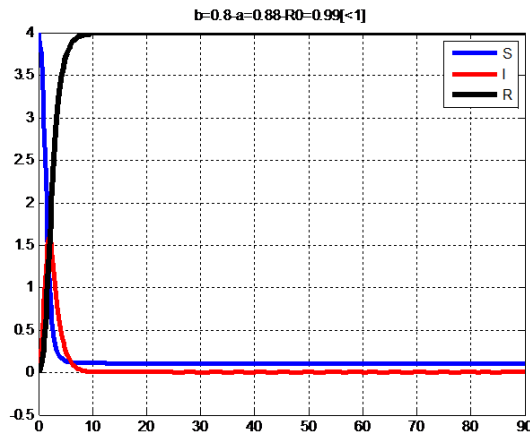
Figure IV-19 Influence du taux de reproduction de base  $R_0$  sur la courbe d'infection  $I(t)$

Le taux ou indice de reproduction de base  $R_0$  est estimé pour évaluer le potentiel et la dynamique de transmission de l'épidémie. Il est de ce fait, l'un des concepts fondamentaux en épidémiologie. Plus concrètement, il représente le nombre d'infections secondaires résultant à la base d'une seule infection primaire dans une population susceptible. Suite au développement

de la modélisation mathématique des approches du phénomène épidémiologique,  $R_0$  est devenu un concept clé pour prévenir l'apparition d'épidémies. Les figures IV-20 (a) et (b) illustrent l'allure des courbes  $S, I$  et  $R$  pour deux états du taux de reproduction de base, respectivement  $R_0 > 1$  et  $R_0 < 1$



(a) Cas  $R_0 > 1$  (état épidémique)



(b) Cas  $R_0 < 1$  (absence d'épidémie ou épidémie latente)

Figure IV-209 Influence du taux de reproduction de base  $R_0$  sur les courbes  $S, I$  et  $R$

#### XIV- La fonction $I(t)$ vs. $S(t)$

L'objectif est donc d'exprimer la fonction "infectés"  $I(t)$  en rapport avec la fonction susceptible  $S(t)$ , disons simplement, en formulant la fonction  $I(S)$ .

En considérant à nouveau la première équation du modèle SIR donnant la dérivée  $S'(t)$ , il est possible de reprendre cette équation sous la forme qui est décrite ci-dessous

$$\frac{dI}{dt} = \frac{dI}{dS} \frac{dS}{dt} = (\beta S - \gamma)I \rightarrow \frac{dI}{dS} = (\beta S - \gamma)I \frac{1}{\frac{dS}{dt}}$$

En introduisant la première équation différentielle du modèle SIR dans le second membre, il vient à écrire après simplification

$$\frac{dI}{dS} = \frac{\beta S - \gamma}{-\beta S} = \frac{\gamma}{\beta S} - 1$$

On obtient ainsi une équation différentielle de premier ordre de variable  $S$  et de fonction inconnue  $I$ . Sa résolution après séparation des variables aboutira à une fonction  $I$  dépendant de la fonction  $S$  qui devient alors une variable.

$$I(S) = \frac{\gamma}{\beta} \ln S - S + C \quad S \geq 0 \quad C: \text{constante d'intégration}$$

La constante d'intégration  $C$  est déterminable à partir des conditions initiales  $S(0)$  et  $I(0)$ . Ceci donne la valeur suivante

$$C = I(0 + S(0) - \frac{\gamma}{\beta} \ln S(0))$$

La fonction infection admet alors pour expression

$$I(S) = \frac{\gamma}{\beta} \ln S - S + I(0) + S(0) - \frac{\gamma}{\beta} \ln S(0)$$

Dans le même temps, comme

$$\frac{dI}{dt} = \frac{dI}{dS} \frac{dS}{dt} < 0 \rightarrow \frac{dI}{dS} > 0$$

Il y donc lieu de retenir que la dérivée de la fonction d'infections par rapport à la population est positive ce qui signifie que la fonction  $(S)$  croissante ce qui est aussi logique dans la propagation d'une épidémie.,s sauf que dans ce cas, la croissance de la fonction  $I$  a lieu non plus par rapport au temps mais par rapport à la population  $S$ . Exprimons la dérivée  $\frac{dI}{dS}$  à partir de l'expression de  $I(S)$

$$I(S) = \frac{\gamma}{\beta} \log(S) - S + C \rightarrow \frac{dI}{dS} = \frac{\gamma}{\beta S} - 1$$

Il s'en suit que

$$\frac{dI}{dS} = 0 \rightarrow S = \frac{\gamma}{\beta}$$

Cette valeur de la fonction  $S$  que l'on peut qualifier de "valeur limite" est fondamentale quant à l'identification de la période d'épidémie. Elle permet aussi une interprétation de l'évolution conjointe du couple susceptible –infectés.

La première équation du modèle SIR indique donc que la dérivée  $\frac{dI}{dt} < 0$  Ceci a un sens puisqu'au cours d'une épidémie la population tend à diminuer et mathématiquement la fonction susceptibles  $I(t)$  est une fonction décroissante de la variable temps  $t$ . Ainsi si nous nous positionnons sur un point d'une courbe, notre déplacement ne peut se faire que vers la gauche de ce point.

L'objectif serait de trouver pour que valeur ou bien pour quelle expression de la variable susceptibles  $S$  avon- nous  $I(S) = 0$ .

$$I(S) = 0 \leftrightarrow \frac{\gamma}{\beta} \ln(S) - S + C = 0$$

Cette équation ne peut être résolue par voie analytique mais la solution peut être approchée par être approchée par une approche numérique. Une autre alternative est offerte par la fonction oméga appelée aussi fonction de Lambert.

**XV- Fonction "oméga" ou fonction de Lambert**

**XV-1 Définition de la fonction de Lambert (oméga)**

Dénommée ainsi en raison de son concepteur Jean Henri Lambert, la fonction transcendante oméga est intimement liée aux fonctions inverses l'une de l'autre, la fonction logarithme et la fonction exponentielle. Mais en fait, le noyau de la fonction Lambert  $W$  est la fonction simple  $f$  définie comme suit

$$f : R \rightarrow R$$

$$x \mapsto y = f(x) = x \exp(x)$$

Nous résumons les variations de la fonction  $f$  sous le tableau suivant accompagnée de sa représentation graphique (figure IV-21 )

$x$	$-\infty$	$-1$	$+\infty$
$y' = (1+x)\exp(x)$		$-$ $0$ $+$	
$y = x \exp(x)$			

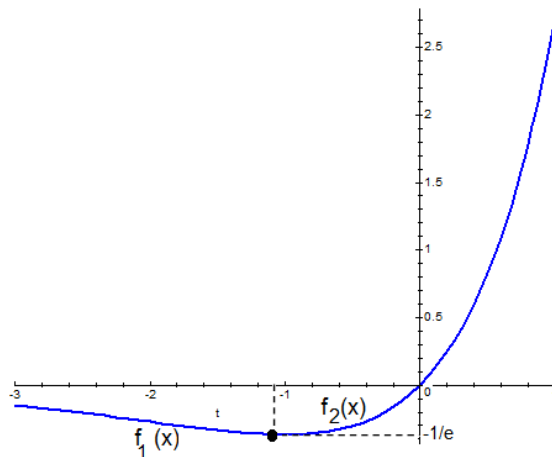


Figure IV-21 La fonction de base  $f(x) = x \exp(x)$

Il est évident qu'une valeur de  $y$  est déterminable dès que l'on connaît une valeur fixée de la variable  $x$

$$y_i = x \exp(x)|_{x=x_i}$$

Il y a lieu de nous attarder quelque peu sur certaines caractéristiques de cette fonction que nous résumons par le tableau ci-dessous

Remarquons que la fonction  $f$  admet un minimum au point de coordonnées  $(-1, -\frac{1}{e})$ . Pour les besoins de la définition de la fonction de Lambert W, nous répartissons la fonction  $f(x) = xexp(x)$  en deux fonctions élémentaires  $f_1(x)$  et  $f_2(x)$  définies comme suit (voir graphe)

$$f(x) = \begin{cases} f_1(x) & x \in ]-\infty, -1] \\ f_2(x) & x \in [-1, +\infty[ \end{cases}$$

Si nous considérons l'expression  $y = xexp(x)$  comme une équation d'inconnue  $x$  qu'il faudrait évidemment calculer, les méthodes usuelles ne peuvent répondre à la question hormis l'approche numérique. Posons

$$f(x) = xexp(x) \rightarrow x = f^{-1}[xexp(x)].$$

Nous n'aborderons pas ici la problématique de l'existence de la fonction inverse  $f^{-1}$ . Précisément cette fonction inverse qui définit la fonction Lambert W. Nous avons alors le schéma suivant

$$y = xexp(x) \leftrightarrow x = W(y)$$

- La fonction de Lambert sur le plan graphique

Sachant que les fonctions  $y$  et  $W$  sont inverses l'une de l'autre, le graphe de la fonction de Lambert est déduit de celui de la fonction  $y$  par simple symétrie par rapport à la première bissectrice dans le plan  $[x, y]$  (figure ). Le schéma de décomposition de la fonction directe  $y$  sera lui aussi inversé comme illustré par la figure IV-22.

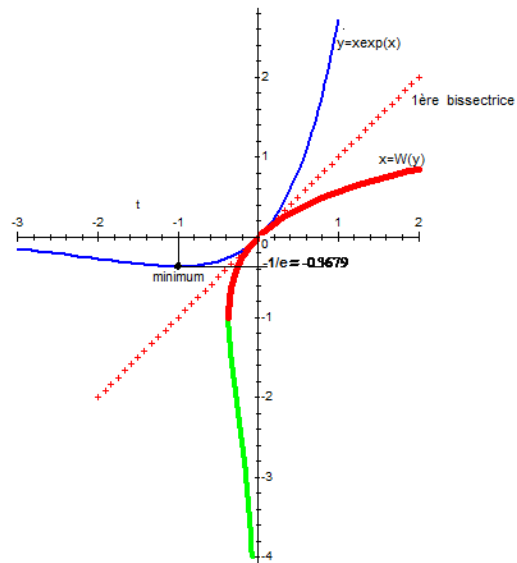


Figure IV-22 La fonction de Lambert

A toute fin utile, nous adjoignons le scripte Maple dont est tiré ci-dessus

```

> with(plots):

> p:=plot([t*exp(t),t,t=-1..1.5],color=red,thickness=5):

> q:=plot([t*exp(t),t,t=-4..-1],color=green,thickness=4):

> r:=plot(t*exp(t),t=-3..1,color=blue,thickness=2):

> b:=plot(t,t=-2..2,style=point):

> display({p,q,r,b},scaling=constrained);
    
```



## XV-2 Propriétés de la fonction de Lambert

### XV-2-1 Dérivée

$$y = x \exp(x) \rightarrow x = W(y)$$

$$y' \cdot W'(y) = 1 \rightarrow W'(y) = \frac{1}{y'} = \frac{1}{(1+x)\exp(x)}$$

En multipliant le numérateur et le dénominateur par  $x$  il vient

$$W'(y) = \frac{x}{(1+x)x \exp(x)}$$

En tenant compte de la définition de Lambert, nous avons la formulation équivalente suivante

$$W'(y) = \frac{W(y)}{y(1+W(y))}$$

### XV-2-2 Quelques valeurs la fonction de Lambert

Sachant que

$$t = x \exp(x) \rightarrow x = W(y)$$

On se propose de calculer  $W(1)$  en posant

$$\alpha = W(1) \leftrightarrow \alpha \exp(\alpha) = 1$$

Ce qui permet d'écrire aussi

$$\alpha = \exp(-\alpha)$$

On peut approcher la valeur de  $\alpha$  par application de la méthode des approximations successives en écrivant

$$\begin{cases} \alpha_{n+1} = \exp(-\alpha_n) \\ \alpha_0 = 0 \end{cases}$$

On trouve alors la valeur approchée

$$W(1) = 0.5617$$

Une relation assez particulière vérifiée par  $W(1)$  est mise en évidence comme suit;

$$y = x \exp(x) \rightarrow x = W(y)$$

$$x \exp(x) = W(y) \exp[W(y)] \rightarrow y = W(y) \exp[W(y)]$$

Pour la valeur  $y = 1$ , il vient

$$W(1)\exp[W(1)] = 1 \rightarrow \exp[W(1)] = \frac{1}{W(1)}$$

En considérant le logarithme des deux membres, on obtient la relation particulière suivante

$$W(1) = \log\left[\frac{1}{W(1)}\right]$$

### XVI- Retour sur la résolution de l'équation $I(S) = 0$

Rappelons que cette équation répond à l'expression suivante

$$\frac{\gamma}{\beta} \log(S) - S + C = 0$$

Il vient alors que

$$\log(S) = \frac{\beta}{\gamma} S - \frac{\beta}{\gamma} C \rightarrow S = \exp\left(\frac{\beta}{\gamma} S\right) \cdot \exp\left(-\frac{\beta}{\gamma} C\right)$$

Il revient à écrire

$$-\frac{\beta}{\gamma} S \cdot \exp\left(-\frac{\beta}{\gamma} S\right) = -\frac{\gamma}{\beta} \exp\left(-\frac{\beta}{\gamma} C\right)$$

Pour revenir aux notations précédentes, on pourrait poser

$$\begin{cases} x = -\frac{\beta}{\gamma} S \\ y = -\frac{\gamma}{\beta} \exp\left(-\frac{\beta}{\gamma} C\right) \end{cases} \rightarrow y = x \exp(x) \rightarrow x = W(y)$$

En remplaçant la variable  $x$  par son expression en de l'inconnue de l'équation S, on exprime aisément cette dernière en écrivant

$$S = -\frac{\gamma}{\beta} W\left[-\frac{\gamma}{\beta} \exp\left(-\frac{\beta}{\gamma} C\right)\right]$$

Il devient ainsi possible d'exprimer la fonction susceptible  $S(t)$  du modèle mathématique SIR par le biais de la fonction de Lambert  $W$  dont certaines caractéristiques ont été énoncées ci-dessus.

### XVII- Quelques exemples de portraits de phase

Les figures suivantes fournissent quelques portraits du modèle SIR liés ou non à la survenue d'une épidémie figure IV-23).

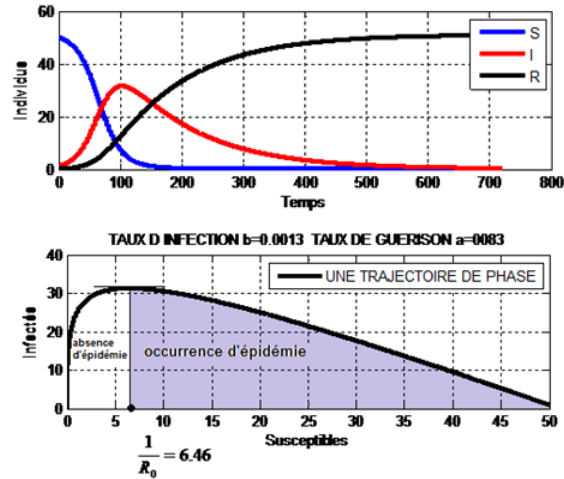
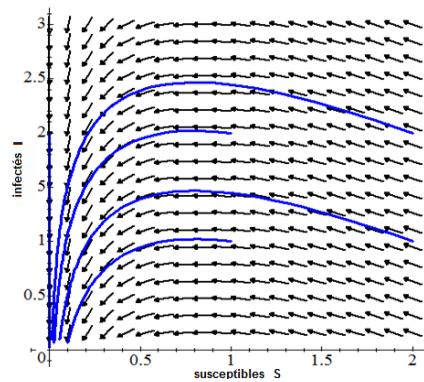
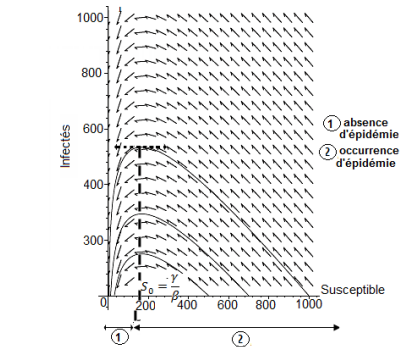


Figure IV-23 Un modèle SIR et son portrait de phase

#### Autres portraits de phase:



Quelques portraits de phase du modèle SIR

Les courbes précédentes illustrent le comportement des courbes d'infection  $I(S)$  pour différentes valeurs du paramètre du taux d'infection  $\beta$  et du paramètre de taux de recouvrements/guérison/décès.  $\gamma$  Il ressort d'une première analyse que les différentes courbes obtenues se déduisent les unes des autres par translation ceci étant dû au fait que la différence entre deux formes de  $I(S)$  diffèrent de la même constante  $C$  qui a été calculée.

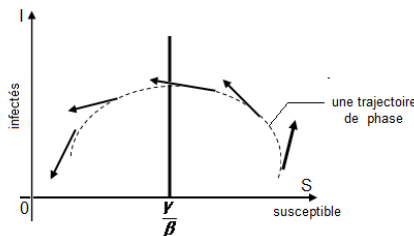
Il est à noter que la courbe  $I(S)$  s'étend jusqu'aux valeurs négatives ( $I(S) < 0$ ). Ceci n'a qu'une valeur mathématique parce que la fonction infection est par nature positive ( $I(S) > 0$ ) tout comme d'ailleurs fonction susceptibles  $S$  ( $S > 0$ ).

La première équation du modèle SIR indique donc que que la dérivée  $\frac{dI}{dt} < 0$  Ceci a un sens puisqu'au cours d'une épidémie la population tend à diminuer et mathématiquement La fonction susceptibles  $I(t)$  est une fonction décroissante de la variable temps  $t$ . Ainsi si nous nous positionnons sur un point d'une courbe, notre déplacement ne peut se faire que vers la gauche de ce point.

### XVIII- Portrait de phase (ou plan de trajectoires) du modèle SIR

#### XVIII-1 Trajectoires de phase dans le plan $(S, I)$

Dans le référentiel  $(S, I)$ , l'image que renvoie cette évolution est celle d'un champ de vecteurs donc de la donnée d'une direction et d'un sens, sur lequel se s'étireront les courbes  $(S, I)$ . La figure suivante en est une illustration.



Les trajectoires de phase du modèle ne sont autres que des représentations répétées de la fonction  $I(s)$ . Elles sont porteuses d'informations sur l'évolution transversale de l'épidémie dans la dualité susceptibles-infectés.

Les trajectoires de phase passent donc par l'étude classique de la fonction  $I(S)$  à travers sa dérivée et quelques limites qui sont de première importance car liées au contexte sanitaire ambiant.

## XVIII-2 Analyse S-nullcline et I-nullcline du plan de phases du modèle SIR

### XVIII-2-1 Généralités sur l'analyse nullcline

L'analyse nullcline traite des points d'équilibre et de l'analyse du plan de phase. Considérons le système d'équations différentielles

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = f(x, y) \\ \frac{dy}{dt} = g(x, y) \end{cases}$$

Pour esquisser le plan de ce système, en chaque point  $(x_0, y_0)$  du plan  $(x, y)$  on trace un vecteur partant de  $(x_0, y_0)$  dans la direction  $f(x_0, y_0)$ .

#### Définition

L'analyse x-nullcline fournit un ensemble de points dans le plan de phase tels que  $\frac{dx}{dt} = 0$ . Géométriquement, ce sont les points sur où les vecteurs sont dirigés soit vers le haut soit vers le bas. Algébriquement, on détermine les x-nullcline en résolvant l'équation  $\frac{dx}{dt} = 0$ .

L'analyse y-nullcline fournit un ensemble de points dans le plan de phase de sorte que  $\frac{dy}{dt} = 0$ . Géométriquement ce sont les vecteurs allant vers la gauche ou vers la droite. On trouve les y-nullcline en résolvant l'équation  $g(x, y) = 0$ .

### XVIII-2-2 Etude sur un exemple

Considérons le système

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = 2x \left(1 - \frac{x}{2}\right) - xy \\ \frac{dy}{dt} = 3y \left(1 - \frac{y}{3}\right) - 2xy \end{cases}$$

La résolution de l'équation

$$\frac{dx}{dt} = 0 \leftrightarrow 2x \left(1 - \frac{x}{2}\right) - xy = 0 \rightarrow \begin{cases} x + y = 2 \\ x = 0 \text{ (axe des } y) \end{cases}$$

On obtient ainsi comme x-nullcline la droite d'équation  $y=2-x$  et l'axe des  $y$ . Il suffit de fixer un point  $M_0(x_0, y_0)$  et de calculer les valeurs des dérivées  $\frac{dx}{dt}$  et  $\frac{dy}{dt}$ . Ceci donnera un second point  $N_0$ . On définit ainsi la direction du vecteur  $\overrightarrow{M_0N_0}$ .

Concernant le choix du point initial  $M_0$ , ce dernier sera fait en tenant compte de la droite d'équation  $x + y = 2$  en fixant un point au-dessus de la droite et un point en dessous de celle-ci (figure IV-24).

**XVIII-3 Application de l'analyse S-nullcline et I-nullcline sur le modèle SIR**

Appliquée au modèle SIR, les analyses S-nullcline et I-nullcline obéissent respectivement aux relations suivantes

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = 0 \leftrightarrow -\beta IS = 0 \rightarrow \begin{cases} S = 0 \\ \text{ou} \\ I = 0 \end{cases} \\ \frac{dI}{dt} = 0 \leftrightarrow \beta IS - \gamma I = 0 \rightarrow \begin{cases} I = 0 \\ \text{ou} \\ S = \frac{\gamma}{\beta} \end{cases} \end{cases}$$

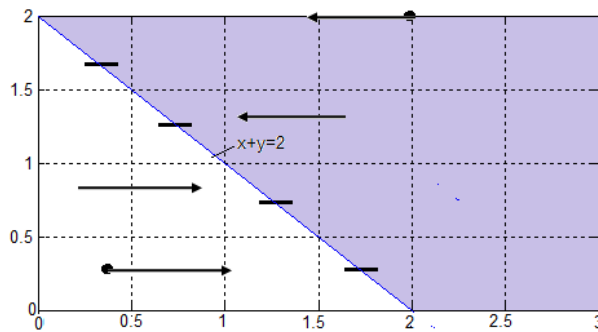


Figure IV-24 Traitement en S-nullcline du système d'équations du modèle SIR

La **figure IV-25** est une synthèse des états de la fonction d'infection  $I(t)$  vs. la fonction susceptible  $S(t)$  avec la mise en évidence d'un seuil épidémique dont l'abscisse délimite les zones d'absence et d'occurrence d'une épidémie.

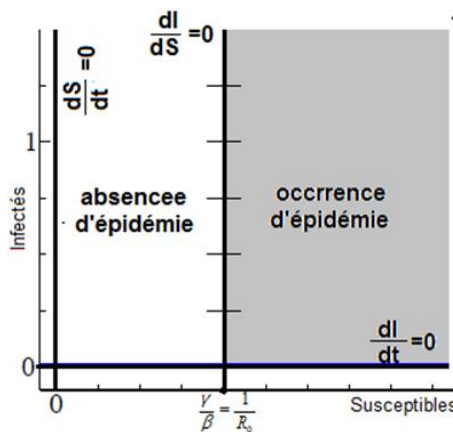


Figure IV-25 Seuil épidémique et zone d'absence et d'occurrence d'une épidémie

### **XIX- Prédiction d'une épidémie par les trajectoires de phase**

Le portrait de phase est en lui-même une source d'information sur l'occurrence ou non d'une épidémie. On retrouve là aussi le rôle-clé que joue le taux de reproduction de base  $R_0$ . Le point

De plus la valeur  $S = \frac{\gamma}{\beta}$  est nécessairement liée au maximum de la fonction infection  $I(S)$

- Etude de quelques limites

Il est simple de montrer les résultats des limites de la fonction  $I(S)$  suivantes

$$\begin{cases} \lim_{S \rightarrow +\infty} I(S) = -\infty \\ \lim_{S \rightarrow 0} I(S) = \infty \end{cases}$$

Il est donc aisé de comprendre que la fonction  $I(S)$ : une phase de croissance monotone liée à l'expansion de l'épidémie, un état maximal lié au nombre maximal d'individus infectés et un état de décroissance monotone indiquant une extinction progressive de l'épidémie.

### **XX-Modèle SIR incluant la démographie**

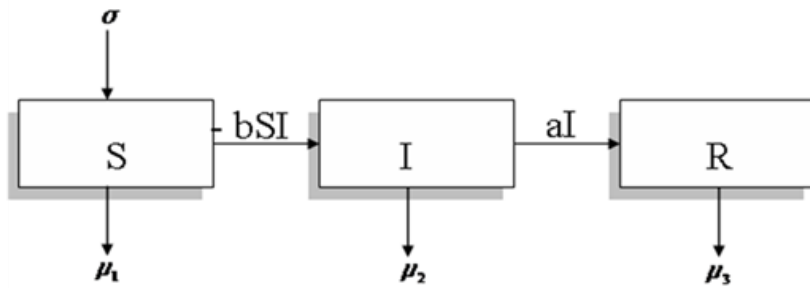
#### **XX-1 Formulation du modèle**

Le modèle SIR exposé jusqu'ici est une version simplifiée qui ne tient pas compte de toutes les circonstances qui gravitent autour du phénomène épidémiologique. A la limite, il s'avère d'épidémies que ce modèle n'est applicable que pour une pandémie limitée dans le temps. Sur le long terme ou cours d'une succession d'épidémies, il est nécessaire de complexifier le modèle en impliquant scénarii et en incluant des paramètres épidémiques supplémentaires. Il y a lieu de préciser certaines conditions imposées au modèle intégrant à ce type de modèle

- On suppose qu'il n'y pas de transmission verticale de la maladie sous forme héréditaire par exemple. Un nouveau né est supposé susceptible et rejoint donc le compartiment  $S$

- Il est aussi supposé que la natalité et la mortalité se compensent

Dans notre cas, il est à inclure la démographie ambiante à travers deux paramètres: un paramètre  $\sigma$  définissant le taux de natalité ou d'immigration d'individus sains vers le compartiment  $S$  et une suite de trois paramètres  $\mu_1, \mu_2$  et  $\mu_3$  définissant les taux de mortalité relatifs à chaque compartiment. Le modèle SIR correspondant est représenté par la figure suivante

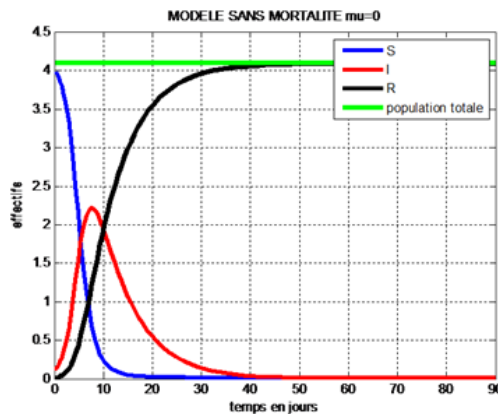


Le modèle mathématique correspondant est le suivant

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = (\mu_1 S + \mu_2 I + \mu_3 R) - bSI - \mu_1 S \\ \frac{dI}{dt} = bSI - aI - \mu_2 I \\ \frac{dR}{dt} = aI - \mu_3 R \end{array} \right.$$

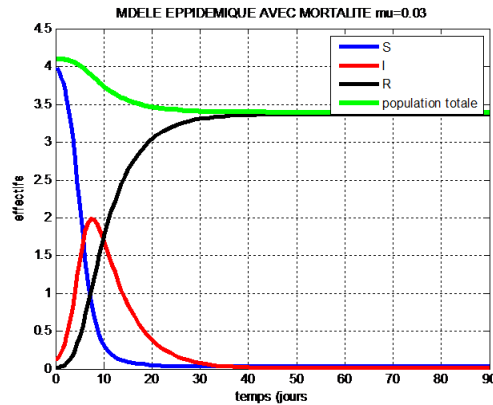
### XX-2 Exemples de simulation d'un modèle SIR avec démographie

Les figures IV-26 (a) et (b) représentent deux simulations d'un modèle SIR respectivement sans et avec une dimension démographique, les paramètres épidémiologiques étant identiques dans les deux cas. Notons la variation de la courbe identifiant la population totale qui n'est plus constante en présence d'un critère démographique.



(a) Modèle SIR en l'absence de mortalité





b) Modèle SIR incluant un taux de mortalité non nul

Figure IV-26 Modèles SIR sans et avec une composante démographique

**XXI- Modèle SIRS (perte d'immunité)**

**XXI-1 Principe du modèle SIRS**

Le modèle SIRS est une autre version du modèle SIR mais occultant l'hypothèse de l'immunité permanente des individus rétablis du compartiment  $R$ . Une proportion que nous notons  $r$  peut perdre cette immunité et intégrer de ce fait à nouveau le compartiment  $S$  des susceptibles. Ce dernier verra son effectif "alimenté" ce qui se traduit par une oscillation à la fois de la population du compartiment  $S$  et celle du compartiment  $R$  (figure IV-27)

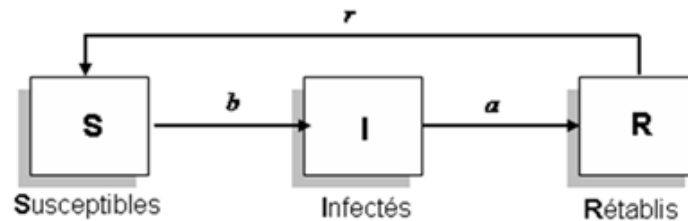


Figure IV-27 Diagramme d'un modèle SIRS

**XXI-2 Modèle SIRS sans démographie (natalité ou décès)**

Il est possible d'adjoindre au modèle SIRS de la figure ci-dessus, une composante démographique aux compartiments Susceptible et Infectés à travers un taux de natalité (naissances) et un taux de décès. Dans le cas par exemple d'un modèle mathématique SIRS en l'absence de mortalité, ce dernier peut prendre la forme du système d'équations différentielles suivant

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -bIS + r.R \\ \frac{dI}{dt} = bIS - aI \\ \frac{dR}{dt} = aI - r.R \end{cases}$$

Le paramètre  $r$  inclus dans ce le modèle mathématique le taux de perrte d'immunité et la période immunitaire moyenne. Précisons que si  $r \rightarrow 0$ , le modèle SIRS tend à se tranformer en un modèle SIR classique. La figure IV-28 est une simulation d'un modèle SIRS sans mortalité

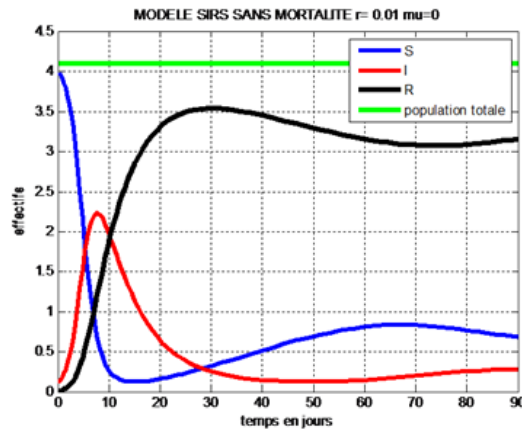


Figure IV-28 Modèle SIRS sans mortalité

**XXI -3 Simulations comparées modèle SIR / modèle SIRS:**

Afin de saisir la différence entre les modèles SIR et SIRS, une simulation des deux modèles est donnée par la figure IV-29, en ayant conservé dans les deux cas, les mêmes paramètres épidémiologiques

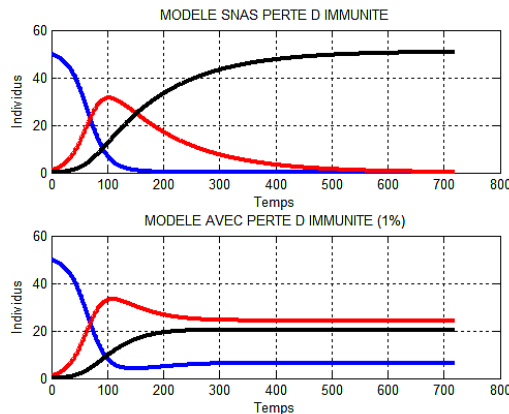
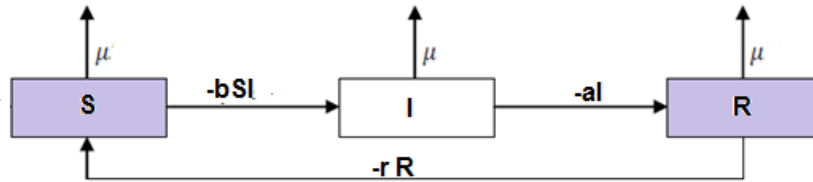


Figure IV-29 Modèle SIRS vs. modèle SIR

L'allure des courbes dans le modèle SIRS diffère largement de celle des courbes SIR. En effet la courbe représentant la population susceptible affiche un rehaussement car le compartiment S est "alimenté" régulièrement par les individus en perte d'immunité. Les courbes I et R varient dans le même sens dans un niveau stable. La courbe des infectés ne fléchit pas dans le temps. Dans le modèle SIRS, l'épidémie va persister tant qu'il existe d'immunité parmi les individus guéris. Il y a donc lieu de renforcer le pouvoir immunitaire des individus guéris virus par exemple par la voie vaccinale.

Il est possible d'adjoindre au modèle SIRS précédent une dimension démographique de natalité et de mortalité notée  $\mu$  touchant l'ensemble des compartiments) respectivement  $\mu S, \mu I$  et  $\mu R$ . Dans le modèle mathématique ci-dessous, il est négligé la composante démographique de natalité. Le modèle mathématique SIRS avec mortalité admet la forme suivante

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\mu S - bSI + r.R \\ \frac{dI}{dt} = bIS - aI - \mu I \\ \frac{dR}{dt} = aI - \mu I - r.R \end{cases}$$



Modèle SEIRS avec mortalité

## XXII- Solution analytique du modèle SIR

Il a été précisé que le système SIR est à vocation interprétative de la propagation de l'épidémie. De ce fait, l'aspect graphique prédomine comme outil d'interprétation et pourquoi pas de décision quant à un protocole sanitaire. Néanmoins, sur le plan mathématique pur, il serait intéressant de cerner les aspects théoriques du modèle à commencer par une tentative d'asseoir une solution analytique du système d'équations différentielle qui le décrit. Reprenons la formulation de ce dernier

$$\begin{cases} S' = -bIS \\ I' = bIS - aI \\ R' = aI \end{cases}$$

L'équation différentielle en  $S'$  donne comme expression de la fonction  $I$

$$I = -\frac{S'}{bS}$$

Après dérivation des deux membres il vient

$$I' = -\frac{1}{b} \frac{SS'' - S'^2}{S^2}$$

La seconde équation du système devient alors

$$-\frac{1}{b} \frac{SS'' - S'^2}{S^2} = bS \left( -\frac{1}{b} \frac{S'}{S} \right) + \frac{aS'}{bS}$$

Après simplification nous obtenons l'équation différentielle en  $S$  suivante

$$SS'' - S'^2 + (a - bS)S'S = 0$$

L'objectif des calculs qui suivent est de donner une représentation de cette équation différentielle en de  $R$ .

Nous rappelons la première équation et la troisième équation du système SIR

$$\begin{cases} S' = -bIS \\ R' = aI \end{cases}$$

De la première équation, on exprime la fonction  $I$  en écrivant

$$I = -\frac{1}{b} \frac{S'}{S}$$

La dérivée  $R'$  s'écrit alors

$$R' = -\frac{aS'}{bS} \rightarrow \frac{S'}{S} = -\frac{b}{a} R'$$

En introduisant la condition initiale sur  $S$  c'est-à-dire  $S(0) = s_0$  et après intégration, il vient

$$S = S_0 \exp\left(-\frac{b}{a} R\right)$$

On déduit donc la dérivée  $S'$  en écrivant

$$S' = -\frac{b}{a} S_0 \exp\left(-\frac{b}{a} R\right)$$

Cette dérivée a été précédemment introduite dans l'expression

$$R' = -\frac{a}{b} \frac{S'}{S} \rightarrow R'' = -\frac{a}{b} \left[ \frac{S''}{S} - \left( \frac{S'}{S} \right)^2 \right]$$

$$\frac{S''}{S} = -\frac{b}{a} R''$$

Résumons l'ensemble des calculs qui permettront de modifier l'équation différentielle précisée plus haut

$$\begin{cases} S' = -\frac{b}{a} S_0 \exp\left(-\frac{b}{a} R\right) \\ \frac{S'}{S} = -\frac{b}{a} R' \\ \frac{S''}{S} - \left(\frac{S'}{S}\right)^2 = -\frac{b}{a} R'' \end{cases}$$

Ces trois expressions une fois introduites dans l'équation différentielle à transformer aboutissent à l'équation différentielle du second ordre en  $R$  suivante

$$R'' = S_0 b R' \exp\left(-\frac{b}{a} R\right) - a R'$$

Cette équation différentielle est une autre représentation du modèle SIR.

### Résolution de l'équation différentielle en $R$

L'approche analytique de la solution analytique du modèle mathématique du système SIR fait l'objet de nombreuses investigations parmi la communauté scientifique. Le développement précédent a pour objectif la mise en place d'un modèle SIR équivalent à celui décrit par une équation différentielle de second ordre et mettant en jeu la fonction  $R(t)$ . Cette dernière est fortement non-linéaire et sa résolution est un autre challenge. Les différentes approches rapportées dans la littérature aboutissent dans leur ensemble en l'expression de la variable temps  $t$  en fonction de  $S(t)$ . Le langage de programmation mathématique Maple fournit la même expression à travers le mini-programme inséré ci-dessous. La solution graphique interprétable est la plus répandue dans les études épidémiologiques.

### XXIII - Analyse spectrale du modèle mathématique SIR

L'objectif dans le développement mathématique qui suit, est d'exprimer la fonction d'infection  $I(t)$  connaissant la fonction de susceptibilité  $S(t)$  par le biais de méthode spectrale donc via la transformation de Fourier ( $TF$ ). Nous adopterons les notations suivantes dans lesquelles la

```

>
> Eq:=diff(diff(x(t),t),t)-[a0*b*diff(x(t),t)*exp(-b/a*x(t))+a*diff(x(t),t);
>
> dsolve(Eq,x(t));

```

$$\ddot{x} := \left(\frac{\partial^2}{\partial t^2} x(t)\right) - a0 b \left(\frac{\partial}{\partial t} x(t)\right) e^{\left(-\frac{b x(t)}{a}\right)} + a \left(\frac{\partial}{\partial t} x(t)\right)$$

$$x = \int_0^{x(t)} \frac{1}{-a0 e^{\left(-\frac{b y}{a}\right)} a0 - a y' + _C1} dy - _C2$$

```

>

```

variable  $f$  désigne la fréquence.

$$\begin{cases} S_F(f) = TF[S(t)] \\ I_F(f) = TF[I(t)] \\ R_F(f) = TF[R(t)] \end{cases}$$

SIR Rappelons le système d'équations fondamental du modèle

$$\begin{cases} S'(t) = -\beta S(t)I(t) \\ I'(t) = \beta S(t)I(t) - \alpha I(t) \\ R(t) = \alpha I(t) \end{cases}$$

Nous exprimons le modèle SIR dans le domaine spectral ou fréquentiel après avoir rappelé la propriété de la transformation de Fourier liée à la dérivée d'une fonction, suivante

$$si F(f) = TF([f(t)] \rightarrow TF[f'(t)] = 2\pi j f F(f) \quad avec j^2 = -1$$

Le modèle SIR dans le domaine spectral prend la forme suivante

$$\begin{cases} 2\pi j f S_F(f) = -\beta S_F(f) * I_F(f) \\ 2\pi j f I_F(f) = \beta S_F(f) * I_F(f) - \alpha I_F(f) \\ R_F(f) = \alpha I_F(f) \end{cases} \quad * \text{ produit de convolution}$$

De la deuxième relation nous tirons

$$\beta S_F(f) * I_F(f) = 2\pi j f I_F(f) + \alpha I_F(f)$$

La première relation prend alors la forme suivante

$$2\pi j f S_F = -(2\pi j f + \alpha) I_F(f) \rightarrow I_F(f) = -\frac{2\pi j f}{\alpha + 2\pi j f} S_F(f)$$

Cette dernière expression n'est autre que la fonction d'infection  $I$  dans le domaine spectral et l'on remarque l'absence du paramètre  $\beta$

Par la Transformation de Fourier inverse ( $TF^{-1}$ ), il est possible de retrouver la fonction  $I(t)$  en écrivant

$$I(t) = -TF^{-1} \left[ \frac{2\pi jf}{\alpha + 2\pi jf} \right] * S(t) = -TF^{-1}(2\pi jf) * TF^{-1} \left( \frac{1}{\alpha + 2\pi jf} \right) * S(t)$$

Nous rappelons les résultats de mathématiques suivants

$$\begin{cases} TF^{-1}(2\pi jf) = \delta'(t) & \text{avec } \delta(t) \text{ fonction de Dirac} \\ TF^{-1} \left( \frac{1}{\alpha + 2\pi jf} \right) = \exp(-\alpha t) \end{cases}$$

Il découle alors l'expression suivante

$$I(t) = -\exp(-\alpha t) * \delta'(t) * S(t)$$

#### XXIV - Application du modèle SIR à la vaccination

La vaccination procède de la prévention d'une maladie. Elle protège non seulement l'individu vacciné mais plus largement la collectivité à laquelle il appartient à travers ce qui est appelé l'immunité de groupe (protection collective ou "immunité de troupeau"). L'opération de vaccination est une stratégie consistant à réduire le nombre de susceptibles en vaccinant par exemple une proportion  $p$  des nouveaux nés de la population. Dans le modèle SIR, cela revient à réduire le taux de natalité  $\mu$  à  $(1 - p)\mu$ . (Figure IV-30)

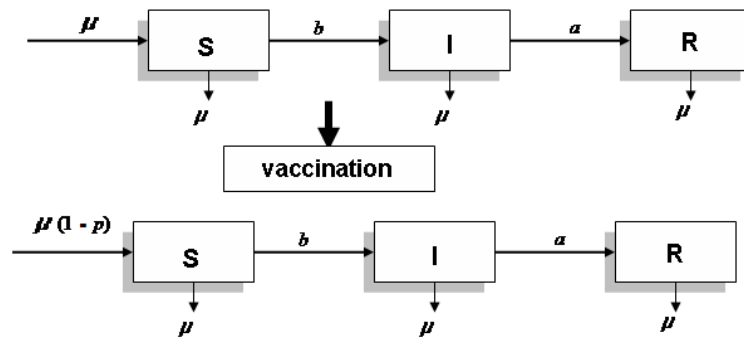


Figure IV-30 Diagramme d'un modèle SIR avec démographie avant et après vaccination

Nous rappelons le système d'équations différentielles du modèle SIR avec démographie dans lequel les taux de natalité et de mortalité sont égaux et notés  $\mu$

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \mu - (bI + \mu)S \\ \frac{dI}{dt} = bIS - (\mu + a)I \\ \frac{dR}{dt} = aI - \mu R \end{cases}$$

La troisième équation différentielle ne renferme pas la variable  $S$  et peut être occultée car elle découplée des deux premières. Ceci conduit à ne considérer que les deux premières équations lesquelles dans le cas de la vaccination de la population au taux  $p$  s'écrivent

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \mu(1 - p) - (bI + \mu)S \\ \frac{dI}{dt} = bIS - (\mu + a)I \end{cases}$$

Nous déterminons les points d'équilibre de ce système d'équations différentielles en résolvant le système suivant

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = 0 \leftrightarrow \mu(1 - p) - (bI + \mu)S = 0 \\ \frac{dI}{dt} = 0 \leftrightarrow bIS - (\mu + a)I = 0 \end{cases}$$

- i.e.  $I = 0$ . La Dans une situation d'absence d'épidémie première équation conduit à exprimer la variable  $S$  en écrivant

$$S = 1 - p$$

Le premier point d'équilibre est donc

$$(S_1^*, I_1^*) = (1 - p, 0)$$

Nous nous plaçons maintenant dans le cas du épidémie envahissante en posant  $I \neq 0$ . De la seconde équation nous tirons

$$S = \frac{\mu + a}{b}$$

On reporte cette expression de  $I$  qui prend la forme suivante

$$I = \frac{-\mu^2 - \mu a + \mu b - b\mu p}{b(\mu + a)}$$



Le second point d'équilibre est donc

$$(S_2^*, I_2^*) = \left( \frac{\mu + a}{b}, \frac{-\mu^2 - \mu a + \mu b - b\mu p}{b(\mu + a)} \right)$$

Pour qu'il y ait existence du point d'équilibre  $I_2^*$ , il est nécessaire de vérifier la condition

$$I_2^* > 0 \Leftrightarrow \frac{-\mu^2 - \mu a + \mu b - b\mu p}{b(\mu + a)} > 0$$

Comme les paramètres épidémiologiques sont par définition positifs, la condition ci-dessous est réduite à la fore suivante

$$-\mu^2 - \mu a + \mu b - b\mu p > 0 \Leftrightarrow \mu + a - b + bp > 0$$

Cette condition peut être reprise sous la forme

$$\frac{\mu + a}{b} > 1 - p$$

Rappelons l'expression du taux de reproduction de base  $R_0$  dans le modèle SIR avec démographie

$$R_0 = \frac{b}{\mu + a}$$

Par conséquent, la dernière condition posée devient

$$\frac{1}{R_0} > 1 - p$$

Cette condition est surtout connue en épidémiologie mathématique sous la forme suivante

$$p > 1 - \frac{1}{R_0}$$

Il est mis ainsi en évidence une valeur frontière  $\left(1 - \frac{1}{R_0}\right)$  appelée "seuil de vaccination". Si la couverture de vaccination  $p$  est supérieure à ce seuil, chaque malade contaminera en moyenne moins d'une personne. Les cas de contamination diminueront progressivement jusqu'à

l'extinction de l'épidémie. Si la couverture vaccinale est inférieure à ce seuil, la campagne de vaccination ne sera d'aucun effet et l'épidémie continuera à se propager.

Dans le cas du corona virus-19 on s'accorde à situer le taux de reproduction de base  $R_0$  comme suit  $2 \leq R_0 \leq 3$ . Si nous posons  $R_0 = 2.5$ , la couverture vaccinale doit être supérieure au seuil suivant

$$\text{couverture vaccinale} = 1 - \frac{1}{2.5} = 60 \%$$

On en déduit alors deux remarques

- L'éradication d'une épidémie par voie vaccinale n'exige pas la vaccination de toute la population
- Vacciner 60% de cette population suffirait à ralentir la progression de l'épidémie

## XXV- Confinement et effets de la détection dans une épidémie

### XXV-1 Effets du confinement

Le confinement a pour effet de limiter les contacts entre les individus susceptibles et les individus infectés. En termes mathématiques, le principe du confinement consiste à modifier le paramètre  $b$  du modèle SIR qui, plus il est faible, plus les contacts sont réduits et les contaminations régressent. La figure IV-31 affiche l'effet du confinement sur la courbe des individus infectés en utilisant quatre (4) paramètres liés au taux  $b$  de population confinée

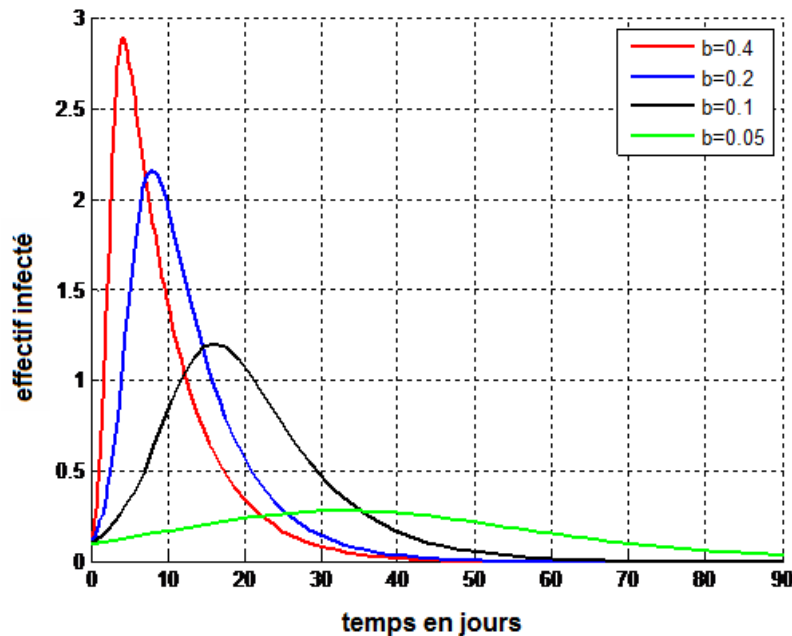


Figure IV-31 Effets du confinement sur la courbe des infections

### XXV-2 Effets sur la détection d'une épidémie

Au système d'équations différentielles du modèle SIR, nous retranchons à la seconde équation un terme dit de détection de la forme

$D(t) = -fI(t)$ . Le paramètre  $f$  est un terme d'écrivant "un taux" ou bien une performance de la détection. Notons que paramètre est tel que  $0 \leq f \leq 1$ . Le modèle SIR incluant la détection admet la détection est décrit par le système d'équation suivant

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -bIS \\ \frac{dI}{dt} = bIS - aI - fI \\ \frac{dR}{dt} = aI \end{cases}$$

La méthode de la détection expérimenté dans certaines régions du monde en proie à une épidémie est assez efficace pour réduire le nombre d'individus infectés". La simulation que nous présentons ci-dessous porte sur quatre niveaux de détection  $f_1 = 30\%$  ;  $f_2 = 50\%$  ;  $f_3 = 70\%$  et  $f_4 = 90\%$ . Le graphe révèle que plus le taux de détection est élevé plus le nombre d'individus infectés diminue. Le taux optimal est obtenu pour un taux de détection de 90 % avec un nombre d'individus est d'environ de 10 % de la population alors que pour un taux de 50 %, le nombre d'infectés représente 60 % de la population (figure IV-32)

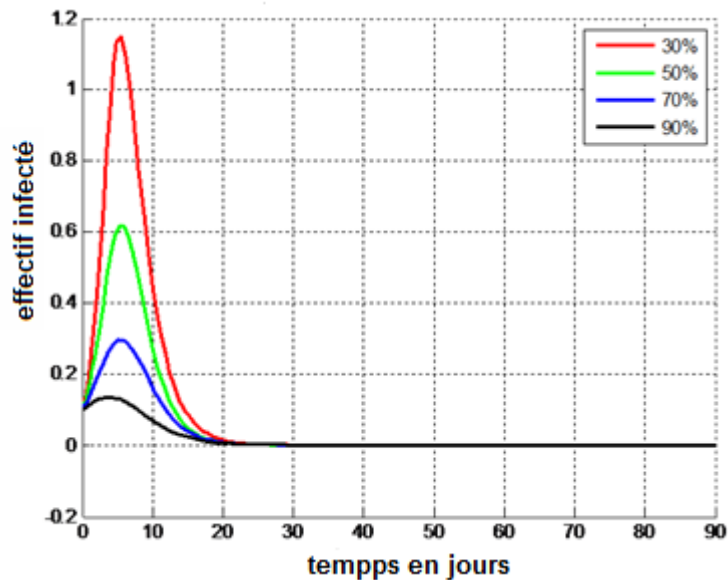


Figure IV-32 Effets de la détection d'une épidémie sur le nombre d'individus infectés



## CHAPITRE V

### VARIANTES DU MODELE SIR : SI- SIS -SEIR-SIRS

#### I- Quelques variantes du modèle SIR

De nombreuses versions du modèle SIR sont proposées en rapport l'objectif d'une meilleure compréhension du phénomène épidémiologique traduite par la proposition d'un modèle mathématique adéquat. Deux approches sont possibles: l'une consistant en une combinaison des compartiments  $S, I$  et  $R$ , l'autre par un ajout de compartiments supplémentaires. Cependant ces procédés doivent répondre à une logique épidémiologique avec la certitude d'un apport substantielle à la gestion sanitaire de la propagation d'une épidémie

#### II- Modèle SI (Susceptibles – Infectés)

Le modèle SI est un modèle épidémiologique rudimentaire sans impact connue dans la modélisation mathématique de la propagation d'une épidémie. Il se limite à une logique simple: l'unique évènement observable est l'infection d'un individu susceptible.

##### II-1 Formulation du modèle SI

Soient  $S(t)$  et  $I(t)$  les nombres en fonction de la variable temps  $t$  les nombres de susceptibles et d'infectés dans une population. Au même instant, la population totale est

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

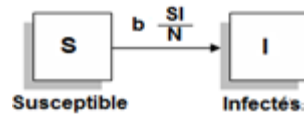
Les hypothèses accolées au modèle  $SI$  sont celles énoncées dans le modèle standard  $SIR$ . L'établissement d'une relation susceptibilité – infection n'est généralement pas aisé. Certains auteurs ont adopté la fonction dite d'incidence de masse notée  $f(S, I)$  telle que

$$f(S, I) = bSI \quad b: \text{taux d'infection}$$

En présence d'une large population; il est préférable de normaliser le second membre de l'expression  $f(S, I)$  en écrivant

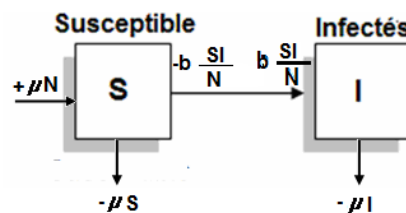
$$f(S, I) = b \frac{SI}{N}$$

Cette forme d'écriture signifie qu'un individu infecté ne peut contaminer qu'une proportion de susceptibles. Ceci donne le premier schéma du modèle suivant



Pour obtenir le système d'équations différentielles représentant mathématiquement le modèle  $SI$  nous raisonnons par rapport au flux d'individus entrant ou sortant de chaque compartiment  $S$  et  $I$  ;

- Suivant le compartiment susceptible  $S$ , on peut avoir trois types de flux
  - Un flux entrant pouvant représenter un "apport" externe d'individus par exemple, issus de la natalité, dans un rapport de proportionnalité  $\mu$ , par rapport à la population totale  $N$ . Ce flux entrant est donc  $+\mu N$ .
  - Concernant les flux sortants, ils sont de deux types
    - \* un flux sortant dû au décès dans un rapport de proportionnalité  $d$  par rapport à la population totale. On a gardé le même coefficient  $\mu$  dans le but de simplifier l'étude et d'assurer un modèle stable en termes de démographie. Ce premier flux sortant du compartiment  $S$  est de la forme  $-\mu S$
    - \* Le flux relatif aux contaminations quitte le compartiment  $S$  proportionnellement à la population susceptible  $S$  et à la population des infectés  $I$  avec un taux d'infection ou de contamination  $b$ . Ce flux est donc quantifié par le produit  $(-b \frac{IS}{N})$
- Le flux suivant le compartiment des infectés  $I$  se décompose comme suit
  - \* un flux traduisant la mortalité d'expression  $(-\mu I)$
  - \* Le flux rentrant dans le compartiment  $I$  est le même en valeur absolue que celui sortant du compartiment  $S$  c'est-à-dire avec une expression de la forme  $(+b \frac{IS}{N})$



Les variations par rapport au temps des populations dans les compartiments  $S$  et  $I$  sont données respectivement par les dérivées  $\frac{dS}{dt}$  et  $\frac{dI}{dt}$  telles que

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \mu N - \mu S - b \frac{IS}{N} \\ \frac{dI}{dt} = -\mu I + b \frac{IS}{N} \end{cases}$$

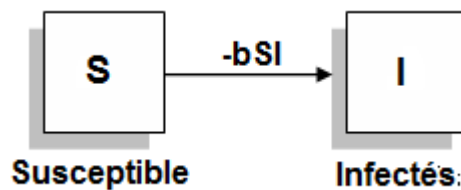
Souvent, en présence d'une population de forte taille ( $N$  assez grand), il est préférable d'effectuer les calculs par normalisation et remplacer  $\frac{S}{N}$  par  $S$  (ou  $s$ )

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \mu N - \mu S - bIS \\ \frac{dI}{dt} = -\mu I + bIS \end{cases}$$

## II-2 Traitement d'un modèle $SI$ sans démographie

Il s'agit donc d'un modèle  $SI$  isolé, sans natalité ni décès. Il suffit donc de poser  $\mu = 0$  dans le système d'équations précédent et écrire

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -bIS \\ \frac{dI}{dt} = bIS \end{cases}$$



Modèle SI

On se propose alors de déterminer analytiquement la fonction de susceptibilité  $S(t)$  et la fonction d'infection  $I(t)$  connaissant le nombre initial d'individus infectés  $I(0)$ .

Il a été précisé que le système d'équations précédent a été formulé suite à une normalisation à l'unité de la taille de la population, ce que nous traduisons par

$$S + I = 1 \rightarrow S = 1 - I$$

On introduit cette expression de la fonction  $S$  dans la seconde équation du système. Il vient alors

$$\frac{dI}{dt} = -bI^2 + bI \rightarrow \frac{dI}{I^2} = -b + \frac{b}{I} = b\left(\frac{1}{I} - 1\right)$$

On obtient donc une équation différentielle de premier ordre non-linéaire dite de Bernoulli en  $I(t)$  et dont la méthode de résolution passe par sa linéarisation. En effet, posons

$$U = \frac{1}{I} \rightarrow U' = -\frac{I'}{I^2} \leftrightarrow \frac{I'}{I^2} = -U'$$

Il est équivalent d'écrire aussi

$$\frac{dI}{I^2} = -U' dt$$

Par rapport à la fonction  $U$ , nous avons alors les deux relations suivantes

$$\begin{cases} \frac{dI}{I^2} = b\left(\frac{1}{I} - 1\right) = b(U - 1) \\ \frac{dI}{I^2} = -U' dt \end{cases}$$

Il découle alors l'équation différentielle de premier ordre, linéaire, à variables séparables, en  $U$  suivante

$$-U' = b(U - 1)$$

La résolution de cette équation conduit à écrire

$$U(t) = 1 + C \exp(-bt) \quad C: \text{constante}$$

Comme  $U = \frac{1}{I}$ , nous obtenons l'expression générale de la fonction infection  $I(t)$  en écrivant

$$I(t) = \frac{1}{1 + C \exp(-bt)}$$

La valeur de la constante  $C$  peut être obtenue en introduisant le nombre d'individus initialement infectés  $I(0)$ . En effet, pour  $t = 0$

$$I(0) = \frac{1}{1 + C} \rightarrow C = \frac{1}{I(0)} - 1 = \frac{1 - I(0)}{I(0)}$$



La fonction  $I(t)$  admet pour expression finale

$$I(t) = \frac{I(0)}{I(0) + [(1 - I(0))\exp(-bt)]}$$

La fonction de susceptibilité  $S(t)$  est calculable à partir de la relation  $S(t) = 1 - I(t)$  soit

$$S(t) = 1 - \frac{I(0)}{I(0) + \{(1 - I(0))\}\exp(-bt)}$$

Une simulation des fonctions  $S(t)$  et  $I(t)$  est donnée par la figure XXX en ayant posé  $I = 1$ ,  $N = 1000$  et  $b = 1/2000$ . R

Remarquons la parfaite symétrie des deux courbes car les variations des fonctions  $S(t)$  et  $I(t)$  ne diffèrent que d'un signe. Examinons quelques limites de ces fonctions quand  $t \rightarrow +\infty$

$$\begin{cases} \lim_{t \rightarrow +\infty} I(t) = 1 \\ \lim_{t \rightarrow +\infty} S(t) = 0 \end{cases}$$

La seconde limite sur  $S(t)$  est plus simple à interpréter car, au vu du modèle étudié (pas de natalité), pour un temps d'épidémie très long, toute la population aura été contaminée et son effectif deviendra nul. Pour la limite sur  $I(t)$ , rappelons seulement que  $N = 1$  représente la population (après normalisation) de la population totale. Donc pour une durée d'épidémie assez longue, toute la population aura été contaminée.

Le modèle SI dont une simulation est donnée par la figure V-1 présente une simplicité d'exécution et d'interprétation puisque ne comportant que deux courbes. Son intérêt en épidémiologie est de ce fait assez restreint.

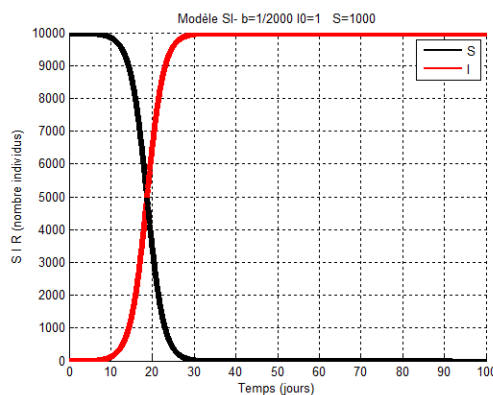


Figure V-1 Simulation d'un modèle Susceptibles-Infectés (SI)

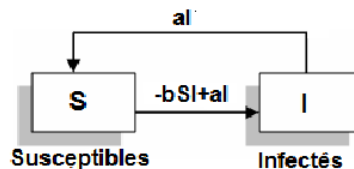
### III- Le modèle SIS (Susceptible-Infecté-Susceptible)

#### III-1 formulation du modèle

Nous voulons relativiser la supposée immunité permanente des individus qui séjournent dans le compartiment  $R$  avec l'affirmation qu'ils peuvent redevenir "contaminants".

On part du scénario que les individus remis (compartiment  $R$ ) réintègrent directement le compartiment des susceptibles  $S$ . Ils jouiront alors du statut de susceptibles c'est-à-dire qu'ils peuvent devenir à leur tour infectés ou infectieux. C'est en quelque sorte une "rechute" due à une absence d'immunité. Plus simplement, on dirait "vous tombez malade, vous récupérez mais vous ne bénéficiez pas d'immunité". Le cas le plus souvent cité est le rhum.

Le modèle ainsi obtenu est appelé "modèle SIS" schématisé comme suit



Modèle SIS

Le modèle SIS est décrit par le système d'équations différentielles suivant

$$\begin{cases} S'(t) = -bSI + al \\ I'(t) = bSI - al \end{cases}$$

L'hypothèse de conservation de l'effectif total  $N$  pendant l'épidémie mène à écrire

$$N = S + I \rightarrow S = N - I$$

Le système d'équations différentielles devient alors

$$\begin{cases} S'(t) = -bI(N - I) + al \\ I'(t) = bI(N - I) - al \end{cases}$$

On peut remarquer que  $S'(t) = -I'(t)$ . Il y a lieu donc de ne considérer que l'une des équations différentielles et ce sera dans notre cas celle correspondant à  $I'(t)$ . Nous reprenons la dérivée  $I'(t)$  sous la forme suivante

$$I'(t) = bNI - bI^2 - al = (bN - a)I - bI^2$$

dans laquelle nous procédons à la mise en facteur commune suivante

$$I'(t) = (bN - a)I \left(1 - \frac{b}{bN - a}I\right)$$

ou bien

$$I'(t) = (bN - a)I \left(1 - \frac{\frac{I}{b}}{\frac{bN - a}{b}}\right)$$

$$I'(t) = (bN - a)I \left(1 - \frac{I}{N - \frac{a}{b}}\right)$$

On pose

$$\begin{cases} r = bN - a \\ k = \frac{1}{N - \frac{a}{b}} \end{cases}$$

Il vient alors

$$I'(t) = rI \left(1 - \frac{I}{k}\right) = \frac{r}{k}I(k - I)$$

L'expression du second membre définit ce qu'il est communément appelé "fonction logistique" dont nous rappelons le principe ci-dessous

### III-2 Equation logistique

#### III-2-1 Mise en place de l'équation logistique

L'équation différentielle dite "équation logistique" est une équation différentielle de premier ordre qui peut modéliser l'évolution d'une population évoluant en milieu fermé. Si  $N(t)$  représente l'effectif évoluant en fonction du temps, l'équation logistique répond à, l'équation logistique répond à l'équation différentielle suivante

$$N'(t) = aN(t)[1 - bN(t)] \quad a > 0; \quad b > 0$$

Nous préconisons de résoudre l'équation logistique par le changement de variable qui consiste à poser

$$N(t) = \frac{1}{P(t)}$$

Comme  $N'(t) = -\frac{P'(t)}{P(t)}$ , le changement de variable abouti à l'équation différentielle à variables séparables suivante

$$P'(t) = -a[P(t) - b] \rightarrow \frac{P'(t)}{P(t) - b} = -a$$

Par intégration des deux membres i vient

$$P(t) - b = K \exp(-at) \quad K: \text{constante}$$

La fonction intermédiaire  $P(t)$  admet donc pour expression

$$P(t) = K \exp(-at) + b$$

Pour  $t = 0$ , la constante  $K$  admet pour valeur

$$K = P(0) - b = \frac{1}{N(0)} - b = \frac{1 - bN(0)}{N(0)}$$

La fonction logistique  $N(t)$  (figure V-2) admet pour expression générale

$$N(t) = \frac{1}{K \exp(-at) + b}$$

En remplaçant la constante par sa valeur, nous avons

$$N(t) = \frac{N(0)}{[1 - bN(0)] \exp(-at) + bN(0)}$$

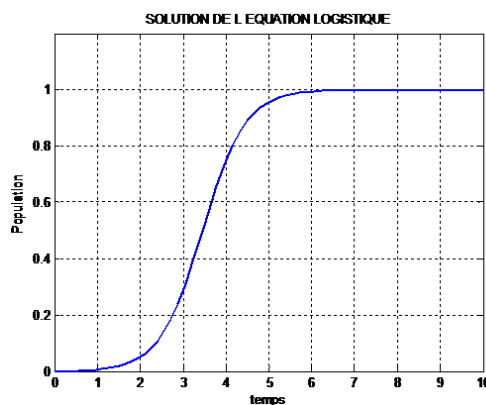


Figure V-2 La Fonction logistique

### III-2-2 Résolution de l'équation logistique en $I(t)$

. On résout l'équation différentielle qui représente l'équation logistique en écrivant

$$\int \frac{dI}{I(k-I)} = \frac{r}{k} \int dt + C \quad C: \text{une constante d'intégration}$$

On décompose la fraction  $\frac{1}{I(k-I)}$  en écrivant

$$\frac{1}{I(k-I)} = \frac{1}{kI} + \frac{1}{k(k-I)}$$

Il vient alors

$$\int \left( \frac{1}{I} + \frac{1}{k-I} \right) dI = rt + C$$

$$\log \frac{I}{k-I} = rt + C$$

$$\frac{I}{k-I} = \exp(rt) \exp C$$

En posant  $\exp C = C'$  on a

$$\frac{I}{k-I} = C' \exp(rt)$$

Il est alors aisé de trouver la fonction  $I(t)$

$$I(t) = \frac{kC' \exp(rt)}{1 + C' \exp(rt)}$$

La constante  $C'$  peut être obtenue en utilisant la condition initiale  $I(t=0) = I(0) = I_0$  d'où

$$I_0 = \frac{kC'}{1 + C'} \rightarrow C' = \frac{I_0}{k - I_0}$$

En posant

$$M = \frac{I_0}{k - I_0}$$

on obtient l'expression de la fonction  $I(t)$  sous la forme suivante

$$I(t) = \frac{kM \exp(rt)}{1 + M \exp(rt)} \quad \text{avec} \quad \begin{cases} k = \frac{b}{Nb - a} \\ r = Nb - a \\ M = \frac{I_0}{k - I_0} \end{cases}$$

Remarquons que

$$\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = k = \frac{b}{Nb - a}$$

La fonction  $S(t)$  est alors aisément calculable partant du fait que

$$S = N - I = N - \frac{kM \exp(rt)}{1 + M \exp(rt)}$$

Comme

$$r = Nb - a \rightarrow r = a \left( \frac{Nb}{a} - 1 \right) \quad \text{avec} \quad r > 0 \quad \text{et} \quad a > 0$$

La condition sur le paramètre de  $r$  implique que  $\frac{Nb}{a} - 1 > 0$ . On définit en épidémiologie le taux de reproduction noté  $R_0$  par

$$R_0 = \frac{Nb}{a}$$

Le taux de reproduction est une valeur "seuil" dont la valeur par rapport à l'unité (1) permet d'affirmer l'absence d'épidémie ( $R_0 < 1$ ) ou au contraire la présence d'une épidémie avérée ( $R_0 > 1$ ). Dans le cas ci-dessus, on peut écrire

$$I(t) = \frac{bM \exp(rt)}{(Nb - a)[1 + M \exp(rt)]} = \frac{bM \exp(rt)}{a \left( \frac{Nb}{a} - 1 \right) [1 + M \exp(rt)]}$$

Comme

$$\begin{cases} R_0 = \frac{Nb}{a} \\ \frac{b}{a} = \frac{R_0}{N} \end{cases}$$

il est alors possible d'exprimer la fonction  $I(t)$  en introduisant le taux de reproduction en écrivant

$$I(t) = \frac{R_0 M \exp(rt)}{N(R_0 - 1)[1 + M \exp(rt)]}$$

La fonction  $I(t)$  étant positive quelque soit la variable  $t$ , il est donc nécessaire de vérifier la condition

$$R_0 - 1 > 0 \rightarrow R_0 > 1 \quad \text{cas pandémique}$$

La **figure V-3** est une simulation d'un modèle SIS qui ne comporte que deux courbes: celle des Susceptibles et celle des infectés exprimées par rapport au temps.

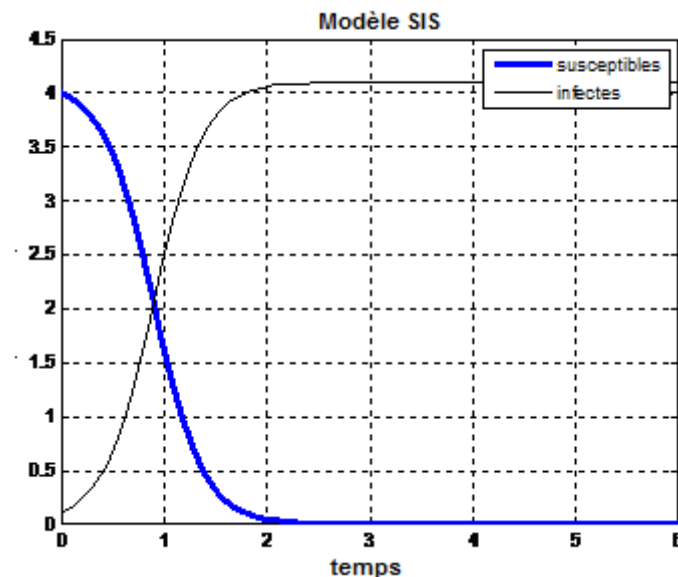


Figure V-3 Une simulation du modèle SIS

### III-3 Portrait de phase du modèle SIS

Le portrait de phase (trajectoires de phase) nécessite le calcul de la fonction  $I(t)$  en fonction de  $S(t)$  ou simplement ( $S$ ), le temps  $t$  étant implicite. La somme membre à membre des deux équations formant le modèle SIS amène à écrire

$$\frac{dI}{dt} + \frac{dS}{dt} = 0 \leftrightarrow \frac{d(I + S)}{dt} = 0$$

$$(I + S) = \text{constante} = N \quad (\text{population totale})$$

De cette expression nous déduisons l'équation des trajectoires de phase  $I(S)$  en écrivant

$$I(S) = -S + N$$

Le portrait de phase est donc représenté par une droite de pente  $(-1)$  et d'intercept  $N$  (figure V-4)

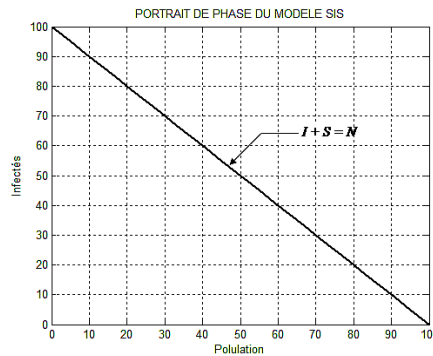


Figure V-4 Portrait de phase d'un modèle SIS

### III-4 Points d'équilibre du modèle SIS

La situation d'équilibre se traduit par une absence de variation des fonctions  $I(t)$  et  $I(S)$ . Les points d'équilibre sont obtenus en résolvant le système d'équation

$$\begin{cases} S' = 0 \\ I' = 0 \end{cases} \leftrightarrow \begin{cases} -bSI + aI = 0 \\ bSI - aI = 0 \end{cases}$$

Il s'agit en fait d'une seule et même équation

$$-bSI + aI = 0 \leftrightarrow (-bS + a)I = 0$$

Une solution triviale  $I = 0$ . Comme  $S + I = N$  donc  $S = N$ . Le point

$$(S_1^*, I_1^*) = (N, 0)$$

est donc un premier point d'équilibre ce qui est logique car pour  $I = 0$  il y a absence d'épidémie.

Un autre cas consiste à supposer  $I \neq 0$ . La seconde équation du système ci-dessus amène à écrire

$$bSI - aI = 0 \leftrightarrow (bS - a)I = 0$$



Compte tenu de la supposition posée, il vient alors à poser

$$bS - a = 0 \leftrightarrow S = \frac{a}{b}$$

Le second point d'équilibre est alors

$$(S_2^*, I_2^*) = \left(\frac{a}{b}, I\right)$$

Comme  $I = N - S$ , le second point d'équilibre est donc tel que

$$(S_2^*, I_2^*) = \left(\frac{a}{b}, N - \frac{a}{b}\right)$$

En résumé, les points d'équilibre du modèle SIS (figure V-5) sont

$$\begin{cases} (S_1^*, I_1^*) = (N, 0) \\ (S_2^*, I_2^*) = \left(\frac{a}{b}, N - \frac{a}{b}\right) \end{cases}$$

Le second point d'équilibre est logiquement acceptable si

$$N - \frac{a}{b} > 0 \rightarrow \frac{a}{b} < N$$

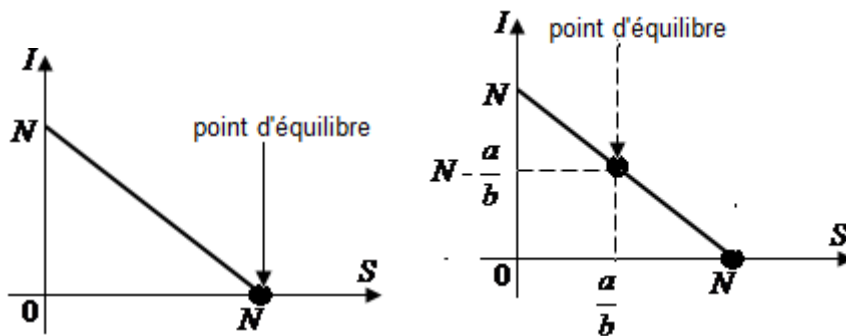


Figure V-5 Points d'équilibre dans un modèle SIS

- Stabilité des points d'équilibre

- Si le rapport  $\frac{a}{b}$  est supérieur à  $N$ , le taux de rétablissement  $a$  est alors élevé donc les individus infectés rejoignent le compartiment des susceptibles.

- Si le rapport  $\frac{a}{b}$  est inférieur à  $N$ , le taux d'infection est alors élevé et l'infection se stabilise en une infection endémique.

## IV- Modèle Susceptible-Exposé-Infectieux- Rétablis (SEIR)

### IV-1 Complexifier le modèle SIR

A travers la conception des modèles dédiés au phénomène épidémiologique, il est surtout recherché une description plus précise de la population. Le modèle SIR en dépit de sa simplicité a tout de même ouvert la voie à la perfection non seulement du modèle mais aussi des modèles plus représentatifs du contexte épidémique. Cela passe dans un premier temps, par l'ajout de compartiments supplémentaires en adéquation avec la dynamique de l'épidémie. Il s'agit donc, en quelque sorte, d'une complexification du modèle SIR. Il y a cependant trois compartiments qui s'imposent dans tous les modèles: le e compartiment de la population susceptible  $S$ , le compartiment de la population infectée ou infectieuse  $I$  et le compartiment de la population rétablie (removed)  $R$ . La complexification vient d'abord d'une insertion objective de nouveaux compartiments puis des combinaisons dans les connexions que l'on pourrait effectuer entre les compartiments. La finalité sera une description plus précise de la population au regard de ses caractéristiques propres d'infection et de guérison. Cela pourrait être aussi un mécanisme de gestion sanitaire et prévention

### IV-2 Conception du modèle SEIR

Nombre de maladies connaissent une phase latente au cours de laquelle un individu infecté peut ne pas avoir encore le statut d'infectieux. Cette phase située entre la susceptibilité de contracter la maladie et l'infection avérée est matérialisée par un compartiment intermédiaire "Exposé" (E) inséré entre les compartiments  $S$  et  $I$  (figure V-5).

#### IV-2-1 Un modèle SEIR simplifié

Comme dans le cas dans le modèle SIR, nous avons la définition des paramètres suivants (figure V-6)

- $\beta$  représente le taux (ou probabilité) de transmission de la maladie via un contact susceptibles-Infectés.
- $\sigma$  est le taux d'incubation ou de latence qui traduit le passage d'un individu du stade d'exposé au stade d'infecté. Notons que l'inverse  $1/\sigma$  est un temps qui définit la période de latence ou d'incubation
- $\gamma$  est le taux de guérison ou de décès et l'inverse  $D = 1/\gamma$  définit la durée moyenne d'infection

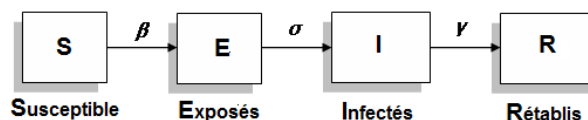


Figure V-6 Configuration d'un modèle SEIR

### IV-2-2 Modèle mathématique SEIR sans dimension démographique

Dans ce schéma, la dimension démographique est exclue, en d'autres termes ne sont enregistrés ni natalité ni décès. Le système d'équations différentielles qui régit le modèle SIER peut être obtenu un raisonnement sur le mouvement des individus entre les différents compartiments. Il admet la forme suivante

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta SI \\ \frac{dE}{dt} = \beta SI - \sigma E \\ \frac{dI}{dt} = \sigma E - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I \end{cases}$$

Remarquons que si nous effectuons la somme

$$\frac{dS}{dt} + \frac{dE}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dR}{dt} = 0 \rightarrow S + E + I + R = \text{constante} = N$$

La **figure V-7** est une illustration les variations des courbes "Exposés"  $E(t)$  et "Infectés"  $I(t)$  (cas sans démographie) correspondant aux paramètres (fixés à titre d'exemple) suivants

$$\begin{cases} \beta = 0.164 \\ \sigma = 0.0714 \\ \mu = 0 \\ \gamma = 0.149 \end{cases} \quad \begin{cases} S(0) = 0.8 \\ E(0) = 0.005 \\ I(0) = 0.008 \\ \text{Temps} = 90 \text{ jours} \end{cases}$$

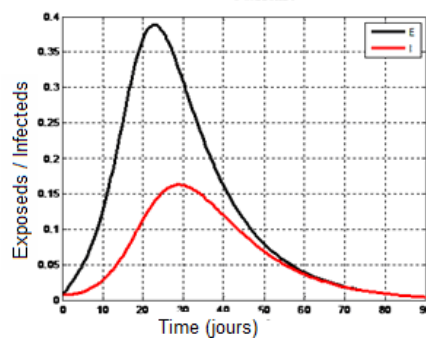


Figure V-7 Variations des courbes  $E(t)$  et  $I(t)$

### IV-2-3 Simulations de modèles SEIR sans démographie

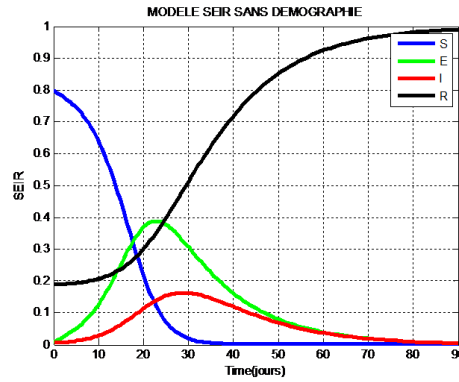


Figure V-8 Modèle SEIR correspondant aux paramètres précédents

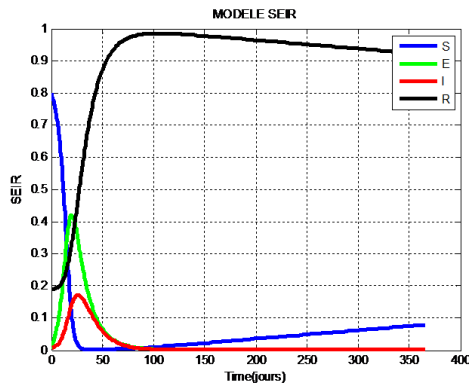


Figure V-9 Modèle SEIR sans démographie

### IV-2-4 Modèle SEIR avec démographie

Les paramètres de simulation précédents sont repris dans les courbes SEIR mais en y incluant un taux de natalité: mortalité non nul unique noté  $\mu$

$$\left\{ \begin{array}{l} \beta = 0.164 \\ \sigma = 0.0714 \\ \mu = \mathbf{0.0027} \\ \gamma = 0.149 \end{array} \right. \quad \left\{ \begin{array}{l} S(0) = 0.8 \\ E(0) = 0.005 \\ I(0) = 0.008 \\ \text{Temps} = 36590 \text{ jours} \end{array} \right.$$

• **Courbes  $E, I$**

Le compartiment  $E$  des individus les plus vulnérables à contacter l'agent pathogène d'une épidémie, est situé juste en amont du compartiment  $I$  des individus infectés par cet agent. On assiste donc à une transition de cas asymptomatiques vers des cas véritablement symptomatiques. Les courbes  $E(t)$  et  $I(t)$  doivent fournir une certaine corrélation comme il peut être remarqué sur la figure V-10 où elles évoluent, à une échelle près, avec la même monotonie pratiquement sur toute la période d'observation

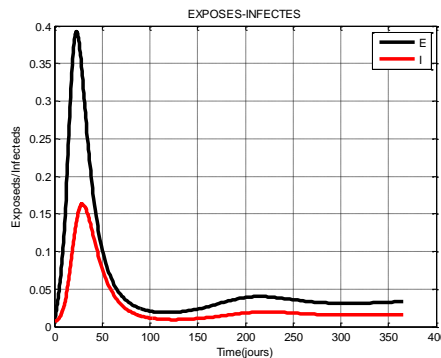


Figure V-10 Evolution des courbes  $E(t)$  et  $I(t)$

Observons les fluctuations des courbes  $R$  et  $I$  vers les temps élevés c'est-à-dire vers la fin de l'épidémie où l'on devrait voir une nette atténuation de la courbe des infectés. Ceci est dû à la régénération démographique d'abord de la population susceptible  $S$  donc par voie de conséquence de la population  $R$  avec plus de risques d'infection d'où l'allure de la courbe  $I$ . La figure V-10 est une simulation d'un modèle SEIR avec démographie. La représentation est accompagnée des quatre courbes  $S, E, I, R$

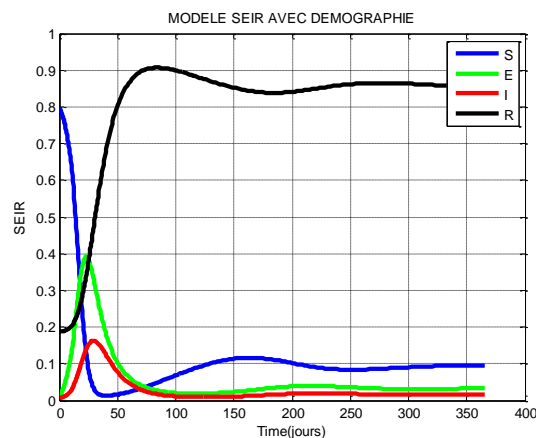
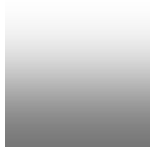


Figure V-11 courbes  $SEIR$  avec démographie





## CHAPITRE VI

### Modèles spatio-temporels de propagation d'une épidémie

#### I- Propagation spatiale (géographique) d'une épidémie

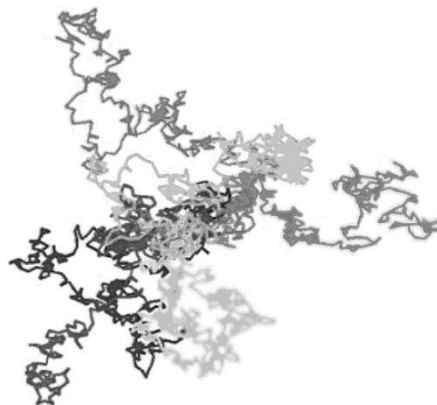
##### I-1 Introduction

La propagation spatiale ou géographique d'une maladie infectieuse est vaguement comprise comparée aux modèles temporels déterministes de propagation et de contrôle d'une épidémie. L'absence de modèle réaliste prenant en considération l'aspect géo-temporel du développement des épidémies et autres maladies infectieuses, se pose avec acuité dans les études épidémiologique. La question qui se pose est la suivante: comment inclure et quantifier les effets spatiaux de propagation?

##### I-2 Le phénomène de diffusion

La diffusion désigne l'action qu'un agent expansif à se répandre à travers un milieu favorable et atteindre un état ou une répartition uniforme. Le phénomène de diffusion se retrouve dans plusieurs domaines allant de la chimie, les télécommunications, les sciences de l'information, les sciences de la matière aux sciences biologiques et épidémiologiques. Dans la Nature, la diffusion renvoie à la tendance vers l'étalement spatial de particules, atomes ou molécules grâce à une excitation énergétique. Les épidémies sont caractérisées par leur diffusion très étendue du point de vue géographique et atteindre plusieurs continents.

La diffusion est basée sur le processus de mouvement aléatoire donc à forte connotation probabiliste. Elle se situe à des échelles spatiales et/ou temporelles variables pouvant aller du niveau macroscopique vers des échelles nettement plus importantes (figure VI-1).



La diffusion: un phénomène aléatoire

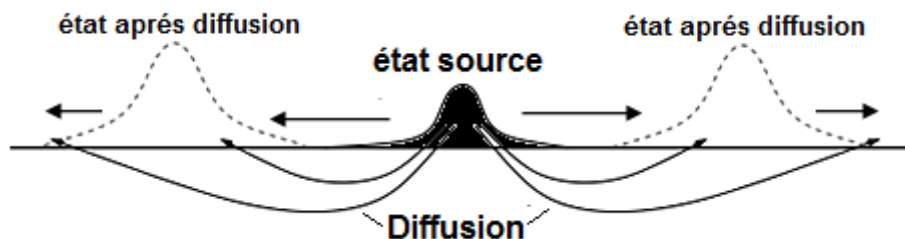


Figure VI-1 Représentation schématique d'un phénomène de diffusion

Dans le cas de la propagation d'épidémies, deux facteurs importants décrivent le phénomène de diffusion d'une maladie: la territorialité ou milieu de diffusion impliquant la géométrie et la dimension de ce dernier (notions que l'on retrouve aussi dans la résolution des équations de diffusion) et le mode de diffusion fondamental dans la propagation des maladies. Les illustrations ci-dessous en donnent un aperçu Figure VI-2).

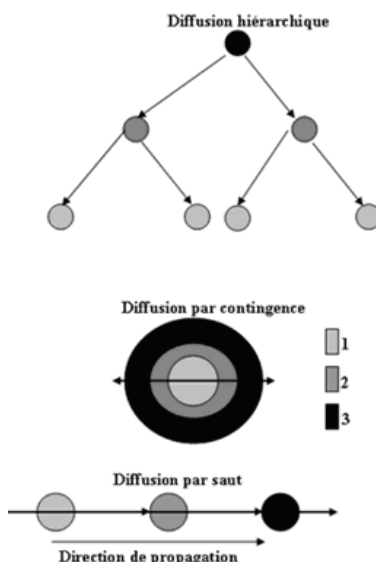


Figure VI-2 Quelques modes de diffusion

## II- Modèles spatiaux avec diffusion

### II-1 Principe

Il a été précisé ci-dessus que le phénomène de diffusion est d'essence probabiliste. Les équations de réaction diffusion sont l'un des outils mathématiques les plus importants pour modéliser les mouvements spatiaux. Ces peuvent être continus dans l'espace et dans le temps Ils sont représentés par des équations aux dérivées partielles de second ordre. Les équations de réaction-diffusion permettent une meilleure modélisation de la propagation spatiale découlant d'un processus de diffusion. Ce type d'équation se compose de deux parties: - une composante de **diffusion** représentée par la dérivée seconde de la fonction (ou des fonctions) inconnues (s) et une partie de **réaction**.



## II-2 Phénomène migratoire et métapopulation

Outre les situations épidémiologiques inévitables de population susceptible et de population infectée, les modèles de propagation spatio-temporels sont régis par deux composantes : une composante de diffusion qui incarne la dynamique spatiale, une composante de diffusion liée à la nature de la migration d'un point à un autre. Ce concept est basé sur la notion de métapopulation. En effet, une population donnée est subdivisée socialement en un certain nombre de sous-ensembles ou sous-populations appelés "patches". A une échelle réduite, un patch répond au principe de compartimentation réparti entre "Susceptibles", "Infectés" et "Rétablis". Cependant dans le cas patches, la structure devient à plusieurs compartiments (figure VI-3).

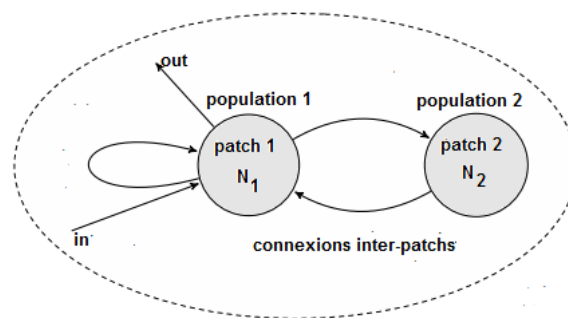
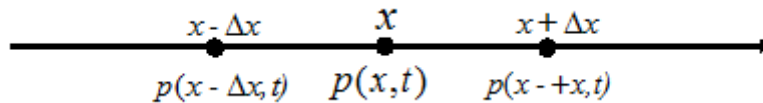


Figure VI-3 Un type d'organisation en métapopulation

## III- Mise en place de l'équation de réaction-diffusion

La littérature offre différentes approches dans la mise en place de l'équation de réaction-diffusion. Il est développé ci-dessous une approche discrète assez simple appliquée sur un mouvement de direction unidimensionnelle illustré par le schéma suivant relativement à la variable  $x$  munie d'un pas de discrétisation  $\Delta x$  et à la variable temps  $t$  munie d'un pas de discrétisation temporel  $\Delta t$ . La figure suivante en explique le principe;



Sur l'axe de la trajectoire de mouvement, on fixe trois positions de l'agent mobile respectivement aux points  $x$ ,  $x - \Delta x$  et  $x + \Delta x$ . Nous définissons les probabilités suivantes :

- $p(x, t)$  : probabilité qu'un individu soit présent à la position  $x$  au temps  $t$
- $p(x, t + \Delta t)$  : probabilité qu'un individu soit présent à la position  $x$  au temps  $t + \Delta t$
- $p(x - \Delta x, t)$  : probabilité qu'un individu soit présent à la position  $x - \Delta x$  au temps  $t$
- $p(x + \Delta x, t)$  : probabilité qu'un individu soit présent à la position  $x + \Delta x$  au temps  $t$

La probabilité  $p(x, t + \Delta t)$  peut être définie comme la somme des probabilités des probabilités d'être présent à la position  $x - \Delta x$  à l'instant  $t$ , puis de se déplacer vers la droite avec une probabilité  $\alpha$  ou d'être à la position  $x + \Delta x$  et de déplacer vers la gauche avec la probabilité

$1 - \alpha$ . Ces considérations sont alors formulées

$$p(x, t + \Delta t) = \alpha p(x - \Delta x, t) + (1 - \alpha)p(x + \Delta x, t)$$

Revenir aux conditions  $(x, t)$  consistera alors à faire tendre  $\Delta x \rightarrow 0$  et  $\Delta t \rightarrow 0$ . Dans l'expression ci-dessous, nous retranchons  $p(x, t)$  auquel cas on écrit

$$\begin{aligned} P(x, t + \Delta t) - p(x, t) &= \\ &= [p(x + \Delta x, t) - 2p(x, t) + p(x - \Delta x, t)] + [p(x, t) - p(x - \Delta x, t)] \\ &\quad - \alpha[p(x + \Delta x, t) - p(x - \Delta x, t)] \end{aligned}$$

Après multiplication des deux membres par le facteur  $1/\Delta t$ , reprenons l'expression ci-dessus sous la forme suivante

$$\begin{aligned} &\frac{p(x, t + \Delta t) - p(x, t)}{\Delta t} \\ &= \frac{1}{\Delta t} \frac{(\Delta x)^2}{2} \frac{p\left(x + 2\frac{\Delta x}{2}\right) - 2p(x, t) + p\left(x - 2\frac{\Delta x}{2}\right)}{2\left(\frac{\Delta x}{2}\right)^2} \\ &\quad + \frac{\Delta x}{\Delta t} \frac{p(x, t) - p(x - \Delta x, t)}{\Delta x} - 2\alpha \frac{\Delta x}{\Delta t} \frac{p(x + \Delta x, t) - p(x - \Delta x, t)}{2\Delta x} \end{aligned}$$

Rappelons les formules suivantes dans l'approximation des dérivées

- Dérivée première

Le calcul des la dérivée première r et seconde reposera sur le principe de l'approximation du calcul des dérivées tel que développé dans le schéma aux différences. On obtient ainsi les approximations suivantes

$$\left\{ \begin{array}{l} f'(x) \approx \frac{f(x + \Delta x) - f(x)}{\Delta x} \\ f'(x) \approx \frac{f(x) - f(x - \Delta x)}{\Delta x} \\ f'(x) \approx \frac{f(x + \Delta x) - f(x - \Delta x)}{2\Delta x} \end{array} \right.$$

- Dérivée seconde

$$f''(x) \approx \frac{f(x + 2\Delta x) - 2f(x) + f(x - 2\Delta x)}{(\Delta x)^2}$$

Pour revenir à la position  $x$  et au temps  $t$ , il suffit alors de faire tendre  $\Delta t \rightarrow 0$  et  $\Delta x \rightarrow 0$  et appliquer les formules d'équivalence des dérivées données ci-dessus. Il découle alors l'expression suivante

$$\frac{\partial p}{\partial t} = \frac{(\Delta x)^2}{2\Delta t} \frac{\partial^2 p}{\partial x^2} + \frac{\Delta x}{\Delta t} \frac{\partial p}{\partial x} - 2\alpha \frac{\Delta x}{\Delta t} \frac{\partial p}{\partial x}$$

Cette expression peut être reprise sous forme suivante

$$\frac{\partial p}{\partial t} = \frac{(\Delta x)^2}{2\Delta t} \frac{\partial^2 p}{\partial x^2} + \left(\frac{\Delta x}{\Delta t}\right) (1 - 2\alpha) \frac{\partial p}{\partial x}$$

On pose

$$\begin{cases} D = \frac{(\Delta x)^2}{2\Delta t} \\ \mu = \frac{\Delta x}{\Delta t} (1 - 2\alpha) \end{cases}$$

Nous obtenons alors l'équation différentielle de réaction-diffusion exprimée comme suit

$$\frac{\partial p}{\partial t} = D \frac{\partial^2 p}{\partial x^2} + \mu \frac{\partial p}{\partial x}$$

:

$$\frac{\partial p}{\partial t} = D \frac{\partial^2 p}{\partial x^2}$$

L'équation différentielle de diffusion à elle seule ne peut rendre compte du phénomène de propagation d'une épidémie car elle ne prend pas compte toutes les données épidémiologiques. Il faut incorporer à cette équation variation de la taille de la population représentée par les individus susceptibles et les individus infectés. C'est l'ensemble de ces dernières données qui est désigné sous le nom de "réaction".

#### IV- Modèle spatio-temporel Susceptibles –Infectés (modèle SI)

En principe toutes les variantes du modèle SIR peuvent être complétées. Le coefficient de diffusion noté ici  $D$  est supposé identique pour la population des susceptibles et la population des infectés (figure VI-4).

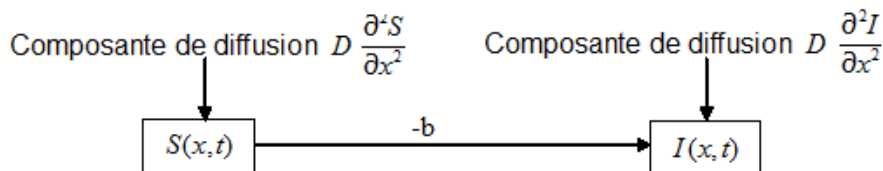


Figure VI-4 Le modèle spatio-temporel SI

Nous notons  $D_1$  et  $D_2$  les coefficients de diffusion relatifs aux fonctions  $S$  et  $I$  respectivement. Nous pouvons dès lors formulé le modèle mathématique spatio-temporel  $SI$  qui prend la forme suivante

$$\begin{cases} \frac{\partial S}{\partial t}(x, t) = -bSI + D_1 \frac{\partial^2 S}{\partial x^2} \\ \frac{\partial I}{\partial t}(x, t) = bSI + D_2 \frac{\partial^2 I}{\partial x^2} \end{cases}$$

Le paramètre  $b$  désigne le taux de contamination; il est supposé indépendant de la variable  $x$ . On note  $N(x, t)$  la taille de la population locale qui vérifie à tout instant et en toute position la relation

$$N(x, t) = S(x, t) + I(x, t)$$

## V- Résolution du modèle spatio-temporel SI

### V-1 Introduction

La résolution du système d'équations différentielles nécessite au moins la connaissance de deux données

- Au plan mathématique, si du premier abord on exclut la possibilité de trouver une solution analytique en optant soit pour une méthode spectrale comme le développement en séries de Fourier soit pour une approche numérique comme la méthode des différences finies. Cela passe par la donnée de deux types de conditions: les s initiales les conditions initiales du problème et les conditions aux frontières du domaine sur le quel seront formulées les solutions
- Au plan épidémiologique, les conditions qui seront fixées précédemment doivent correspondre à des situations épidémiologiques concrètes et logiques

### V-2 Conditions initiales et conditions aux limites du modèle SI

#### V-2-1 conditions aux limites

Au plan mathématique, nous distinguons généralement deux types de conditions

- Les conditions initiales qui spécifient une situation spatiale considérée à l'instant  $t = 0$
- Les conditions aux limites qui spécifient la valeur des fonctions inconnues de domaine spatial considéré. Ces conditions dépendent du problème à résoudre.

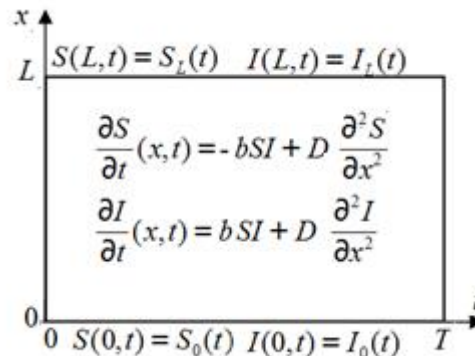
■ Si le domaine est infini, par exemple sur tout l'axe  $x$ , les valeurs des fonctions inconnues à  $x = \pm\infty$  doivent être spécifiées en particulier pour le modèle  $SI$  pour lequel on a

$$\begin{cases} \lim_{x \rightarrow \pm\infty} S(x, t) = 0 \\ \lim_{x \rightarrow \pm\infty} I(x, t) = 0 \end{cases}$$

■ Si le domaine spatial est défini dans l'intervalle  $[0, L]$ , les conditions suivantes sont souvent appliquées

### V-2-2 Conditions aux limites de Dirichlet

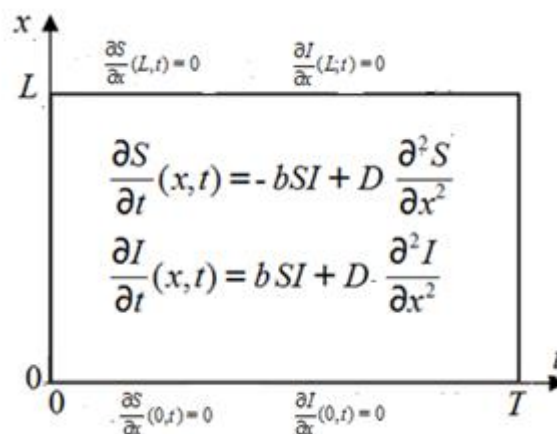
Dans le cas des conditions aux limites de Dirichlet, les fonctions inconnues sont caractérisées en leur attribuant des valeurs données sur les frontières du domaine choisi pour résoudre le système d'équations. Ceci est illustré par la figure suivante



Pour les conditions aux limites Neumann, il est pris en considération le flux à travers les frontières du domaine considéré. Plus précisément, les conditions aux limites de Neumann ne sont autres que les valeurs des dérivées des fonctions  $S(t)$  et  $I(t)$  sur cette frontière :

$$\left\{ \begin{array}{ll} \frac{\partial S}{\partial x}(0, t) = 0 & \frac{\partial S}{\partial x}(L, t) = 0 \\ \frac{\partial I}{\partial x}(0, T) = 0 & \frac{\partial I}{\partial x}(L, T) = 0 \end{array} \right.$$

La figure suivante illustre les conditions de Neumann sur le domaine d'étude dans le cas du modèle  $SI$



### V-2-3 Conditions aux limites de Neumann pour la population

En notant  $N(x, t)$  la distribution spatio-temporelle de la population globale, cette dernière vérifie l'équation de diffusion avec le même coefficient de diffusion  $D$  accompagnée de conditions aux limites de Neumann. Le schéma différentiel est le suivant

$$\begin{cases} \frac{\partial N}{\partial t}(x, t) = D \frac{\partial^2 N}{\partial x^2}(x, t) \\ \frac{\partial N}{\partial x}(0, t) = \frac{\partial N}{\partial x}(L, t) = 0 \end{cases}$$

### VI- Méthode spectrale de résolution du modèle spatio-temporel SI- ondes progressives

Partant du fait qu'il y a conservation de la population globale, on écrit

$$N(x, t) = S(x, t) + I(x, t) \rightarrow S(x, t) = N(x, t) - I(x, t)$$

La seconde équation différentielle en  $I(t)$  du modèle spatio-temporelle  $SI$  devient

$$\frac{\partial I}{\partial t}(x, t) = b[N(x, t) - I(x, t)]I(x, t) + D \frac{\partial^2 I}{\partial x^2}(x, t)$$

$$\text{avec: } \frac{\partial I}{\partial x}(0, t) = \frac{\partial I}{\partial x}(L, t) = 0$$

En négligeant le terme  $I^2(x, t)$ , l'équation différentielle précédente prend la forme suivante

$$\begin{cases} \frac{\partial I}{\partial t}(x, t) = bN(x, t)I(x, t) + D \frac{\partial^2 I}{\partial x^2}(x, t) \\ \frac{\partial I}{\partial x}(0, t) = \frac{\partial I}{\partial x}(L, t) = 0 \end{cases}$$

Pour une simplicité d'écriture, posons  $I(x, t) = y(x, t)$ . Il vient alors à écrire

$$\begin{cases} \frac{\partial y}{\partial t}(x, t) = bN(x, t)y(x, t) + D \frac{\partial^2 y}{\partial x^2}(x, t) \\ \frac{\partial y}{\partial x}(0, t) = \frac{\partial y}{\partial x}(L, t) = 0 \end{cases}$$

La méthode spectrale préconisée est celle d'un développement en séries de Fourier à travers l'approche dite de variables séparables. En effet posons dans l'équation différentielle précédente

$$y(x, t) = X(x)T(t)$$

On exprime alors les dérivées partielles  $\frac{\partial I}{\partial t}(x, t)$  et  $\frac{\partial^2 I}{\partial x^2}(x, t)$  comme suit

$$\begin{cases} \frac{\partial y}{\partial t}(x, t) = X(x)T'(t) \\ \frac{\partial^2 y}{\partial x^2}(x, t) = T(t)X''(x) \end{cases}$$

On reprend alors l'équation différentielle du modèle SI précédente en écrivant

$$X(x)T'(t) = bNX(x)T(t) + DX''(x)T(t)$$

ou bien

$$\frac{T'(t)}{DT(t)} - \frac{bN}{D} = \frac{X''(x)}{X(x)}$$

Cette expression pose un problème en termes d'homogénéité des variables. En effet, le membre de gauche est fonction de la variable  $t$  alors que celui de droite dépend de la variable  $x$ . Ceci n'est possible que si les deux membres sont identiquement égaux à une même constante que nous notons  $-k$ . Il vient alors les deux équations suivantes

$$\begin{cases} \frac{T'(t)}{DT(t)} - bN = -k & \rightarrow \frac{T'(t)}{T(t)} = D(bN - k) \\ \frac{X''(x)}{X(x)} = -k & \rightarrow X''(x) + kX(x) = 0 \end{cases}$$

■ Résolution de l'équation  $\frac{T'(t)}{T(t)} = D(bN - k)$

La résolution de la première fournit

$$T(t) = A \exp[D(bN - k)t] \quad A: \text{constante}$$

La constante  $A$  n'est autre que  $T(0)$ , l'expression précédente peut être reprise sous forme suivante

$$T(t) = T(0) \exp[-(kD - bN)t]$$

Si nous introduisons une séquence de solution indexées par l'entier  $n$ , on applique les correspondances suivantes

$$\begin{cases} k & \rightarrow k_n \\ T(0) & \rightarrow T_{0n} \\ T(t) & \rightarrow T_n(t) \end{cases}$$

La séquence de solutions est alors la suivante

$$T_n(t) = T_{0n} \exp[-(k_n D - bN)t]$$

■ Résolution de l'équation  $X''(x) + kX(x) = 0$  avec  $X'(0) = X''(l) = 0$

Pour  $k > 0$ , les racines de l'équation caractéristique sont  $\pm j\sqrt{k}$ . La partie réelle est donc nulle. La solution générale de l'équation différentielle homogène est donc

$$X(x) = P \cos\sqrt{k}x + Q \sin\sqrt{k}x$$

Comme

$$X'(x) = -P\sqrt{k}\sin\sqrt{k}x + Q\sqrt{k}\cos\sqrt{k}x$$

La condition  $X'(0) = 0$  implique que  $Q = 0$  et la solution particulière de l'équation différentielle qui peut être retenue est

$$X(x) = P\cos\sqrt{k}x$$

La condition initiale  $X'(L) = 0$  implique que  $\sin\sqrt{k}L = 0$  c'est-à-dire  $\sqrt{k}l = n\pi$  ou bien

$$k = \left(\frac{n\pi}{L}\right)^2 \quad n = 0,1,2, \dots$$

Par les variations du facteur  $k$ , on peut définir la séquence  $k_n = \left(\frac{n\pi}{L}\right)^2$  et la constante  $P$  se transforme en  $P_n$ . Une solution particulière du modèle spatio-temporel  $SI$  est de la forme

$$I(x, t) = T(t) \rightarrow I_n(x, t) = T_{0n}\exp[-(k_n D - bN)t]P_n \cos\sqrt{k_n}x$$

En posant  $R_n = T_{0n}P_n$ , il vient

$$I_n(x, t) = R_n \exp[-(k_n D - bN)t] \cos\sqrt{k_n}x$$

Le facteur multiplicatif  $R_n$  peut être calculé à partir de la condition initiales; La sommation sur toutes les solutions permet de trouver la fonction des infectés  $I(x, t)$  et d'écrire

$$I(x, t) = \sum_{n=0}^{+\infty} I_n(x, t) \leftrightarrow I(x, t) = \sum_{n=0}^{+\infty} R_n \exp[-(k_n D - bN)t] \cos\sqrt{k_n}x$$

Sous forme équivalente sachant que  $k_0 = 0$ , on a

$$I(x, t) = R_0 \exp(bNt) + \sum_{n=1}^{+\infty} R_n \exp[-(k_n D - bN)t]$$

Il vient alors la limite suivante

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

Ceci signifie que d'après ce modèle et long terme toute la population sera infectée ce qui n'est ni réalisable ni souhaité sur le plan épistémologique.

Une solution en onde progressive est une solution qui peut être exprimée en fonction de la seule variable  $z = x - ct$  donc telle que

$$I(x, t) = I(x - ct) = I(z)$$



La vitesse d'onde  $c$  est indéterminée mais doit vérifier la condition  $c > 0$ . Dans le cas précédent, le sens de progression de l'onde se situe de gauche vers la droite ( $z = x + ct$ ) pour une progression de la droite vers la gauche). Ceci étant posé, nous avons alors les dérivées suivantes exprimées en fonction de la nouvelle variable  $z$

$$\begin{cases} \frac{\partial I}{\partial t} = \frac{dI}{dz} \frac{\partial z}{\partial t} = -c \frac{dI}{dz} \\ \frac{\partial I}{\partial x} = \frac{dI}{dz} \frac{\partial z}{\partial x} = \frac{dI}{dz} \rightarrow \frac{\partial^2 I}{\partial x^2} = \frac{d^2 I}{dz^2} \end{cases}$$

En fonction de la nouvelle variable  $z$ , le modèle  $SI$  spatio-temporel devient

$$\begin{cases} D \frac{d^2 I}{dz^2} + c \frac{dI}{dz} + bNI = 0 & \leftrightarrow & \frac{d^2 I}{dz^2} + \frac{c}{D} \frac{dI}{dz} + \frac{bN}{D} I = 0 \\ \lim_{z \rightarrow +\infty} \frac{dI}{dz} = 0 \end{cases}$$

Le modèle se réduit donc à une simple équation différentielle homogène et de second ordre dont la résolution obéit au schéma classique à savoir

- Calcul des racines de l'équation caractéristique

$$\alpha^2 + \frac{c}{D} \alpha + \frac{bN}{D} = 0$$

Le calcul de la fonction  $I(z)$  est lié à l'existence des racines de l'équation caractéristique qui, elle-même dépend du discriminant  $\Delta$

$$\Delta = \left(\frac{c}{D}\right)^2 - 4 \frac{bN}{D} = \frac{c^2 - 4bND}{D^2}$$

L'existence de  $\sqrt{\Delta}$  est liée au signe de la différence  $c^2 - 4bND$  qui doit être positive i.e.

$$c > 2\sqrt{bND}$$

Nous obtenons ainsi une condition nécessaire sur la vitesse de l'onde épidémique. Les racines de l'équation caractéristiques sont alors les suivantes

$$\begin{cases} \alpha_1 = \frac{-c + \sqrt{c^2 - 4bND}}{2D} \\ \alpha_2 = \frac{-c - \sqrt{c^2 - 4bND}}{2D} \end{cases}$$

L'onde progressive admet donc pour expression

$$I(z) = C_1 \exp(\alpha_1 z) + C_2 \exp(\alpha_2 z) \quad C_1, C_2 \text{ des constantes}$$

$$z = x - ct \quad ; \quad c > 2\sqrt{bND}$$

Une onde progressive a l'allure représentée sur la figure VI-5

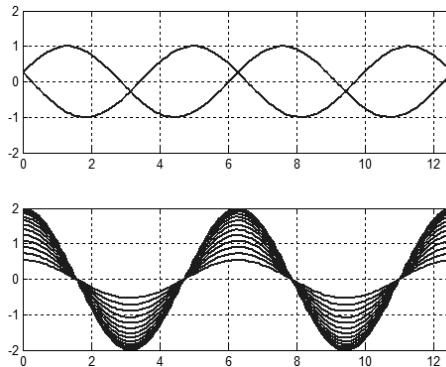
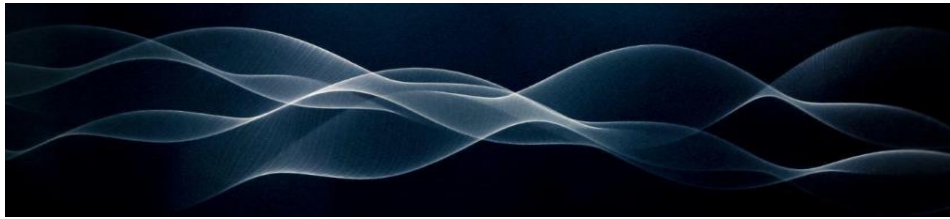


Figure VI-5 Exemples d'ondes progressives

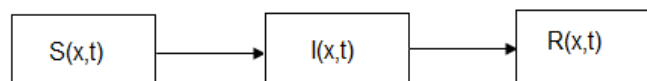
### VII- Modèle spatio-temporel SIR

Le modèle SI spatio-temporel présenté ci-dessus est relativement simple a juste permis d'affirmer l'existence d'ondes progressives comme acteur du phénomène de propagation dans le et dans l'espace d'une épidémie et ne présente réellement pas d'intérêt en épidémiologie. Le modèle SIR spatio-temporel est plus réaliste incluant les trois compartiments qui participent dans le phénomène épidémiologique. Dans ce modèle, Les fonctions  $S$ ,  $I$  et  $R$  dépendent toutes trois de la d'espace  $x$  et de la variable temps  $t$

Nous considérons le modèle mathématique simple de propagation d'une épidémie, le modèle SIR déjà formulé dans le domaine temporel (variable  $t$ ) en y intégrant une variable d'espace  $x$ . Les fonctions Susceptible  $S$ , Infectés  $I$  et rétablis  $R$  deviennent

$$\begin{cases} S(t) \rightarrow S(x, t) \\ I(t) \rightarrow I(x, t) \\ R(t) \rightarrow R(x, t) \end{cases}$$

Ce modèle mathématique à deux variables obéit au schéma suivant



Modèle SIR spatio-temporel

$$\begin{cases} S(t) \rightarrow S(x, t) \\ I(t) \rightarrow I(x, t) \end{cases}$$

La fonction  $R(x, t)$  peut être occultée puisque pouvant être obtenue des fonctions  $S$  et  $I$ . Le modèle intégro-différentiel correspondant est le suivant

$$\begin{cases} \frac{\partial S}{\partial t} = -bS(x, t)I(x, t) + \Delta^2 S(x, t) \\ \frac{\partial I}{\partial t} = bS(x, t)I(x, t) - aI(x, t) + \Delta^2 I(x, t) \\ S(x, 0) \geq 0 \quad I(x, 0) \geq 0 \end{cases}$$

Ce modèle suppose que toute la population est en mouvement. Pour un temps infiniment grand, la variable  $t$  n'est pas prise en considération dans le Laplacien. Le système différentiel prend alors la forme simple suivante

$$\begin{cases} \frac{\partial S}{\partial t} = -bSI + D \frac{\partial^2 S}{\partial x^2} \\ \frac{\partial I}{\partial t} = bSI - aI + D \frac{\partial^2 I}{\partial x^2} \end{cases}$$

Afin d'inclure la population initiale désignée par  $S_0$  et à des fins de normalisation, on introduit les nouvelles notations suivantes

$$\begin{cases} S = S_0 S^* \\ I = S_0 I^* \end{cases}$$

Le système différentiel précédent devient

$$\begin{cases} S_0 \frac{\partial S^*}{\partial t} = -bS_0^2 S^* I^* + DS_0 \frac{\partial^2 S^*}{\partial x^2} \\ S_0 \frac{\partial I^*}{\partial t} = bS_0^2 S^* I^* - aS_0 I^* + DS_0 \frac{\partial^2 I^*}{\partial x^2} \end{cases}$$

Il peut être aussi repris sous la forme suivante

$$\begin{cases} \frac{1}{bS_0} \frac{\partial S^*}{\partial t}(x, t) = -S^*(x, t)I^*(x, t) + \frac{D}{bS_0} \frac{\partial^2 S^*}{\partial x^2}(x, t) \\ \frac{1}{bS_0} \frac{\partial I^*}{\partial t}(x, t) = S^*(x, t)I^*(x, t) - \frac{a}{bS_0} I^* + \frac{D}{bS_0} \frac{\partial^2 I^*}{\partial x^2}(x, t) \end{cases}$$

Effectuons les changements de variables suivants

$$\begin{cases} t^* = bS_0 t \\ x^* = \sqrt{\frac{bS_0}{D}} x \end{cases}$$

exprime le système différentiel en On remarquant

$$\begin{cases} \frac{\partial S^*}{\partial t} = \frac{\partial S^*}{\partial t^*} \frac{\partial t^*}{\partial t} = bS_0 \frac{\partial S^*}{\partial t^*} \rightarrow \frac{1}{bS_0} \frac{\partial S^*}{\partial t} = \frac{\partial S^*}{\partial t^*} \\ \frac{\partial I^*}{\partial t} = \frac{\partial I^*}{\partial t^*} \frac{\partial t^*}{\partial t} = bS_0 \frac{\partial I^*}{\partial t^*} \rightarrow \frac{1}{bS_0} \frac{\partial I^*}{\partial t} = \frac{\partial I^*}{\partial t^*} \end{cases}$$

De même

$$\begin{cases} \frac{\partial S^*}{\partial x} = \frac{\partial S^*}{\partial x^*} \frac{\partial x^*}{\partial x} = \sqrt{\frac{bS_0}{D}} \frac{\partial S^*}{\partial x^*} \rightarrow \frac{\partial^2 S^*}{\partial x^2} = \frac{bS_0}{D} \frac{\partial^2 S^*}{\partial x^{*2}} \rightarrow \frac{D}{bS_0} \frac{\partial^2 S^*}{\partial x^2} = \frac{\partial^2 S^*}{\partial x^{*2}} \\ \text{idem} \quad \frac{D}{bS_0} \frac{\partial^2 I^*}{\partial x^2} = \frac{\partial^2 I^*}{\partial x^{*2}} \end{cases}$$

Eu égard aux changements de variables, le système d'équations différentielles du modèle *SIR* prend alors la forme simplifiée suivante

$$\begin{cases} \frac{\partial S^*}{\partial t^*} = -S^* I^* + \frac{\partial^2 S^*}{\partial x^{*2}} \\ \frac{\partial I^*}{\partial t^*} = S^* I^* - \frac{a}{bS_0} I^* + \frac{\partial^2 I^*}{\partial x^{*2}} \end{cases}$$

Pour revenir à une notation classique, notons simplement le système comme suit

$$\begin{cases} \frac{\partial S}{\partial t} = -SI + \frac{\partial^2 S}{\partial x^2} \\ \frac{\partial I}{\partial t} = SI - \frac{a}{bS_0} I + \frac{\partial^2 I}{\partial x^2} \end{cases}$$

L'un des intérêts au plan mathématique relativement au modèle *SIR* spatio-temporel développé ci-dessus est de mettre en évidence le terme "taux de reproduction de base"  $R_0$  dont il a été largement question dans ce travail. En effet, on avait défini dans le modèle *SIR* le taux  $R_0$  par

$$R_0 = \frac{bS_0}{a}$$

De ce fait, la seconde la seconde équation différentielle qui nous intéresse au plus haut point s'écrit en notant que  $S = N - I$

$$\frac{\partial I}{\partial t} = (N - I)I - \frac{1}{R_0}I + \frac{\partial^2 I}{\partial x^2}$$

### VIII- Existence d'ondes progressives dans le modèle spatio-temporel SIR

Comme dans le cas du modèle, on effectue le changement de variable consistant à poser

$$z = x - ct \quad c > 0 \text{ la vitesse}$$

L'équation différentielle ci-dessus devient, sachant que  $\frac{\partial^2 I}{\partial x^2} = \frac{d^2 I}{dz^2}$  (résultat déjà prouvé)

$$\frac{d^2 I}{dz^2} - c \frac{dI}{dz} + \left(N - \frac{1}{R_0}\right)I = 0$$

La condition sur l'existence d'une solution réelle de cette équation différentielle de second ordre homogène passe l'équation caractéristique, précisément par le signe de son discriminant

$$\begin{cases} \alpha^2 - c\alpha \left(N - \frac{1}{R_0}\right) = 0 \\ \Delta = c^2 - 4 \left(N - \frac{1}{R_0}\right) \end{cases}$$

Dans d'un développement d'une pandémie, la condition  $R_0 > 1$  en est un aspect. Donc  $\frac{1}{R_0}$  est négligeable devant la valeur de la taille de la population  $N$  et on écrit

$$\Delta \approx c^2 - 4N \rightarrow \Delta > 0 \text{ si } c > 2\sqrt{N}$$

C'est la condition que doit vérifier la vitesse  $c$  de l'onde progressive. Cette dernière sera une fonction de la variable et des racines  $\alpha_1$  et  $\alpha_2$  de l'équation caractéristique

$$I(z) = C_1 \exp(\alpha_1 z) + C_2 \exp(\alpha_2 z)$$

## IX- Ondes progressives et phénomène de propagation

### IX-1 Introduction

Dans les modèles spatio-temporels  $SI$  et  $SIR$  développés ci-dessus, il a été souvent fait allusion à la notion d'ondes progressives dans le phénomène de propagation "géographique" d'une épidémie. Ces dernières se sont avérées d'un intérêt particulier, non seulement pour suivre l'évolution surtout spatiale d'une épidémie mais d'évaluer quantitativement le nombre d'individus infectés mais aussi permettre d'avoir une projection sur l'évolution de la maladie et

entrevoir les mesures prévention adéquates. On désigne ce phénomène sous le nom d'épidémiologie évolutive à travers l'étude des ondes progressives (figure VI-6).

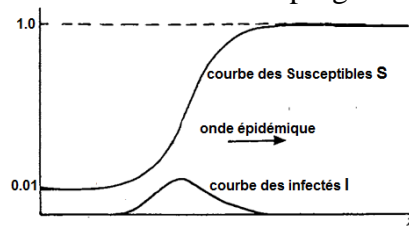


Figure VI-6 Ondes progressives et phénomène de propagation

## IX-2 Ondes progressives et système intégral-différentielle

L'existence des ondes progressives est mise en évidence à travers la résolution du système intégral-différentiel de formulation mathématique du modèle. Ces ondes sont mises en évidence après avoir quelques modifications à travers généralement un changement de variables tel que celui consistant à poser  $z = x - ct$ ,  $c$  étant la célérité ou vitesse de propagation de l'onde progressive. Cela a conduit à émettre des hypothèses sur cette vitesse pour qu'il y ait apparition de ce type d'ondes.

Les ondes progressives sont actuellement au centre des recherches non seulement en épidémiologie évolutive mais dans aussi dans d'autres disciplines comme l'écologie dans les flux migratoires des oiseaux ou la migration collective de certaines espèces animales. Les ondes progressives ont une structure assez simple qui inclut dans un même les variables spatio-temporelles à travers lesquelles sont exprimées les fonctions d'état inconnues comme la fonction  $I(t)$ .

## X- Modèle de diffusion vs. Modèle de dispersion

Ces deux types de modèles sont liés à la nature de la variable spatiale  $x$ . Dans de nombreux modèles de diffusion, la propagation émerge dans le cas où les régions sont proches. Ainsi, l'espace est vu à travers une variable spatiale  $x$  continue. Le phénomène de propagation se développe alors par vagues successives. Dans le cas de zones géographiques éloignées, il y a lieu de considérer une variable spatiale discrète et le modèle mathématique ne sera plus la forme d'un système d'équations différentielles.

Les modèles de dispersion connus aussi sous le nom de modèles de réaction-diffusion décrivent le phénomène de propagation dans le cas de zones éloignées les unes des autres non totalement autonomes puisque régies des relations ou connexions sociales de diverses formes. Là rentre en jeu la mobilité des individus d'un patch à un autre. La fixation d'un individu dans un patch d'accueil peut être temporaire, transitoire ou permanente. Il ressort donc que les modèles de propagation spatio-temporels nécessitent une approche autre que celle étudiée dans les modèles de propagation déterministes à une seule variable, le temps.

## CHAPITRE VII

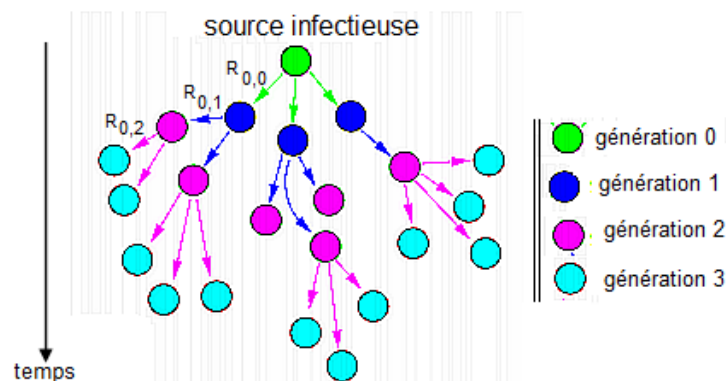
### TAUX DE REPRODUCTION DE BASE $R_0$

#### PREMIERES INVESTIGATIONS

#### I- Le concept du taux de reproduction de base $R_0$

##### I-1 Introduction et historique

Mettant à profit l'épidémie H1N1 qui sévit en 2009, Modélisateurs et épidémiologistes se sont penchés sur l'instauration d'un paramètre représentatif à même de préciser l'état source d'une épidémie et de suivre l'évolution de cette dernière dans une population donnée. Ainsi donc naquit l'idée d'instituer la définition d'un paramètre dit de reproduction de base et noté  $R_0$  qui s'avérera par la suite omniprésent en épidémiologie, particulièrement en modélisation. Jusqu'à ce jour, différentes approches dans la définition, la détermination et l'interprétation de ce paramètre, font l'objet de recherches conjointes en mathématique et en épidémiologie. Il est à noter que les premiers travaux ont certes porté sur l'épidémie H1N1, mais ils se sont étendus par la suite à d'autres formes d'épidémies dont la Covid-19.



##### - Le paramètre $R_0$ en épidémiologie

Le paramètre de reproduction de base  $R_0$  peut être défini comme le nombre d'infections secondaires provoqué par un individu infectieux au sein d'une population susceptible au cours de la période d'infectiosité. De fait, il s'impose comme un facteur de gestion sanitaire.

Le paramètre  $R_0$  joue un rôle d'un coefficient multiplicatif. En effet, si on introduit un petit nombre  $n$  d'infectés, on obtiendra d'abord  $R_0$  nouveaux infectés qui, chacun à leur tour, produiront  $R_0$  nouveaux infectés. Ce raisonnement est évidemment intuitif car il s'agit d'une approximation de l'effet de contamination au voisinage d'une situation où il y a peu d'infectieux par rapport à la population totale.

### I-2 Effet du taux de reproduction de base $R_0$ sur la propagation

Nous présentons un schéma (figure VII-1) de la dynamique de contamination en termes de nombre d'individus infectés avec un taux de reproduction de base  $R_0$  relativement bas (épidémie relativement peu sévère) tel que  $R_0 = 2$ . L'échelle du temps pourrait être la semaine et le suivi de la propagation pourrait se dérouler sur quatre (4) semaines. Nous avons alors le décompte suivant et ce sans prendre dans un premier temps le nombre total de contaminés

- Source de l'infection 0 ;  $I_0 = 1$  (source de l'infection)
- Semaine 1:  $I_1 = 2 = R_0$ : 2 individus en moyenne infectés
- Semaine 2 : chaque individu infecté de la semaine 1 contaminera en moyenne 2 individus susceptibles ce qui donne:  $I_2 = 2 + 2 = 4 = 2^2 = R_0^2$  nouveaux individus infectés
- Semaine 3: chaque individu infecté de la semaine 3 contaminera 2 individus susceptibles ce qui donne:  $I_3 = (2 + 2) + (2 + 2) = 8 = 2^3 = R_0^3$
- Semaine4: chaque individu infecté de la semaine 3 contaminera 2 nouveaux individus susceptibles ce qui donne:  $I_4 = (2 + 2) + (2 + 2) + (2 + 2) + (2 + 2) = 16 = 2^4 = R_0^4$  (figure VII-1)

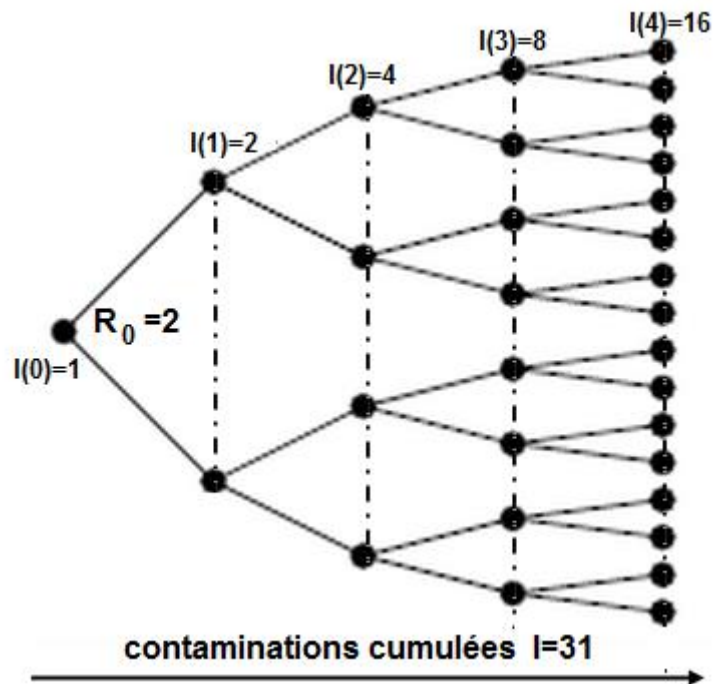


Figure VII-1 Contaminations cumulées vs le taux de reproduction  $R_0$

Le graphe représenté sur la figure VII-2 illustre cette dynamique de contamination relativement à un taux de reproduction de base  $R_0 = 2$ . Remarquons la croissance exponentielle du nombre d'individus infectés en fonction temps, ici ramené à quatre semaines d'observation, la source infectieuse étant ramené à un seul individu.



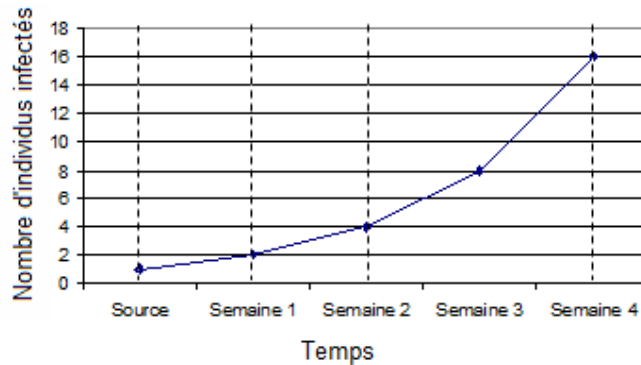


Figure VII-2 Croissance exponentielle du nombre d'individus infectés

Le graphe révèle une croissance exponentielle du nombre d'individus infectés ce qui est caractère principal de l'expansion d'une pandémie.

## II- Mathématiques et taux de reproduction de base $R_0$

### II-1 Les progressions géométriques

Le nombre cumulé d'individus infectés par rapport au choix 32 du taux de reproduction de base  $R_0 = 2$  s'élève à 31 individus. A regarder de plus près, si nous notons  $I_{total}$  ce nombre, on peut écrire

$$I_{total} = 1 + R_0 + R_0^2 + R_0^3 + R_0^4$$

Nous sommes donc en présence d'une progression géométrique de premier terme 1 et de raison  $q = R_0$ ,

Quelques rappels sur les progressions géométriques

- Une progression ou suite géométrique définie est définie comme une suite de nombres  $\{a_0, a_1, \dots, a_n\} = \{a_i\}_{i=0,n}$  (termes de la progression) dans laquelle chaque terme est obtenu en multipliant le précédent par un nombre déterminé  $q$  (raison de la progression)

$$a_{n+1} = qa_n$$

- Somme d'une progression géométrique

$$S_n = a_0 \frac{1 - q^{n+1}}{1 - q}$$

- Si la raison  $q$  est telle que  $q > 1$ , la progression géométrique est croissante. Dans le cas où  $0 < q < 1$ , elle est décroissante

- Rappelons qu'une suite de terme général est croissante si l'une des deux conditions suivantes est l'une des deux conditions équivalentes suivantes est vérifiée

$$\begin{cases} a_{n+1} > a_n \\ \text{ou} \\ \frac{a_{n+1}}{a_n} > 1 \end{cases} \quad \forall n \in \mathbb{N}$$

La progression est dite décroissante dans le cas contraire

- Convergence d'une progression géométrique
- Une suite géométrique croissante et majorée est convergente i.e.

$$\lim_{n \rightarrow +\infty} S_n = S \text{ (finie)} = \lim_{n \rightarrow +\infty} a_0 \frac{1 - q^{n+1}}{1 - q} \text{ avec } q > 1 \text{ et } |a_n| \leq k, k > 0 \text{ (majoration)}$$

- Une suite géométrique décroissante et minorée est convergente i.e.

$$\lim_{n \rightarrow +\infty} S_n = S \text{ (finie)} = \lim_{n \rightarrow +\infty} a_0 \frac{1 - q^{n+1}}{1 - q} \text{ avec } 0 < q < 1 \text{ et } |a_n| \leq k, k > 0 \text{ (minoration)}$$

Comme dans le cas d'une progression géométrique la raison  $q$  est telle que  $0 < q < 1$ , on a alors le résultat suivant

$$\lim_{n \rightarrow +\infty} S_n = \lim_{n \rightarrow +\infty} a_0 \frac{1 - q^{n+1}}{1 - q} = a_0 \frac{1}{1 - q} \text{ avec } 0 < q < 1$$

## II-2 Phénomène de contamination et progression géométrique

Il a été mis en évidence dans l'exemple du phénomène de contamination précédant que le nombre total d'individus infectés est de la forme

$$I_{total} = 1 + R_0 + R_0^2 + R_0^3 + R_0^4 \quad (= 31)$$

Il est donc évident que nous sommes en présence d'une progression géométrique de premier terme  $I_0 = 1$  et de raison  $R = 2$  dans cet exemple. Comme la progression géométrique admet un nombre fini de termes, elle est évidemment convergente et sa somme est finie. Ce résultat est vérifiable si nous écrivons

$$S = \frac{1 - R_0^5}{1 - R_0}$$

Considérons le cas où le taux de reproduction de base est  $R_0$  et le nombre d'individus infectés est indexés par  $n$ . Le nombre cumulé d'individus infectés noté  $I_n$  répond à la somme d'une progression géométrique de premier l'individu infectieux source et de raison le taux de reproduction de base  $R_0$ .

Ceci revient à écrire

$$I_n = \frac{1 - R_0^{n+1}}{1 - R_0}$$

Nous considérons les deux cas suivants :

- Sans présence d'épidémie,  $0 < R_0 < 1$ ,  $I_n$  est finie. Sur le plan épidémiologique, ceci n'a d'intérêt que pour confirmer une situation non épidémique
- En présence d'une épidémie sévère c'est-à-dire pour  $R_0 > 1$ , la progression géométrique diverge et la somme  $I_n$  devient infini. Cette constatation relève du formalisme mathématique relatif au critère de convergence d'une progression géométrique
- Sur le plan épidémiologique ou plan sanitaire, l'objectif est de réduire le nombre d'individus infectés. Ceci passe par une majoration de progression géométrique qui deviendra ainsi croissante et majorée donc convergente.
- La procédure de cette majoration de la progression géométrique passe par l'application de gestes barrières (distanciation sociale et port de masque) ou par une mesure de confinement d'une partie de la population.

### III- Taux de reproduction de base $R_0$ et modèle SIR simplifié

Reprenons le modèle mathématique tel que énoncé précédemment et muni des paramètres épidémiologiques  $b$  (taux d'infection) et  $a$  (taux de guérison)

$$\begin{cases} S' = -bIS \\ I' = bIS - aI \\ R' = aI \end{cases}$$

Il est à préciser que le taux de reproduction de base  $R_0$  caractérisant une épidémie peut être mis en évidence par plusieurs approches. Nous préconisons dans ce qui suit un procédé de détermination de  $R_0$  par une simple manipulation des équations différentielles du modèle SIR ci-dessus mentionnées.

Notons  $S_0$  le nombre initial d'individus susceptibles de contracter la maladie. En posant

$$\rho = \frac{a}{b}$$

on désigne alors par  $R_0$  le nombre d'in d'individus susceptibles sur  $\rho$  en ce sens que

$$R_0 = \frac{S_0}{\rho} = \frac{b}{a} S_0$$

L'objectif sera de caractériser l'évolution d'une épidémie à partir des variations du paramètre  $R_0$ . Pour cela, reprenons la seconde équation du système sous la forme suivante

$$I' = (bS - a)I$$

Cette expression peut être reprise sous la forme suivante

$$I' = aI \left( \frac{bS}{a} - 1 \right)$$

Nous introduisant le paramètre  $R_0$  en écrivant

$$I' = aI \left( \frac{S}{\frac{a}{b}} \right) = aI \left( \frac{S}{\rho} \right)$$

En remplaçant  $\rho$  par son expression en fonction de  $R_0$ , il revient à écrire

$$I' = aI \left( R_0 \frac{S}{S_0} - 1 \right)$$

A l'instant initial  $t = 0$  donc avec  $S = S_0$  et  $I(0) = I_0$  on a

$$I'(0) = aI_0(R_0 - 1)$$

En termes de signes, il est à remarquer que puisque  $I_0$  et  $a$  sont tous deux positifs,  $I'(0)$  ( $R_0 - 1$ ) sont alors de même signe ce qui nous amène à distinguer les cas suivants

$$\begin{cases} \text{si } R_0 > 1 & \rightarrow I'(0) > 0 \\ \text{si } R_0 < 1 & \rightarrow I'(0) < 0 \end{cases}$$

La condition  $R_0 > 1 \rightarrow I'(0) > 0$  signifie que le nombre d'individus infectés est croissant et que l'épidémie

Par contre, la condition  $R_0 < 1 \rightarrow I'(0) < 0$  signifie que le nombre d'individus infectés est, en cours de diminution donc l'épidémie en cours d'extinction. La valeur "frontière"  $R_0 = 1$  est appelée "seuil épidémiologique". La valeur  $R_0 > 1$  permet de quantifier la virulence d'une épidémie et la condition  $R_0 < 1$  est un objectif à atteindre dans la gestion d'une épidémie et de crise sanitaire.

#### IV- Détermination du rapport $\rho = \frac{a}{b}$ et du taux de reproduction de base $R_0$

Pour certaines valeurs du temps  $t$ , il est possible de déterminer la valeur du rapport  $\frac{a}{b}$  et par conséquent celle du taux de reproduction de base  $R_0$ . Considérons la troisième équation en  $R$  du modèle SIR et que nous rappelons ci-dessous

$$R' = aI$$

Soit  $t_R$  la valeur particulière du temps  $t$  à laquelle  $R'(t)$  atteint son maximum. Pour cela on exprime la dérivée seconde de  $R'(t)$  en écrivant

$$R''(t) = aI'(t) \rightarrow R'(t_R) = aI'(t_R) = 0 \rightarrow I'(t_R) = 0$$

La seconde équation du modèle SIR que nous rappelons ci-dessous

$$I'(t) = bS(t)I(t) - aI(t) \rightarrow I'(t_R) = bS(t_R)I(t_R) - aI(t_R) = 0$$

Après simplification par  $I(t_R)$  qui n'est pas nul car  $I(t_R) > 0$ , il vient

$$bS(t_R) = a \rightarrow \frac{a}{b} = S(t_R)$$

Il est donc possible d'évaluer le rapport  $\rho = \frac{a}{b}$  dès que l'on connaît l'estimation de la population susceptible  $S$  à l'instant  $t_R$  qui rend maximal la dérivée  $R'(t)$

Le calcul du taux de reproduction de base  $R_0$  est immédiat car

$$R_0 = \frac{S_0}{\rho} = \frac{b}{a} S_0 = \frac{S_0}{S(t_R)}$$

### V- Expression du taux de reproduction de base $R_0$ en fonction de $S, I$ et $R$

Nous rappelons ci-dessous les deux premières équations di modèle SIR

$$\begin{cases} S' = bSI \\ I' = bSI - aI \end{cases} \quad \text{avec } S = S(t) \text{ et } I = I(t)$$

Nous cherchons la valeur de la variable  $t$  pour laquelle la dérivée  $S'$  atteint son maximum et que nous notons  $t_S$ . Il revient donc à résoudre l'équation

$$\frac{dS'}{dt} = 0 \leftrightarrow S'I + SI' = 0$$

En introduisant les expressions donnant les dérivées  $S'$  et  $I'$  on écrit

$$I(-bSI) + S(bSI - aI) = 0$$

Cette équation conduit aussi à écrire

$$bSI^2 - bS^2I + aSI = 0$$

Une mise en facteur commun du paramètre  $b$  accompagné d'une simplification par le produit non nul  $SI$  abouti au résultat suivant

$$\frac{a}{b} = I - S$$

Ce résultat est anachronique car il fournit une valeur négative du rapport  $\frac{a}{b}$  sachant que  $I < S$ . On pourrait considérer la valeur absolue du second membre lequel est évalué pour la valeur  $t = t_S$  qui rend maximale la dérivée  $S'(t)$  et écrire

$$\frac{a}{b} = |I(t_S) - S(t_S)|$$

L'expression du taux de reproduction de base  $R_0$  est immédiate car

$$R_0 = \frac{b}{a} = \frac{1}{|S(t_S) - I(t_S)|}$$

- **Application numérique**

On note

$$\begin{cases} N = 100\,000 & \text{effectif total de la population} \\ I_0 = I(0) = 10 & \text{nombre initial d'individus infectés} \\ R_0 = 2.4 & \text{valeur moyenne dans le cas du covid19} \end{cases}$$

On suppose que l'unité de temps est la semaine (7 jours) et qu'un individu infecté le demeure pendant 5 jours. Le paramètre d'infection  $a$  est égal à l'inverse de la période pour laquelle l'individu reste infecté d'où

$$a = \frac{1}{5} = \frac{7}{5} = 1.4$$

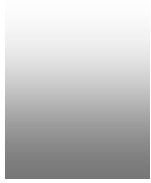
La population initiale  $S_0$  est obtenue comme suit

$$N = S_+ + I_0 \rightarrow S_0 = N - I_0 = 100\,000 - 10 = 99\,990$$

Il est alors possible de déduire le taux de contamination  $b$  sachant que

$$R_0 = \frac{b}{a} S_0 \rightarrow b = R_0 \frac{a}{S_0} = 2.4 \frac{1.4}{999990} \approx 3.36 \cdot 10^{-6}$$

Du schéma donnant soit le taux de reproduction de base  $R_0$ , du taux d'infection  $b$  et du taux de guérison  $a$ , un seul paramètre peut être calculé à condition de connaître les deux autres.

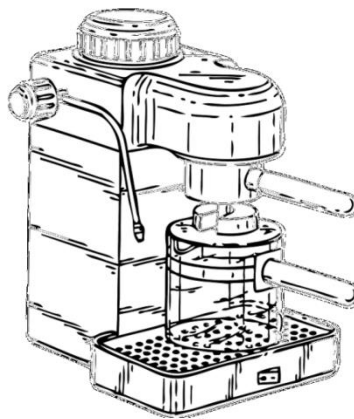


## CHAPITRE VIII

### Modèles de percolation et de feu de forêt dans la propagation d'une épidémie

#### I. Introduction

La percolation est une théorie mathématique due au mathématicien J.M. Hammersley. Le mot "percolation" vient du latin "*percolato*" signifiant "filtration". L'image la plus familière accordée au phénomène de percolation est celle du percolateur à café dans lequel l'eau bouillante sous pression se fraye un chemin à travers les particules de café. Plus concrètement, la percolation a pour premier effet la transformation des systèmes physiques à même de permettre leur modélisation.



Un percolateur à café

La théorie de la percolation repose essentiellement sur deux concepts mathématiques: les probabilités et la théorie des graphes, cette dernière décrivant le milieu de percolation. La théorie des probabilités se rapporte beaucoup plus à rendre compte du phénomène de percolation dans le milieu lui-même. La théorie de la percolation n'est restreinte au domaine mathématique mais elle s'attache aussi à décrire et à comprendre les transformations dont peut être le siège un phénomène physique à travers par exemple, la pratique de la modélisation. Sur la base de la théorie de la percolation, d'autres disciplines ont émergé dont le thème de la présente contribution sur la modélisation mathématique de la propagation d'une épidémie.

## II- Le phénomène de percolation

### II-1 circulation d'un fluide dans un milieu poreux

La théorie de la percolation est un des outils orientés vers la description des processus d'écoulement et d'infiltration d'un fluide dans un milieu poreux. De ce fait, elle est devenue actuellement l'une des approches favorables à la modélisation en mécanique des fluides en général et dans l'étude des matériaux et des milieux poreux en particulier. D'une manière générale, la théorie de la percolation décrit les propriétés émergentes liées à la connectivité spatiale des pores par exemple dans un matériau traversé par un fluide. Le fluide peut ne traverser que partiellement le matériau. La percolation devenant ainsi partielle et s'apparente plus à un phénomène de mouillabilité. S'il existe un chemin permettant le passage du entre deux bords du matériau, la percolation devient totale (figure VIII-1)

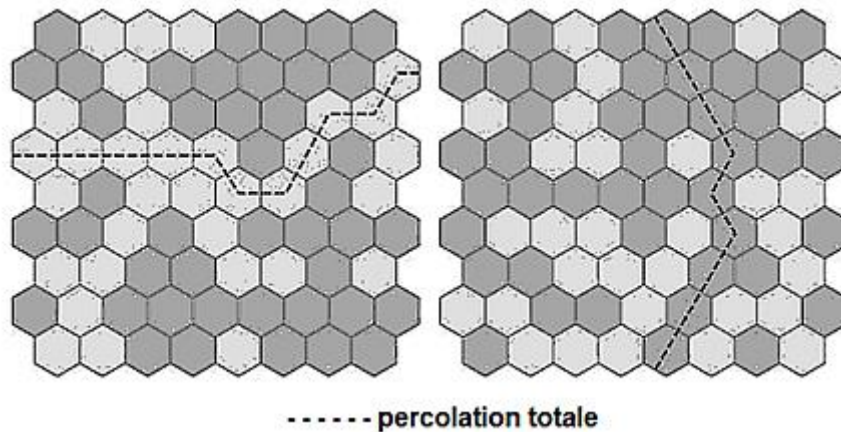


Figure VIII-1 Deux exemples de percolation totale

### II-2 Percolation par contact-liens ou de proximité

En 1957, les mathématiciens britanniques Hammersley et Broadent étudièrent la propagation d'un "fluide" dans un réseau carré régulier et infini à deux(2) nœuds voisins. Ces deux nœuds sont supposés connectés avec une probabilité donnée. Les images que l'on peut donner du modèle sont nombreuses telles que celles d'un fluide traversant un milieu poreux avant d'atteindre le cœur du corps considéré comme décrit précédemment. Mais l'illustration originale du phénomène de percolation reste celle donnée par les deux concepteurs de celui-ci.

Imaginons un verger de grande dimension planté d'arbres fruitiers, les arbres étant régulièrement espacés et formant un réseau carré. On suppose qu'à un moment donné, l'un des arbres ou un groupuscule (on parlera de cluster) est atteint d'une maladie qu'il peut éventuellement transmettre à ses voisins Nord-Sud, Est-Ouest. Les quatre voisins de cet arbre seront contaminés avec une probabilité  $p$  d'autant plus faible que les arbres sont éloignés (on



parle aujourd'hui de distanciation sociale). La question posée est la suivante: comment l'épidémie va-t-elle se propager?

Hammersley et Broadent ont montré qu'il existe un seuil de probabilité portant sur  $p$  en deçà duquel la maladie reste localisée donc sans être une épidémie et au-delà duquel il se développera une épidémie avec une large propagation. Cette valeur-seuil de  $p$  est appelée "seuil de percolation". La valeur du seuil de percolation a été une inconnue c'est-à-dire qu'elle n'a pu être établie mathématiquement. Une valeur a cependant été avancée par les concepteurs du phénomène percolation mais de manière expérimentale. Il s'agit de  $p = 0.5$ . Il a fallu attendre l'année 1980 pour valider cette valeur de façon rigoureuse.

### III- Formalisme probabiliste de la percolation

Il convient de réaliser qu'un système donné soumis à des modifications intrinsèques, peut, par rétroaction positive ou négative, influencer sur d'autres systèmes avec lesquels il peut être en cohabitation ou en compétition. La percolation participe à ces échanges et permet de modéliser des phénomènes physiques dont le comportement à des échelles réduites est déterminé par un comportement macroscopique aléatoire.

La théorie de la percolation, d'essence probabiliste, décrit le processus par lequel un site, élément d'un environnement est progressivement envahi au cours d'une dynamique d'occupation ou de peuplement d'un milieu donné. Dans les études d'épidémiologie, la percolation est une partie intégrante des procédés de modélisation, d'étude et d'interprétation de la propagation des épidémies. Cette propagation s'apparente à un cheminement aléatoire dont un développement sera donné dans le présent chapitre. Quoiqu'intervenant dans de nombreux phénomènes physiques, la percolation reste historiquement rattachée au problème concret et simple suivant: peut-on estimer la probabilité faisant qu'une roche immergée dans un fluide soit "mouillée" en son centre?

### IV- Concept mathématique de la percolation

Le modèle mathématique pouvant constituer une forme de représentation d'un milieu envahi par un fluide repose sur la conception d'une grille parcourue par des arêtes (en fait des canaux) reliant aux intersections des îlots essaimés à travers le modèle géométrique : sites reliés par des liaisons  $e$ , chaque liaison pouvant être ouverte avec une probabilité  $p$  ou fermée (état de probabilité( $q = 1 - p$ ) indépendamment des autres connexions (figure VIII-2).

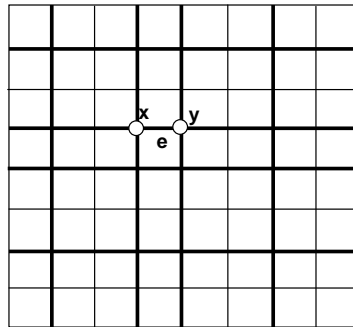


Figure VIII-2 Une grille de percolation bidimensionnelle

La distance entre deux sites  $x$  et  $y$ , est supposée infiniment petite comparée à la dimension de la roche. A ce modèle géométrique est adjoint un modèle probabiliste par rapport à un ensemble mathématique d'appartenance  $Z^d$  de ces sites en ce sens que :  $x = \{x_i\}_{i=1,d}$  avec  $x_i \in Z$ . Deux sites  $[x = \{x_i\}_{i=1,d}]$  et  $[y = \{y_i\}_{i=1,d}]$  sont adjacents si la distance  $D$  les séparant est telle que

$$D(x, y) = \sum_{i=1}^d |x_i - y_i| = 1$$

Un passage de percolation comprendra un ensemble de sites et un réseau de liaisons dans ce cas ouvertes. On définit ainsi la suite hétéroclite faite de sites et de liaisons  $\{x_i, e_i\}_{i=0,n}$ ,  $e_i$  représentant l'arête ente les sites  $x_i$  et  $x_{i+1}$ . Pour un modèle de représentation donné, on élimine les liaisons fermées pour ne retenir que les composantes "ouvertes" lesquelles formeront ainsi des amas dits ouverts. Pour un site  $x \in Z^d$ , on désigne par  $C(x)$  l'ensemble de tous les sites reliés à des canaux ouverts.

Un fluide externe devant atteindre le cœur d'un matériau supposerait l'existence d'un passage ouvert séparant l'extérieur et un site qui serait localisé au centre du corps. Le phénomène de percolation prendra naissance à l'amas origine  $(0,0,..0)$  caractérisé par une infinité de canaux ouverts. La percolation possible sera décrite par une fonction  $\theta(p)$  dépendant de la probabilité  $p$  informant qu'il y a effectivement percolation.

### V- Variations de la fonction de percolation-cas critique

Manifestement la fonction de percolation  $\theta(p)$  est une fonction croissante de la variable  $p$  car plus le nombre de canaux ouverts augmente, plus la possibilité d'avoir un amas de taille infini à l'origine augmente aussi. Bien plus que relié au paramètre de probabilité  $p$ , le phénomène de percolation est conditionné par le franchissement d'un seuil critique  $p_c$  de cette probabilité en deçà duquel  $\theta(p)$  est nulle et au delà duquel cette fonction tend asymptotiquement vers 1 (figure VIII-3).

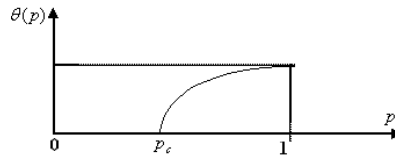


Figure VIII-3 fonction de percolation et probabilité critique

Plus précisément deux situations cohabitent:

- Pour  $p < p_c$ , il n'existe pas d'amas infini donc pas ou faible percolation (matériau peu poreux)
- pour  $p > p_c$ , il peut exister un amas infini à l'origine, le phénomène de percolation se développe (le matériau étant suffisamment en cavités poreuses)

La valeur de la probabilité critique  $p_c$  peut être estimée dès lors que le modèle mathématique de la fonction de percolation est établi.

### VI- Un modèle de loi de puissance dans le phénomène de percolation

Le phénomène de percolation étant relié à la présence des amas, la densité de la distribution  $d_a$  que ces derniers occupent à la probabilité  $p$  sur la grille, est une fonction de leur taille  $m_a$ ; nous posons:

$$d_a = f\left(\frac{m_a}{\langle m_a \rangle}\right) g(m_a)$$

Si l'ensemble de la grille est soumis à un facteur d'échelle  $k$ , ceci n'affectera en rien la densité de distribution ni en terme de taille  $m_a$ , ni en terme de taille moyenne  $\langle m_a \rangle$ . Seule la fonction  $g(m_a)$  reflètera le changement d'échelle en vérifiant la relation

$$g(kx) = h(k)g(x)$$

Remarquons que la fonction  $h$  ne dépend que du facteur échelle  $k$  mais pas de la variable  $x$ . L'objectif serait de trouver une expression de la fonction  $g(x)$  qui caractérisera la densité de distribution des amas  $d_a$ . Pour  $x = 1$ , cette relation devient

$$g(k) = h(k)g(1)$$

et nous obtenons l'égalité  $g(k) = h(k)$  en ayant posé  $g(1) = 1$ . On en déduit alors l'expression suivante de la fonction  $g(kx)$

$$\forall k, \forall x, g(kx) = g(k)g(x)$$

et que nous généralisons comme une équation de la forme (séparation de variables)

$$g(xy) = g(x)g(y)$$

et dont la fonction  $g$  constitue l'inconnue. La résolution de l'équation différentielle obtenue à partir de la dérivation des deux membres de l'équation par rapport à la variable  $y$  aboutit à écrire (pour  $y = 1$ )  $g(x) = x^{g'(1)}$ . En posant  $q = -g'(1)$ , la fonction  $g(x)$  suit alors une loi de puissance, caractéristique des processus de type fractal, de la forme

$$g(x) = x^{-q}$$

Ainsi la densité  $d_a$  de la distribution des amas obéit elle aussi à une loi de puissance au point critique représenté par l'exposant  $q$ . Ceci est le fait des phénomènes de transition de phase qui sont à soubassement fractal.

### VII- Modèle Mathématique d'approximation de la fonction de percolation

La fonction de percolation  $\theta(p)$  est fonction de la dimension géométrique du modèle de grille considéré. Pour le modèle huit lignes – huit colonnes (figure VIII-2) ramené il est vrai à une représentation- blocs quatre lignes - quatre colonnes par la technique des groupes de renormalisation (thème sortant du cadre du présent travail), la fonction  $\theta(p)$  peut être approchée par l'expression polynomiale

$$\theta(p) = 2p^2 - p^4$$

L'existence d'un point critique  $p_c$  étant établie précédemment, en ce point précisément, la densité de la distribution des amas est insensible au changement d'échelle. Le point critique  $p_c$  devient alors un point fixe pour la fonction de percolation  $\theta(p_c)$  en ce sens que  $\theta(p_c) = p_c$  (Figure IX-3) soit

$$p_c^4 - 2p_c^2 + p_c = 0$$

Entre autres solutions positives de cette équation en  $p_c$

- |               |                                                                                                                  |    |
|---------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----|
| $p_c = 0$     | <i>absence totale de percolation</i>                                                                             |    |
| $p_c = 0.618$ | <i>existence d'une probabilité critique en deçà de laquelle figurent des phénomènes de percolation médiocres</i> | La |
| $p_c = 1$     | <i>phénomène de percolation optimum (matériau creux par exemple)</i>                                             |    |

figure VIII-4 résume ces différentes possibilités

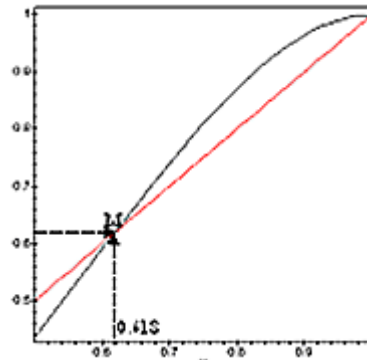


Figure VIII-4 Seuil critique de percolation

### VIII- Simulation de phénomènes de percolation par site vs. la fonction de la probabilité critique

Le modèle géométrique de grille retenu est de type huit lignes - huit colonnes. Les sites "secs" sont représentés par des cercles vides, les sites "saturés" par des cercles noirs. Nous avons testé différentes valeurs de la probabilité critique  $p_c$  pour juger de l'influence de cette dernière sur la qualité de la percolation induite. Notons qu'une percolation est réalisée lorsque partant d'un site "saturé" (cercle noir) situé sur une frontière de la grille, il convient de rallier la frontière opposée en "navigant" uniquement sur des sites saturés", tout site "sec" forme alors un obstacle à la transition du fluide.

La figure VIII-5 illustre deux cas d'absence de percolation totale sur une grille ( $7 \times 7$ ) pour une probabilité de percolation  $p \leq 0.5$ . Cela se traduit par exemple par l'impossibilité de relier directement, c'est-à-dire sans obstacle, deux bords de la grille.

En épidémiologie, la percolation partielle peut signifier soit une absence de propagation de l'agent pathogène pour  $p \ll 0.5$  ou une propagation limitée en temps et/ou dans l'espace. Il s'agira alors d'une épidémie localisée ou à la limite une endémie. Le seuil de percolation joue donc le rôle d'un agent de veille sanitaire et d'alerte. Le problème est de mettre en place une méthodologie algorithmique du calcul de la probabilité de percolation et de la comparer au seuil de la probabilité critique  $p_c$ .

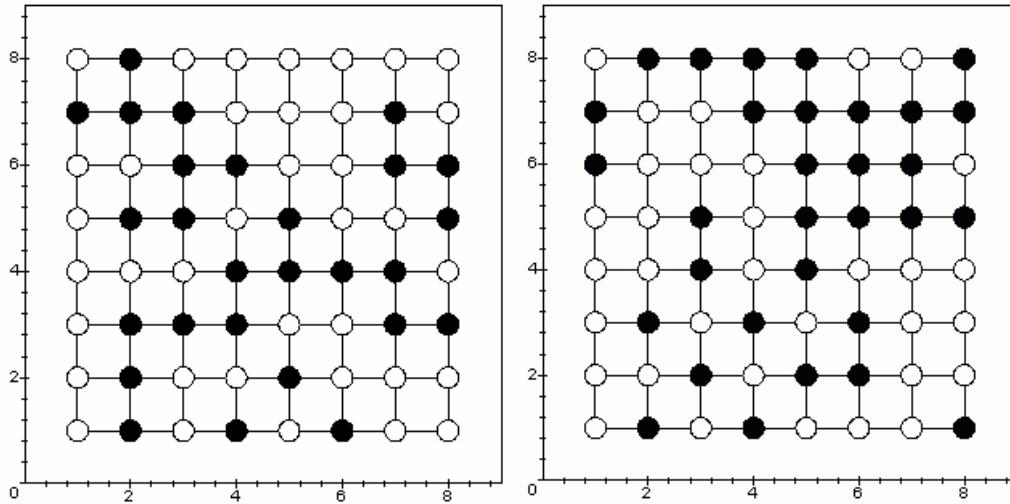
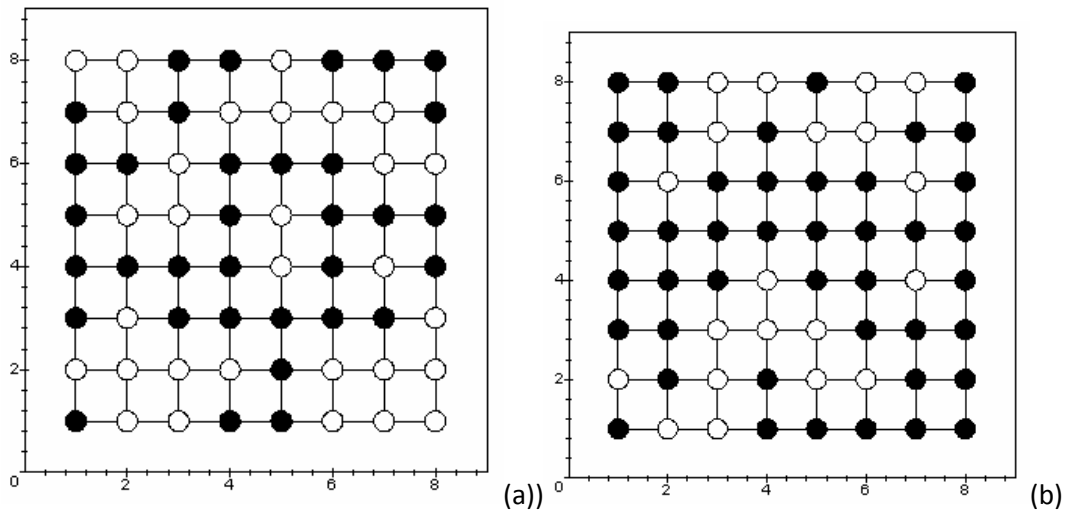


Figure VIII-5 Deux cas d'absence de percolation – probabilité de percolation  $p \leq 0.5$

La **figure VIII-6 (a)** illustre parfaitement le rôle de la probabilité critique  $p_c$  qui, pour  $p_c = 0.617$  ne révèle aucun phénomène de percolation (figure VIII-6 (b), alors que pour  $p_c = 0.618$  un cheminement de percolation balisé par des flèches est repéré dans le sens descendant à la frontière droite de la grille.

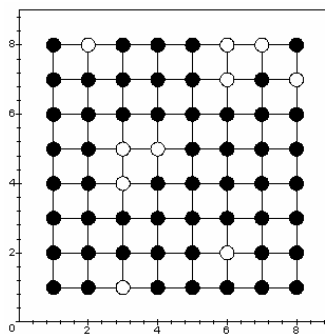


(a) probabilité de percolation  $p = 0.617$

(b) Probabilité de percolation  $p = 0.618$

Figure VIII-6 le phénomène de percolation au voisinage de la probabilité Critique

Lorsque la valeur de la probabilité  $p$  augmente, le phénomène de percolation devient sensible et tend à se généraliser. La figure VIII-7 représente un cas de tendance à la généralisation du phénomène de percolation. est obtenue pour une probabilité de percolation  $p = 0.8$  par un et se traduit par un nombre de cercles pleins (noirs) relativement élevé. Si, dans le cas limite on pose  $p = 1$ , on noterait une situation de percolation totale dans laquelle la grille ne renfermerait que cercles pleins. Affirmer donc qu'il existe bien une dynamique de percolation n'est pas exagéré. L'extrapolation de cette dernière à l'expansion d'une épidémie permettra de suivre, en termes de phases, l'évolution d'une épidémie au sein d'une population par la prortion entre les individus sains (le cercles vides de la grille) et ls individus contaminés (les cercles pleins de la grille)



Probabilité de percolation  $p = 0.8$

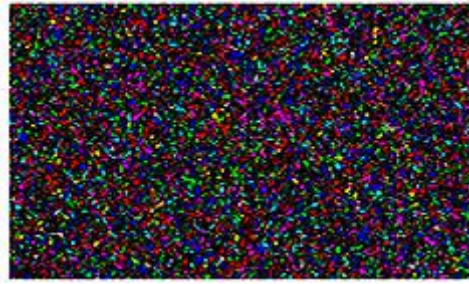
Figure VIII-7 Un exemple de percolation en phase de généralisation

### IX- -Simulation d'un effet de percolation par les amas

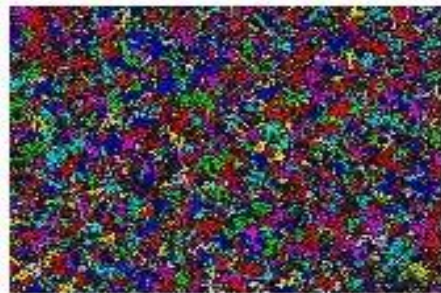
Au-delà de la percolation par sites quelque peu restrictive, la percolation par amas de sites diffère du premier cas cité puisque mettant en jeu de manière aléatoire un agrégat de cellules "remplies" avec cependant la particularité que celui-ci doit avoir deux côtés opposés de la grille. Relativement à une grille carrée de dimension  $L$  et à une probabilité  $p$ , on génère aléatoirement pour chaque cellule, un nombre appartenant à l'intervalle  $[0,1]$ ; une cellule serait déclarée vide si le nombre aléatoire généré est inférieur à  $p$ . Diverses simulations (animées lors de l'exécution du programme informatique de conception) pour différentes valeurs de la probabilité  $p$  sont données par les images ci-dessous.. Il est remarqué que la percolation est médiocre pour des valeurs  $p$  inférieures à 0.5 alors que débute une percolation effective pour  $\approx 0.5$ . Nous situons la probabilité critique autour de cette valeur, bien que les diverses analyses statistiques menées dans ce domaine penchent vers  $p_c \approx 0.592$ . (figure VIII-8)



(a) Probabilité  $p = 0.1$



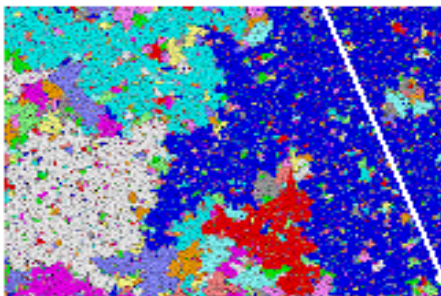
(b) Probabilité  $p = 0.4$



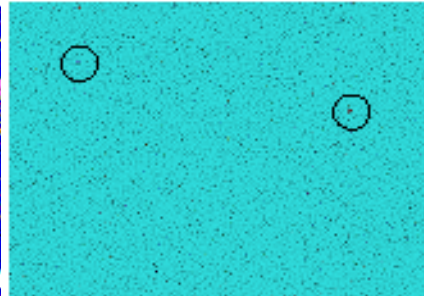
(c) Probabilité  $p = 0.5$



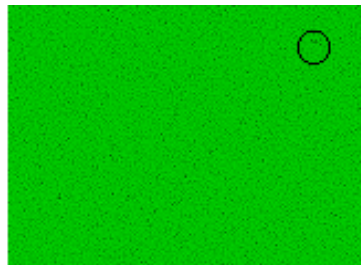
(d) Probabilité  $p = 0.59$



(e) Probabilité  $p = 0.59275$



(f) Probabilité  $p = 0.8$



(g) probabilité  $p = 0.9$

Figure VIII-8 simulations de percolation par les amas



Pour la gamme de valeurs de la probabilité  $p = 0.1$ ,  $p = 0.4$ ,  $p = 0.5$  (figure VIII-8\_ (a),(b),(c)) le processus de percolation est quasi – inexistant. Pour  $p = 0.59$  (figure IX-8 (d)), commencent à apparaître des embryons d'amas de percolation sans en avoir cependant les caractéristiques. Le premier amas de percolation est affiché pour  $p$  égal à la probabilité critique soit  $p = 0.59275$  (figure IX-8 (e)) De couleur bleue sur la figure, il relie deux côtés opposés de la grille (flèche blanche). L'attribution au paramètre  $p$  de valeurs plus élevées induit une tendance à l'uniformisation et à une unicité de la couleur traduisant ainsi une tendance vers une percolation totale. Ainsi, pour  $p = 0.8$  (figure IX-(f)) cette tendance est respectée sauf qu'il subsiste encore des îlots non occupés que nous avons cernés par des cercles. Même remarque pour  $p = 0.9$  (figure IX-8 (g)) avec cependant une diminution de sites non occupés avec à terme (pour  $p = 1$ ) l'obtention de couleur unie, synonyme de percolation totale, donc d'un matériau d'une saturation maximale (100%).

L'exhibition d'un comportement fractal au sein des amas de percolation n'est pas évidente quoique prévisible car les mécanismes physiques du phénomène de percolation sont proches de ceux de la diffusion, un exemple type de processus fractal. Il est fort probable qu'au sein même des amas de percolation, des phénomènes de transition de phase induits par les états du fluide de percolation, conduisent à des cas de self – similarité fractale. Il est cependant un cas prouvé de l'existence d'une fractalité dans la percolation : la mise en évidence d'une dimension fractale. Pour une grille de dimension  $L$  sur laquelle s'est développé le phénomène de percolation par les amas, on isole l'amas le plus large et dont on estime le nombre  $M$  de cellules qui le composent. Ce dernier dépend de la probabilité  $p$  à la suite de laquelle il est apparu, cette probabilité étant elle – même à comparer à la probabilité critique  $p_c$ . Ainsi pour  $p = p_c$ , des simulations ont conduit à la relation de proportionnalité  $M \propto L^{1.9}$ , l'exposant non entier dans cette loi de puissance définit la dimension fractale de l'amas de percolation considéré.

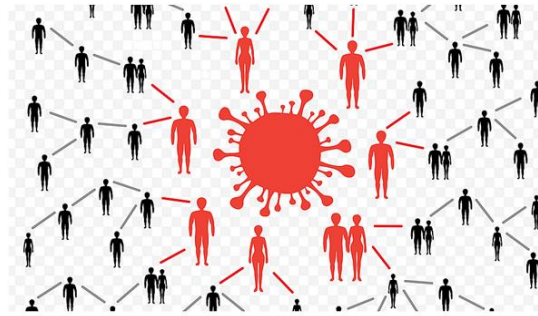
## **X- Seuil de percolation et propagation d'épidémie**

### **X-1 Un scénario de propagation d'une épidémie**

Tout comme la contamination des arbres du verger voisins du premier arbre infecté (source ou génération 0); le nombre d'infections augmente soudainement une fois franchi le seuil de percolation. C'est l'effet de percolation sur la propagation d'une épidémie. La propagation du virus se développera de manière exponentielle au sein de la population dépassant le stade des clusters. Utilisé en épidémiologie, la percolation était à l'origine un concept physico-mathématique.

A regarder de près, la circulation d'un virus ou tout autre agent pathogène au sein d'une population, présente des similarités avec le cheminement d'un fluide à travers un milieu poreux. Dans les deux cas il s'agit d'un phénomène de transmission dont la nature varie avec le milieu

de transmission. Dans le cas de l'épidémie du Covid-19 par exemple, le vecteur moteur de la contagion est le contact entre les individus susceptibles de contracter la maladie et les individus infectés ou infectieux auquel il faut ajouter le brassage des communautés.



Propagation d'une épidémie : un phénomène de contacts

Il existe donc une probabilité à la base de la transmission au sein des entités qui constituent la trame sociale constitutive de la population (famille, voisinage, communauté professionnelle par exemple. L'essentiel des contacts se déroule donc au sein de groupes sociaux ou "clusters" (figure VIII-9).

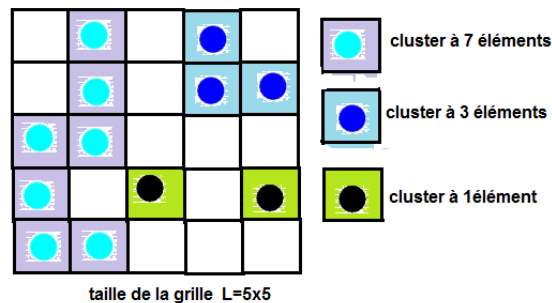


Figure VIII-9 Emergence de clusters dans une grille

Les premières étapes d'une épidémie peuvent être modélisées par une représentation géométrique dont les arêtes codifient les interactions entre individus. Le caractère nouveau de ce mode de représentation est que chaque individu infectieux peut développer plus d'une connexion avec les individus susceptibles. Diverses probabilités de contamination peuvent alors être envisagées. Au-delà du fait qu'un individu infectieux peut n'a pas qu'un seul mode d'interaction avec un susceptible, il y lieu aussi d'envisager dans la percolation, un autre concept du taux de reproduction de base  $R_0$  qui peut être exprimé le long des arêtes du modèle géométrique.

## **X-2 Effet de percolation et propagation d'une épidémie**

L'effet de percolation ou effet de seuil est un concept physique bien adapté aux études épidémiologiques où il rend compte, comme pour le percolateur, de l'effet où le virus se fraie un chemin pour se propager dans une population par passage d'un cluster à un autre, à partir de conditions initiales précises dont la valeur du taux de reproduction de base  $R_0$ . Le seuil de percolation est le témoin d'un basculement où le nombre de contaminations peut "exploser" subitement sans raison apparente. La transmission du virus semble provenir d'une interconnexion même indirecte des clusters.

Le problème essentiel posé par le seuil de percolation est la détermination de l'instant où il se produit ou bien pourrait se produire (cas de prévision). Là se situe la problématique du seuil de percolation. Certains épidémiologistes le relie à la masse virale en ce sens que le phénomène de propagation du virus dépasse le contexte des clusters pour contaminer l'ensemble de la population

## **XI- Percolation et feu de forêt**

Le changement de l'état temporel des nœuds dans un réseau selon une règle prédéterminée, permet de suivre l'évolution globale de ce réseau. Pour représenter cet aspect évolutif, un exemple d'illustration est donné par le phénomène de percolation appliqué à un feu de forêt.

### **XI-1 Scénario de l'embrassement d'une forêt**



Nous considérons le cas simple d'une forêt dont la géométrie spatiale est celle d'un rectangle de dimensions connues peuplé d'arbres aléatoirement plantés, mais supposés régulièrement espacés. La simulation d'un incendie au sein de cette forêt n'obéit pas nécessairement à une localisation spatiale précise en ce sens que l'incendie peut être initié à partir en tout point de la surface de la surface géométrique quoique les bords de la forêt nécessitent un traitement particulier dans la propagation du feu. Les éléments constitutifs de la forêt (les arbres) sont assimilables à des nœuds ou individus du réseau forestier. La transmission des flammes d'un arbre à un autre s'effectue via un mode spécifique comme la présence de broussailles ou de brindilles ou l'occurrence du vent. Elle s'apparente à un phénomène de contact accompagné d'un état de contagion (feu transmis à un arbre sain).

Sur la figure VIII-10 illustre un feu de forêt en cours d'évolution; trois états caractérisent chaque arbre: un état sain ou arbre vert (couleur verte), un état "enflammé" assimilable à une infection (couleur rouge) et un état de carbonisation totale assimilable à un décès.

Le mécanisme de la propagation du feu comprend une succession d'étapes où chacune d'elles représentent un chaînon dans la transmission du feu partant d'un arbre en cours de combustion. Cette transmission se déroule par "contamination" par le feu des arbres les plus voisins. Le processus se reproduit identique à lui-même jusqu'à embraser avec cependant quelques précisions dont il sera fait état ci-dessous.

Il est à préciser que les arbres voisins d'un arbre en feu à une étape donnée ne s'enflamment pas nécessairement à l'étape suivante mais il existe une probabilité  $p$  qui conditionne cet évènement. De même, les arbres qui étaient en feu à une certaine étape se présentent sous la forme de cendres c'est-à-dire qu'ils ne participent pas au phénomène de propagation.. Ils sont représentés pas des cases noires sur la figure IX-11. De ce fait, ils deviennent un obstacle au phénomène de propagation.

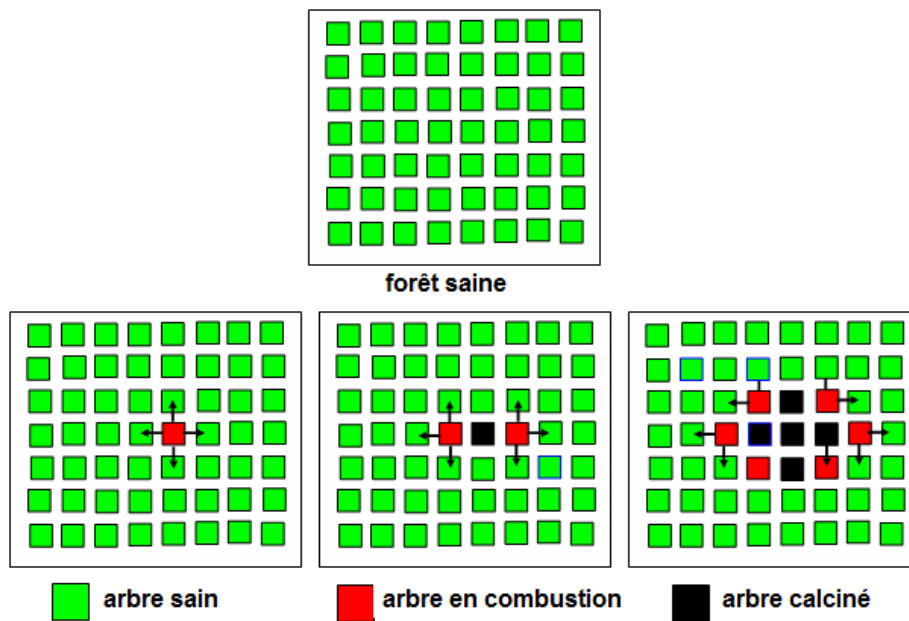


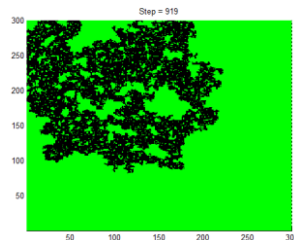
Figure VIII-10 Scénario de propagation d'un feu de forêt

### XI-2 Probabilité critique et embrasement d'une forêt- simulation

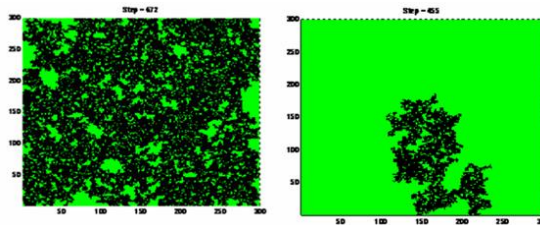
Le scénario d'embrasement partiel ou total des arbres de la forêt obéit à des hypothèses de percolation avec une probabilité de percolation  $p_c$  telle que  $p_c = 0.5$ . Cela représente en quelque sorte un seuil de percolation qui implique deux cas de figure

- Pour une probabilité  $p < p_c$ , nous assistons à un embrasement partiel de la forêt, très limité et parfois insignifiant.
- Pour une probabilité  $p > p_c$  (même légèrement), un embrasement quasi-général de la forêt pourrait survenir. Le seuil de percolation est ainsi dépassé et le phénomène de percolation devient effectif.

La figure VIII-11 représente trois cas de simulation de feux de forêt effectuée sous le langage de programmation Matlab. Précisons d'abord que les phénomènes sont aléatoires impliquant une configuration de la forêt brûlée variable à chaque exécution du programme uniquement sur le plan de la représentation mais avec une interprétation qui obéit aux mêmes arguments. Nous avons testé deux probabilités très proches de la probabilité critique  $p_c = 0.5$  qui fournit un schéma de référence. Ces probabilités sont  $p_1 = 0.49$  et  $p_2 = 0.51$ . Pour  $p_1 = 0.49$ , l'incendie est circonscrit à une zone limitée de la forêt alors que pour  $p_2 = 0.51$ , une vaste étendue de la forêt est dévastée. Au-delà de ces constatations qui corroborent les principes physiques de la percolation, un effet sélectif de l'étendue brûlée est à remarquer. Dans le cas d'un embrasement total de la forêt, des îlots d'espace verts échappent à la proie de flammes et sont restés sains, donc exempts de contamination.



$N = 300 \quad p = 0.50$



$N = 300 \quad P = 0.51$

$N = 300 \quad p = 0.49$

Figure VIII-11 Propagation d'un feu de forêt pour différentes valeurs de la probabilité critique

## **XII - Feu de forêt et propagation d'épidémie**

Il est établi que l'expansion d'un feu de forêt est un phénomène de percolation qui peut être global ou partiel. Le modèle pourrait sembler acceptable pour une modélisation de la propagation d'une épidémie. La probabilité critique et le mode de transmission du feu d'un arbre à un autre sont assimilable à un scénario de propagation (ou non) d'une infection. Cependant le modèle de feu forêt ne rend compte que partiellement de cette propagation. Certes on pourrait avancer l'argument que la présence de zones non brûlées (îlots verts) pourrait signifier que la propagation d'une épidémie ne saurait être globale. Certaines communautés spatialement localisées peuvent être à l'abri de la contamination. Sur le plan épidémiologique, cette dernière obéit à une dynamique de contact entre individus entre individus sains et individus infectieux. Les contacts peuvent se matérialiser de façon "statique" c'est-à-dire par rapport à un espace restreint. Il est aussi évident que la dynamique sociale faite de mouvements et d'échanges entre les individus est aussi un vecteur fondamental dans la propagation d'une épidémie. Un feu de forêt, de par la nature des éléments qui la composent (les arbres) ne peut prendre en considération cette dynamique sociale.

## CHAPITRE IX

### THEORIE DES RESEAUX ET PROPAGATION D'EPIDEMIE

#### I- Réseaux Concepts généraux

##### I-1 Les réseaux: entre théorie et applications

La théorie des réseaux suscite de nos jours un intérêt croissant tant dans le domaine de la recherche en physique, mathématique et informatique que dans leur application dans la modélisation de processus physiques et dynamiques dont la propagation des épidémies, thème du présent travail.

La théorie des réseaux est l'étude des graphes (on parle souvent de théorie des graphes) conçus comme des représentations de relations symétriques ou asymétriques entre des objets discrets. Les nœuds et les liens (arêtes) perçus comme des attributs, répondent à une topologie (distribution) spatiale laquelle conditionne le fonctionnement et partant l'interprétation du réseau. Du point de vue théorique, on peut aussi affirmer qu'un réseau consiste en une observation d'un processus dans le but est d'en extraire des informations soit par les techniques descriptives, ou par les approches statistiques et des lois de connectivité. Le critère topologique d'un réseau induit des approches descriptives, des modèles algorithmiques afin d'obtenir une meilleure description de la connectivité d'un réseau.

##### I-2 Conception d'un réseau

La théorie des graphes, relativement ancienne, connaît avec l'essor des Technologies de l'Information et de la Communication (TIC) un développement ascensionnel pour investir des domaines les plus actuels et tout aussi variés comme l'Internet, le World Wide Web (WWW), les réseaux sociaux (Facebook, Twitter,...). Dès lors, la théorie des graphes se mue n théorie des réseaux beaucoup plus représentative dans le domaine technologique.

La théorie des réseaux se situe à l'intersection des mathématiques, des sciences sociales et bien d'autres disciplines telles que le transport, la biologie, les communications. Le vocabulaire affecté à la théorie des réseaux varie d'un domaine à un autre. Ainsi les réseaux sociaux sont basés sur la notion "d'individus" ou "d'acteurs" et le critère fondamental "de contacts" (relations sociales). Dans la théorie des graphes, on privilégie les notions équivalentes de "nœud", de "sommet (vertice)" et de "lien ou d'arête (edge)" et de "connexion".

Les réseaux sociaux basés sur la notion de contact, font appel à des notions d'organisation sociale spécifiques (famille, tribu, communauté, clique, clan, ...) avec un paramètre de caractérisation des relations que peuvent entretenir entre elles ces différentes composantes: nature, densité, mode de transmission des informations, ... mathématique et informatique. Il s'agit donc plus d'un aspect qualitatif des relations avec une tendance actuelle à la modélisation mathématique et informatique.

En théorie des graphes, un réseau peut être défini comme un outil de transmission des informations via une configuration rationnelle et réfléchie de la topologie des connexions. La jonction entre les réseaux communément étudiés et les réseaux sociaux tels que conçus de nos jours réside dans le fait que les deux à une même discipline de la physique: la dynamique des systèmes, chacune d'elles étant matérialisée par un formalisme mathématique propre. On parle alors de modélisation mathématique du système de la dynamique considérée. Le présent travail en est un aspect, celui de la dynamique de propagation d'une épidémie. Les concepts fondamentaux d'abord de la modélisation de phénomènes ou de système dans leur aspect conceptuel qualitatif puis de la modélisation mathématique sous l'angle d'une description quantitative à base généralement d'équations différentielles. La méthodologie de résolution de ces dernières se présente comme un objectif fondamental avec comme finalité la matérialisation du système ou du phénomène étudiés. Cependant, les solutions analytiques aussi élégantes que puissantes soient elles, s'avèrent insuffisantes pour rendre compte des aspects qualitatifs du système ou du phénomène. Il faut donc adjoindre aux solutions des mécanismes d'interprétation et de représentations les plus expressives possibles. La démarche graphique et la théorie des réseaux deviennent alors de puissants modèles de représentation.

### **I-3 Connectivité d'un réseau**

Dans forme basique, un réseau peut être défini comme un assemblage de sommets et de liens. Cependant ces entités ne peuvent conçus isolément en termes quantitatifs c'est-à-dire de leur nombre et quantitatifs sur le plan de la nature des combinaisons qui peuvent régir la structure interne du réseau. La connectivité dans un réseau décrit le processus extensif de connexion des différentes parties d'un réseau entre elles ainsi que le mode de fonctionnement de ce processus. On retiendra donc que la connectivité concerne certes les composants élémentaires d'un réseau mais aussi différentes parties de ce réseau. Les termes associés à la connectivité comprennent aussi la topologie du réseau qui se rapporte à l'organisation interne de ce dernier dans son ensemble.

En théorie des graphes, un réseau peut être défini comme un outil de transmission des informations via une configuration rationnelle et réfléchie de la topologie des connexions. Le nombre et la nature de ces dernières définissent l'état de connectivité dans le réseau.



La figure X-1 est un exemple de représentation graphique de la structure d'un réseau mettant en évidence la distribution spatiale des sommets ( $A, B, C, D, E, F, G$ ) et les liens volontairement choisis pour assurer la fonction de connexion (figure IX-1).

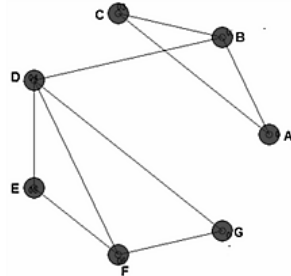


Figure IX-1 Un exemple de réseau structuré en 7 sommets et 9 arêtes

D'autres modes de représentations d'un réseau qui ne font pas référence à son image graphique existent. Le tableau de la figure IX-2 en est un exemple et peut être qualifié de tableau de connectivité. La ligne externe et la colonne externe sont affectées aux nœuds du réseau précédent. Les cercles pleins indiquent l'existence d'une liaison entre le nœud référence situé sur la colonne et chacun des nœuds de la ligne externe. A noter que la connectivité est réflexive en ce sens que, par exemple, la liaison ( $A, B$ ) est identique à la liaison ( $B, A$ ) ce qui explique que la partie supérieure du tableau est à prendre en considération. Il est aussi à préciser qu'un sommet ne peut être connecté à lui-même. Ces deux dernières remarques ne sont pas une règle générale.

Nœuds	A	B	C	D	E	F	G
A		●	●				
B			●	●			
C							
D					●	●	●
E						●	
F							●
G							

Figure IX-2 Nœuds en connexion dans un réseau

Cette représentation d'un réseau sous la forme d'un tableau est souvent appelée "méthode de la liste d'adjacence". Elle permet une vue d'ensemble sur les sommets connectés ou pas et la possibilité d'ajouter ou retrancher des sommets.

Les réseaux peuvent aussi être représentés par leur matrice de connectivité (ou de contiguïté) les lignes et les colonnes désignent les nœuds tandis que les entrées indiquent e leur direction (s liens ou arêtes). Outre le type de connectivité (connectivité fonctionnelle par exemple), les liens sont aussi différenciés en fonction de leur poids et leur orientation.

## II- Réseaux usuels

### II-1 Réseaux sociaux

Tel que défini par Wasserman (1994), un réseau social est constitué d'un ensemble de structures (ou entités) complexes composés d'un ensemble fini d'acteurs sociaux interagissant et interconnectés et par les relations préalablement établies entre eux. La science qui a pour objet l'étude qualitative et quantitative des réseaux sociaux est "la sociométrie". La représentation graphique des acteurs et de leurs relations est appelé "sociogramme". Notons qu'un individu peut faire partie de plusieurs réseaux sociaux. La nature de ces réseaux et la connexion de l'individu au sein d'un même réseau peut varier considérablement. Ainsi, les réseaux sociaux peuvent s'écarter des relations traditionnelles de parenté, d'amitié mais peuvent être prolongées aux relations de travail ou de proximité géographique. Un réseau social peut revêtir différentes formes en fonction de l'attribut affecté aux relations entre les individus qui partagent les mêmes intérêts ou la même passion de communication et Les différents types de relations possibles forment le réseau et l'opération résultante est le réseautage social. L'émergence de sites Web a grandement influencé l'émergence de réseaux sociaux d'échanges. En extrapolant, les réseaux sociaux peuvent être à l'origine de la naissance de communautés liées par des objectifs ou visions communes. La figure IX-3 est une image illustrant la variété et la complexité des réseaux sociaux contemporains.



Figure IX-3 Réseaux sociaux contemporains

La figure IX-4 est un exemple de réseau social.



Figure IX-4 Un exemple de réseau social <https://commons.wikimedia.org/w/index.php>

## II-2 Réseau de neurones biologiques vs. Réseau de neurones formels

### II-2-1 Réseau de neurones biologiques

La notion de neurones en biologie renvoie à deux préoccupations majeures: la compréhension et la modélisation des relations fonctionnelles du cerveau humain. Dans ce dernier, le comportement global des neurones est à l'origine du traitement de l'information. Un neurone biologique est une cellule nerveuse reliée à d'autres par des liaisons, ce qui établit ainsi l'image répandue d'un réseau peuplé de nœuds et d'arêtes. La cellule nerveuse est l'entité de base du système nerveux. Les biologistes estiment que la structure du cerveau humain repose sur 100 milliards de neurones liés entre eux par près de 10 000 contacts ainsi un réseau à très forte complexité (figure IX-5).



Figure IX-5 Réseau de neurones biologiques

### II-2-2 Structure d'un neurone biologique

Un neurone biologique est formé d'un corps cellulaire, véritable centre de contrôle et de régulation, occupant la fonction de synthèse et de somation des informations qui parviennent à ce neurone. Le résultat est alors transmis sous la forme de signaux électriques, du corps cellulaire aux entrées des autres neurones auxquels il est connecté via une liaison biologique appelée "axone". Les axones jouent un rôle fondamental dans le comportement logique de l'ensemble. Le neurone est doté de terminaisons sous la forme de ramifications nommées "dendrites" par lesquelles transite l'information en provenance de l'extérieur vers le corps cellulaire. Les synapses dotées à leur extrémité de boutons synaptiques, reçoivent des informations des autres et grâce à l'axone, permettent aux neurones de communiquer entre eux (figure IX-6)

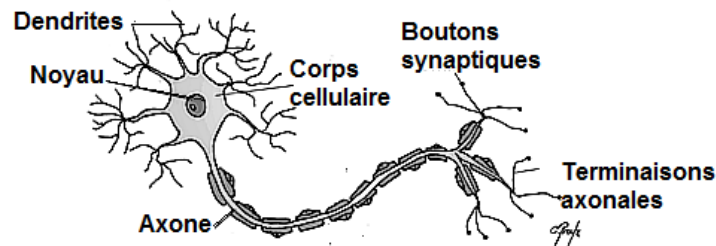


Figure IX-6 Structure d'un neurone biologique

### II-2-3 Structure d'un neurone formel (artificiel)

Les neurones qui constituent le cerveau humain réalisent l'essentiel des activités neurologiques à travers des applications relativement simples: mémorisation, reconnaissance des formes, prise de décisions, ... Cependant ces applications ont montré certaines limites, en

dépit des solutions palliatives proposées par l'algorithmique ou l'intelligence artificielle (IA); L'idée d'imiter et non de copier le fonctionnement du cerveau exploite le principe de système apprenant qui caractérise ce dernier. A ce propos, les réseaux de neurones artificiels ou formels exploitent la dynamique d'apprentissage du cerveau humain et deviennent ainsi involontairement une approche de modélisation du cerveau. L'organisation spatiale des neurones artificiels fournit la structure du réseau formel ou artificiel( RNA ou ARN pour *Neural Artificial Network*).

Un neurone artificiel comprend plusieurs entrées  $\{e_1, e_2, e_3, \dots\}$ , munies chacune d'un poids, ou pondération respectivement  $\{w_1, w_2, w_3, \dots\}$ . Les produits *poids*  $\times$  *entrées* transitent à travers un "sommateur"  $\Sigma$  qui en effectue la somme

$$. S = \sum_i w_i e_i$$

Un seuil de référence  $\theta$  est fixé préalablement par l'opérateur en fonction du problème à résoudre. Un test somme-seuil est alors effectué donnant les alternatives suivantes (Figure IX-7)

$$\begin{cases} \text{somme} > \text{seuil} & \rightarrow \text{sortie} = 1 \\ \text{somme} < \text{seuil} & \rightarrow \text{sortie} = 0 \end{cases}$$

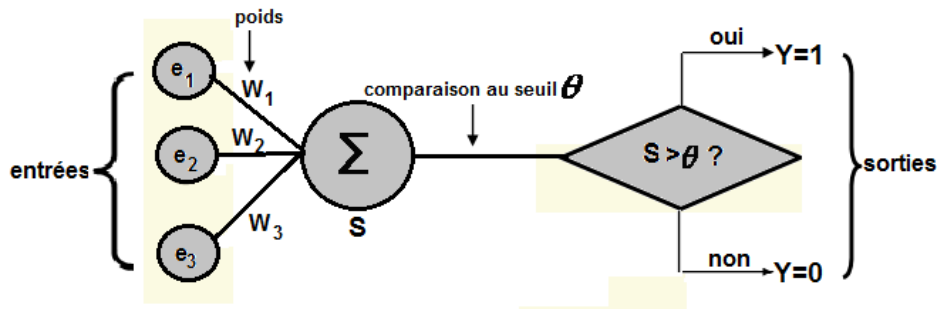


Figure IX-7 Structure d'un neurone artificiel

### II-2-4 Correspondances neurone biologique-neurone artificiel

La structure d'un neurone biologique (donc naturel) va servir de base à la conception d'un neurone formel (donc artificiel) à condition d'établir une correspondance de ce dernier par rapport au premier cité. Le tableau suivant résume ces correspondances (figure IX-8).

Neurone biologique	Neurone artificiel
axone	Signal de sortie
dendrite	Signal d'entrée
synapse	Poids de la connexion

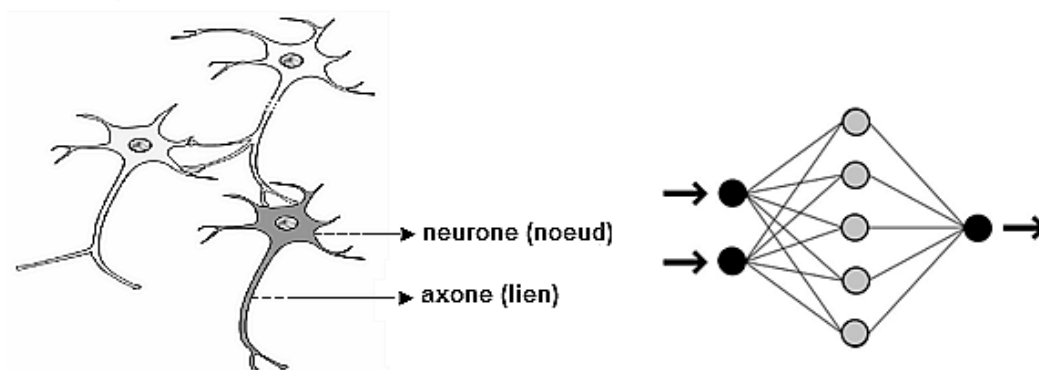


Figure IX-8 Réseau de neurones biologiques vs. réseau de neurones formels

### III- Le réseautage

Quoique considéré comme un concept très ancien, le réseautage a été ressuscité grâce aux nouvelles technologies de l'information et de la communication (TIC) grâce aux possibilités inégalées offertes par l'Internet par le biais des groupes Web. La notion de réseautage social consiste en l'utilisation de moyens virtuels afin de promouvoir les échanges entre individus ou groupes d'individus par le biais d'un élargissement des connexions entre ces derniers (figure IX-9)



Figure IX-9 Configuration d'un réseautage

### IV- Théorie des graphes

#### IV-1 Historique

On peut affirmer que le mathématicien suisse Léonard Euler fut le précurseur de la théorie des graphes. En effet, il fut amené en 1741 à résoudre le problème dit des sept ponts de Königsberg consistant à planifier l'itinéraire d'une promenade dans la ville de Königsberg en partant d'un point donné et en revenant à ce même point mais sans passer deux fois par chacun des sept ponts de la ville (figure IX-10).

Au XX<sup>ème</sup> siècle, la théorie des graphes connaît un essor remarquable dû au développement de la théorie des graphes, des études algorithmiques et de l'outil informatique.

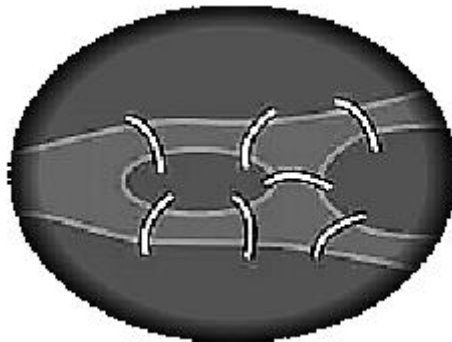


Figure IX-10 Les sept ponts de Königsberg

Pour l'Histoire, Léonard Euler a montré que le problème n'a pas de solution avec les arguments suivants

- Comme le promeneur doit revenir au point de départ, il doit décrire ce que l'on appelle communément une boucle fermée et mathématiquement un cycle (le cycle eulérien)
- Pour satisfaire à la condition disant "qu'un pont ne doit pas être traversé plus d'une fois, le nombre de ponts à l'aller doit être égal au nombre de ponts au retour. Il faut donc avoir un nombre pair de ponts ce qui n'est pas le cas puisque la ville de Königsberg possède un nombre impair de ponts.

#### IV-2 Le graphe et ses représentations

Un graphe est une structure de données composée des deux éléments suivants:

1. Un ensemble fini de sommets également appelés nœuds.
2. Un ensemble fini de paires ordonnées de la forme  $(i, j)$  appelée arête (figure IX-11).

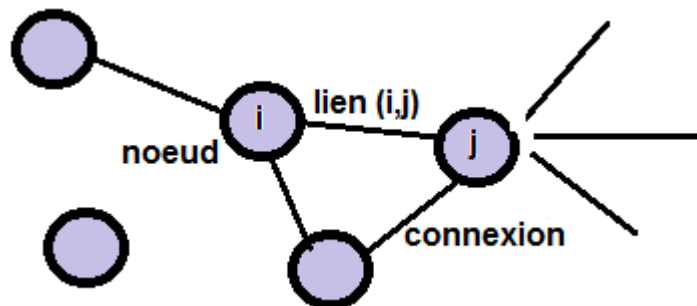


Figure IX-11 Eléments constitutifs d'un réseau

Le couple est ordonné car  $(i, j)$  est différent du terme  $(j, i)$  dans le cas d'un graphe orienté (di-graph couple de la forme  $(i, j)$  indique qu'il y a une arête qui joint le sommet  $i$  et le sommet  $j$  (nœuds interconnectés). Les arêtes peuvent contenir poids / valeur / coût.

Les graphiques sont utilisés pour représenter de nombreuses applications réelles et les réseaux. Les réseaux peuvent par exemple inclure des chemins dans une ville, un réseau téléphonique ou un réseau électrique. Les graphes sont également utilisés dans les réseaux sociaux comme LinkedIn, Facebook. Par exemple, dans Facebook, chaque personne est représentée par un sommet (ou nœud). Chaque nœud est une structure et contient des informations telles que l'identifiant de la personne, le nom, le sexe et les paramètres régionaux. Le réseau le plus connu est le réseau social où les nœuds sont des individus et les liens définis suivant une convention tels que le lien de parenté par exemple, ou un lien d'amitié etc. Le lien dépend donc d'une convention d'une définition ce qui pourrait impliquer de réseaux (graphes) de taille énorme.

A titre d'exemple, Facebook met en jeu un nombre de nœuds ou individus  $N \sim 2 \cdot 10^9$ . Un autre exemple concerne le réseau neuronal en biologie où les nœuds sont représentés par les neurones



et les liens par les axones qui conduisent l'influx nerveux d'un neurone à un autre. On estime à  $N \sim 10^{11}$  neurones. Le nombre de neurones que comporte le cerveau humain. Ces quelques exemples auxquels il est possible d'ajouter les réseaux de transport aérien ou ferroviaire, le réseau Internet ou le Web montrent à quel point la notion de réseau régit notre vie quotidienne influencée par le développement technologique.

### IV-3 Identification mathématique et intrinsèque d'un graphe

#### IV-3-1 Définition

Un graphe  $G = (V, E)$  est défini à partir de l'ensemble fini  $V = \{V_1, V_2, \dots, V_N\}$  (*vertices* en anglais) dont les éléments sont appelés "sommets" ou "nœuds" et par l'ensemble fini

$E = \{E_1, E_2, \dots, E_N\}$  et dont les éléments sont appelés "arêtes" (*edges* en anglais)

Un graphe peut revêtir deux aspects: il peut être orienté ou non.

#### IV-3-2 Identification par la nature des liens

La nature des liens ou arêtes assurant la connexion entre les sommets ou nœuds peut être un critère de classification fonctionnelle d'un graphe.

##### IV-3-2-1 Graphe non orienté

Le graphe  $G = (E, V)$  est dit non-orienté si la propriété suivante est vérifiée

$$\forall (V_i, V_j) \in V^2 \quad (V_i, V_j) \equiv (V_j, V_i)$$

Dans un réseau non-orienté le sens de parcours pour joindre deux sommets quelconques n'est pas spécifié. Ainsi, si l'on considère le graphe non orienté donné par la figure IX-12.

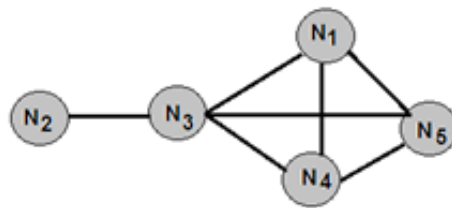


Figure IX-12 Un graphe non orienté

Nous identifions les deux ensembles suivants

$$\begin{cases} V = \{N_1, N_2, N_3, N_4, N_5\} \\ E = \{(N_1, N_5), (N_1, N_4), (N_1, N_3), (N_3, N_4), (N_3, N_5), (N_3, N_2), (N_4, N_5)\} \end{cases}$$

Sous la forme d'une liste d'adjacence, nous avons la représentation suivante (figure IX-13)

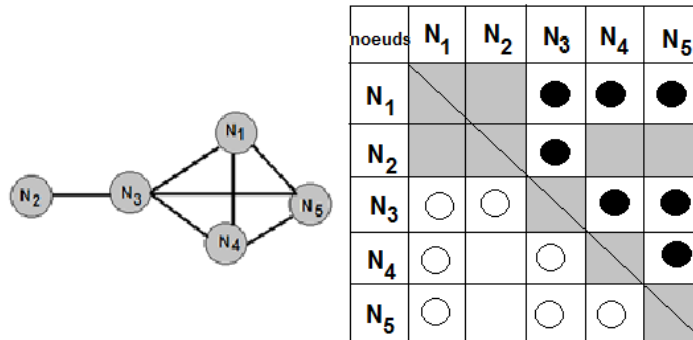


Figure IX-13 Un graphe et sa liste d'adjacence

Remarquons que les éléments du tableau (cercles noirs et blancs) présentent une symétrie par rapport à sa diagonale principale. Ceci tient au fait que les connexions  $(N_i, N_j)$  et  $(N_j, N_i)$  sont similaires.

### IV-3-2 Graphe orienté

Le graphe  $G = (E, V)$  es dit orienté si la propriété suivante est vérifiée

$$\forall (V_i, V_j) \in V^2 \quad (V_i, V_j) \neq (V_j, V_i)$$

Par rapport au couple  $(V_i, V_j)$ ,  $V_i$  représente le sommet initial(origine ou source) et  $V_j$  le sommet final (arrivée ou objectif) et l'on peut écrire  $V_i \rightarrow V_j$ . Dans le cas d'un graphe orienté, le couple  $(V_i, V_j)$  est appelé "arc". Dans un graphe orienté, le sens de parcours de pour joindre deux sommets quelconques a donc une connotation vectorielle et doit être pris en considération. La figure IX-14 est un exemple de réseau orienté muni du sens du sens de parcours des arêtes entre deux sommets.

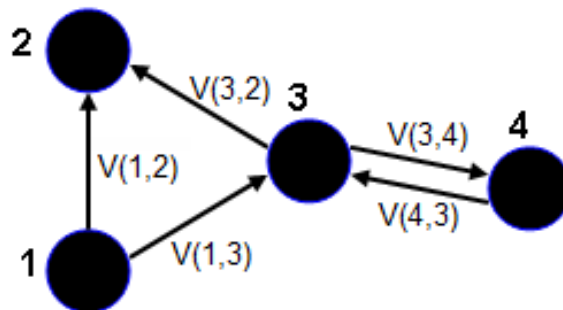


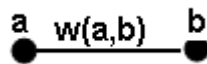
Figure IX-14 Un exemple de réseau orienté

## V- Graphe pondéré

### V-1 Notion de poids dans un graphe

Soit donné le graphe  $G(V, E)$  qui peut être indifféremment orienté ou non. On peut associer à chaque arête une valeur numérique entière et non négative appelée "poids" en définissant la fonction  $w: E \rightarrow R$  qui amène le graphe à noter le graphe  $G$  sous la forme  $G(V, E, w)$ . Un graphe répondant à cette définition est appelé "graphe pondéré". Le poids d'une arête est aussi appelé "coût".

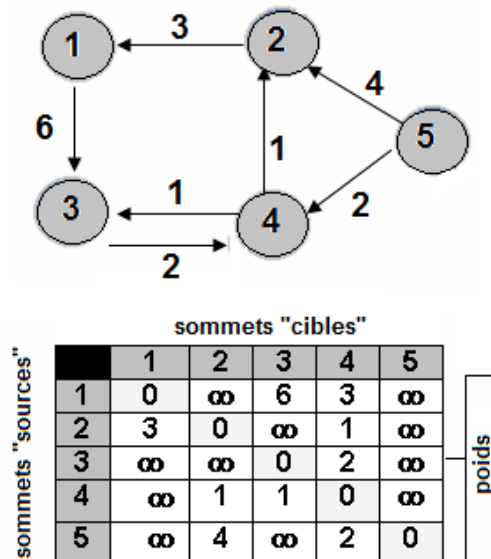
On désigne par  $w(a, b)$  l'arête  $e$  d'extrémités  $a$  et  $b$  donc telle que  $e = (a, b)$  et de poids  $w$ .



Le poids peut être alors noté  $w(e)$ . Il est évident que dans un graphe non orienté on a  $w(a, b) = w(b, a)$  pour tout  $(a, b) \in E$ .

### V-2 Représentations d'un graphe orienté pondéré

Un exemple de graphe orienté et pondéré est donné par la figure IX-15)



Architecture du réseau orienté pondéré

Représentation tabulaire du réseau orienté

Figure IX-15 Représentations d'un graphe orienté et pondéré

## VI- Représentations matricielles des graphes

Le tableau accompagnant le graphe orienté pondéré est semblable à une liste d'adjacence. La première colonne représente les sommets sources d'où jailliront les directions de connexion. La première ligne est constituée des sommets cibles vers lesquels convergeront les directions orientées de connexion. La non-connexion entre deux sommets est désignée par l'infinie.

### VI-1 Matrice d'adjacence d'un graphe non-orienté

#### VI-1-1 Construction de la matrice d'adjacence

Il s'agit maintenant de donner une représentation plus symbolique et plus mathématique d'un graphe non-orienté. Du tableau précédent, il se dégage deux états: un état de connexion et un état de non-connexion. Nous traduisons ces deux états sous forme binaire en écrivant

$$\begin{cases} \text{connexion} & \rightarrow 1 \\ \text{non-connexion} & \rightarrow 0 \end{cases}$$

Avec l'hypothèse qu'un nœud ne peut être connecté avec lui-même et notant  $N(i, j)$  le nœud correspondant à la ligne  $i$  et à la colonne  $j$ , obtient le schéma de remplissage suivant

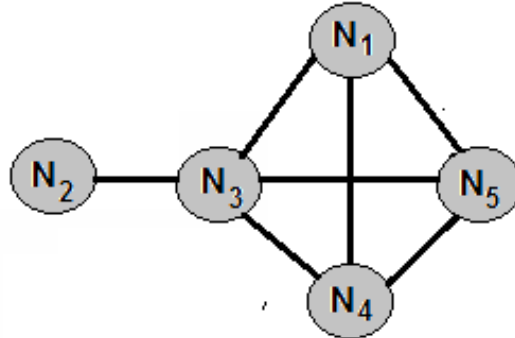
$$\begin{cases} N(i, i) = N(j, j) = 0 & \rightarrow \text{pas de connexion d'un nœud avec lui-même} \\ N(i, j) = N(j, i) & \rightarrow \text{présence de connexion} \\ N(i, j) = N(j, i) = 0 & \rightarrow \text{absence de connexion} \end{cases}$$

L'organisation de ces hypothèses sous la forme d'un tableau carré permet de construire ce que l'on appelle en théorie des graphes "la matrice d'adjacence" associé au graphe considéré. En notant  $A$  la matrice d'adjacence, il convient d'écrire

$$A = \begin{bmatrix} N(1,1) & N(1,2) & N(1,3) & N(1,4) & N(1,5) \\ N(2,1) & N(2,2) & N(2,3) & N(2,4) & N(2,5) \\ N(3,1) & N(3,2) & N(3,3) & N(3,4) & N(3,5) \\ N(4,1) & N(4,2) & N(4,3) & N(4,4) & N(4,5) \\ N(5,1) & N(5,2) & N(5,3) & N(5,4) & N(5,5) \end{bmatrix}$$

**VI-1-2 Illustration sur quelques modèles**

- **Premier modèle**



**Architecture du réseau**

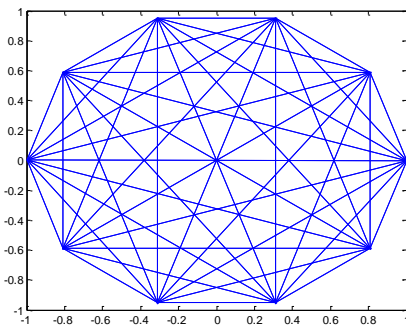
	N <sub>1</sub>	N <sub>2</sub>	N <sub>3</sub>	N <sub>4</sub>	N <sub>5</sub>
N <sub>1</sub>			●	●	●
N <sub>2</sub>			●		
N <sub>3</sub>	○	○		●	●
N <sub>4</sub>	○		○		●
N <sub>5</sub>	○		○	○	

**liste d'adjacence**

$$A = \begin{bmatrix} 0 & 0 & 1 & 1 & 1 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 0 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 1 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 1 & 1 & 0 \end{bmatrix}$$

**matrice d'adjacence**

- **Deuxième modèle**

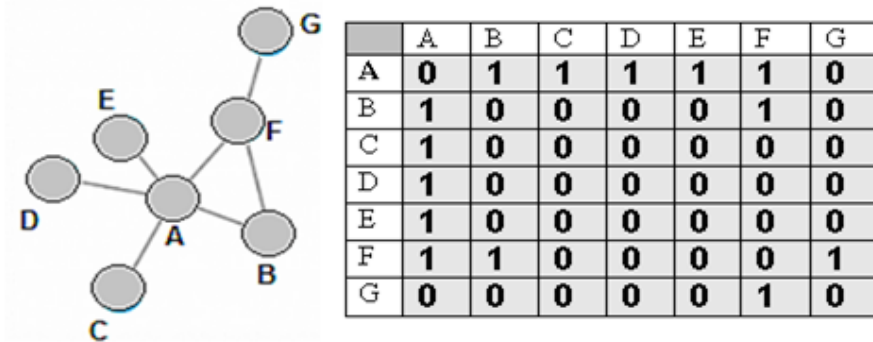


$$A = \begin{bmatrix} 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 & 1 \end{bmatrix}$$

Réseau à 10 nœuds tous interconnectés    Matrice adjacente (ones(10))

- **Troisième modèle**

-



**VI-2 Matrice d'adjacence d'un réseau orienté**

La figure xxx est un modèle de réseau orienté comprenant 7 sommets et 7 arêtes munie chacune de son sens de parcours. En tenant compte de l'orientation des arêtes, on construit le tableau liste d'adjacence de ces dernières. Les cases sombres représentent les connexions entre deux nœuds respectant le sens d'orientation des arêtes comme indiqué dans l'architecture du réseau. A ces cases on attribue la valeur 1. Les autres cases en clair ne rentrent pas dans cette considération. De ce fait, on leur attribue la valeur 0. Le tableau résultant représente la matrice d'adjacence du réseau orienté (figure IX-16).

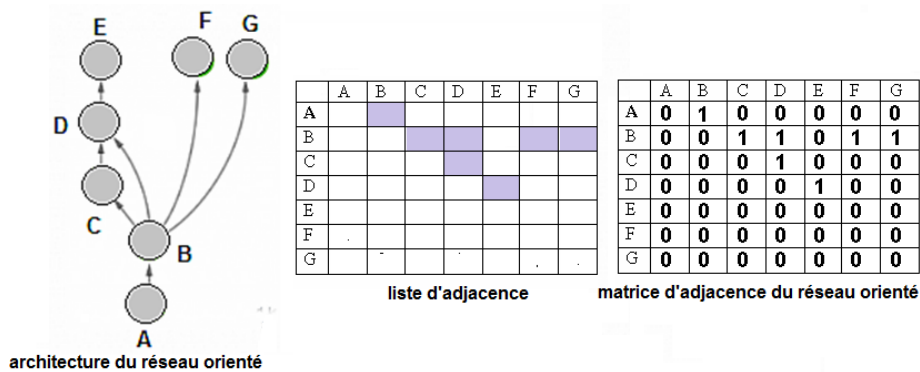


Figure IX-16 Construction de la matrice d'adjacence d'un réseau orienté

**VI-3 Matrice d'incidence d'un graphe**

La matrice d'incidence est un autre mode de représentation d'un graphe. Elle peut concerner tant les graphes orientés que non orientés.

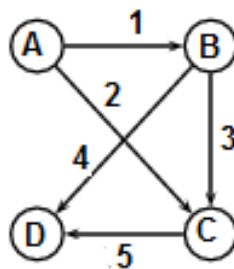
### VI-3-1 Matrice d'incidence d'un graphe orienté

Soit  $G$  un graphe orienté possédant  $n$  sommets et  $m$  arêtes, tout deux supposés numérotés respectivement de 1 à  $n$  et de 1 à  $m$ .

La matrice  $A$  de terme général  $a(i, j)$  représente la matrice d'incidence associée au graphe  $G$  est construite comme suit. Comme le graphe est orienté, le sommet  $i$  associé à l'arête  $j$ , peut être soit une origine soit une extrémité pour cette dernière. Si le sommet  $i$  est une origine pour l'arête  $j$ , alors  $a(i, j) = 1$ . Dans le cas où le sommet  $i$  est une extrémité pour l'arête  $j$ , alors  $a(i, j) = -1$ . En l'absence d'un de ces deux cas  $a(i, j) = 0$ .

Exemple:

Considérons le graphe orienté suivant et dont nous construisons les matrices d'adjacence et d'incidence



Dans la pratique on peut suivre ce mini-organigramme pour construire la matrice d'incidence (figure IX-17)

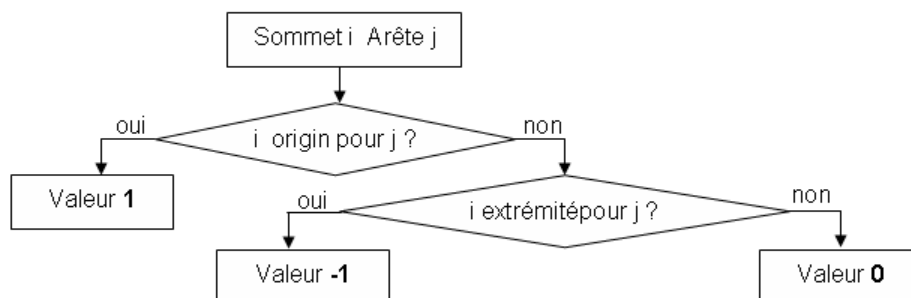


Figure IX-17 Organigramme méthodologique de construction de la matrice d'incidence (graphe orienté)

### VI-3-2 Un modèle de matrice d'incidence d'un graphe orienté

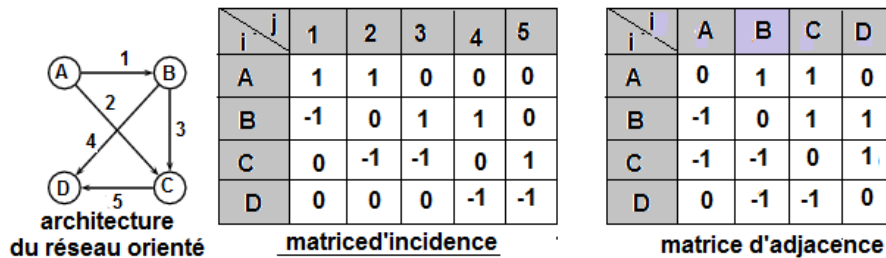
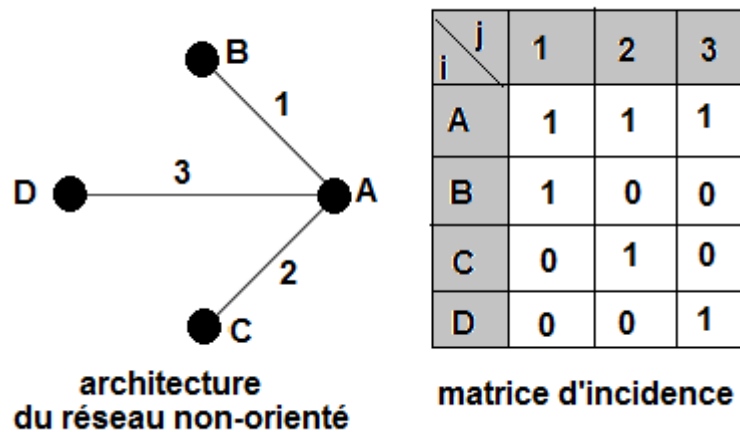


Figure IX- 18 Un modèle de réseau et de sa matrice d'incidence dans un graphe orienté

### VI-3-3 Matrice d'incidence d'un réseau non orienté

Dans un réseau non-orienté, la notion d'origine et d'extrémité n'existe pas. Elle est remplacée par le fait que deux sommets quelconques sont reliés dans un sens comme dans l'ordre. Considérons le réseau non-orienté accompagné de la matrice correspondance suivant (figure

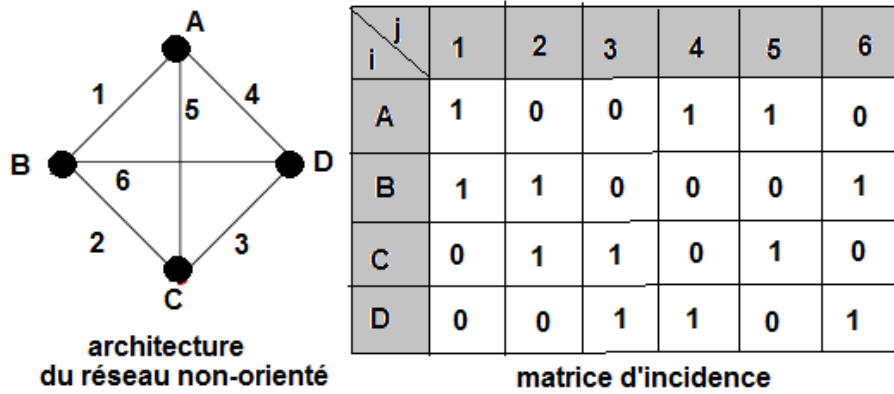


IX-19)

Figure IX-19 Matrice d'incidence d'un réseau non orienté

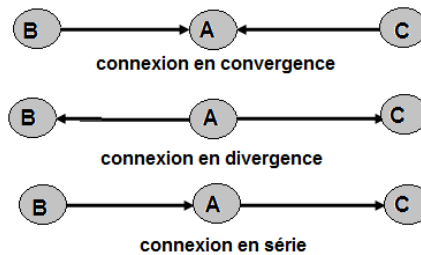


- Autre exemple



#### VI-4 Circulation de l'information dans un réseau orienté.

Dans un graphe orienté, il est à noter les formes de connexion suivantes



#### VI-5 Un exemple de réseau non-orienté pondéré – matrice d'adjacence

La matrice d'adjacence d'un graphe non orienté mais pondéré perd sa symétrie puisque chaque arête peut avoir son propre poids et la représentation de ce graphe est différente de celle du cas de- non pondération. Un exemple est donné par la figure IX-20 obtenue grâce à la syntaxe Matlab *biograph*.

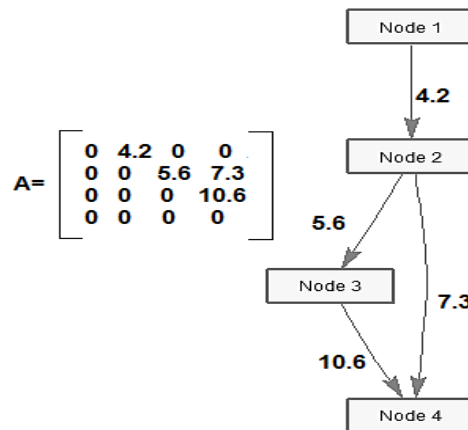


Figure IX-20 Un exemple de graphe non-orienté pondéré

Précisons que le sens des liens ne renvoie pas à un réseau pondéré car un lien ne peut être pondéré deux fois. Un autre exemple de réseau non-orienté pondéré acquis sous Matlab grâce à la syntaxe *biograph* est donné par la (figure IX-21).

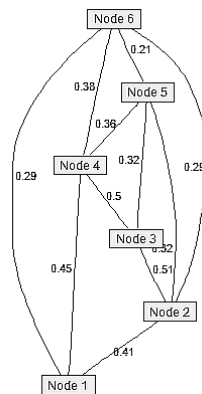


Figure IX-21 Réseau non-orienté pondéré engendré par la syntaxe *biograph*

## VII- Topologie de réseau

### VII-1 Au cœur d'un réseau

La topologie de réseau décrit le mode dont les nœuds, arêtes et autres périphériques sont spatialement, physiquement et "topologiquement" disposés le uns par rapport aux autres. On parle alors de caractéristiques topologiques de réseau et de schéma de connexion. De la conception de ce dernier découleront la dynamique de fonctionnement du réseau ainsi que l'évaluation des ses paramètres en termes de distribution des liens , de coefficients de regroupements ou clustering etc. D'une façon générale, la topologie de réseau se décline sous deux formes

- Une forme physique qui fait référence aux connexions physiques entre les nœuds et aux interconnexions
- Une forme logique faisant référence au mode d'organisation conceptuelle du réseau et à son fonctionnement

### VII-2 Quelques architectures topologiques de réseaux

Nous citons ci-dessous quelques formes de topologie de réseau

#### VII-2-1 Topologie maillée

Chaque nœud du réseau est connecté à un autre nœud par l'intermédiaire d'un lien particulier (figure IX-22)

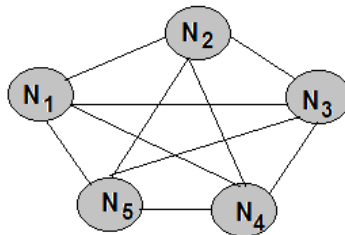


Figure IX-22 Topologie d'un réseau maillée

#### VII-2-2 Topologie en étoile

Tous les nœuds du réseau sont connectés à un nœud central appelé aussi "collecteur". Ces nœuds sont aussi appelés "nœuds satellites" (figure IX-23).

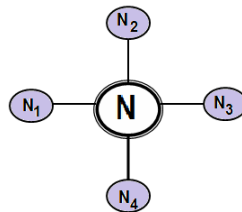


Figure IX-23 Topologie en étoile

### VIII- Arborecence ou organisation ramifiée d'un réseau

En mathématiques, plus précisément dans la théorie des graphes, une arborescence est un "arbre" comportant un sommet particulier  $r$  à partir duquel il existe un chemin unique vers les autres sommets. On peut définir aussi une arborescence comme la représentation d'une structure hiérarchique à plusieurs niveaux rappelant la structure d'un arbre. Ce type de représentation est élargi à la modélisation d'un réseau. Rappelons que le mot "réseau" provient du mot latin *retiolus* ou simplement *revis* caractérisant les objets en forme de filet, donc comme un ensemble de nœuds reliés entre eux par canaux ou liens. La navigation au sein d'un arbre part du sommet ou de la racine vers un point précis. Le retour n'emprunte qu'un chemin possible, le même que celui emprunté à l'aller. De nombreuses définitions et propriétés d'une arborescence existent. On appelle aussi "forêt", un graphe dont chaque composante connexe est un arbre.

Précisons aussi, que dans arborescence, chaque nœud ne comporte qu'un degré exceptée la racine. Les figures IX-24 sont des modèles d'arborescence lié chacun à un type de graphe centralisé, décentralisé ou distribué.

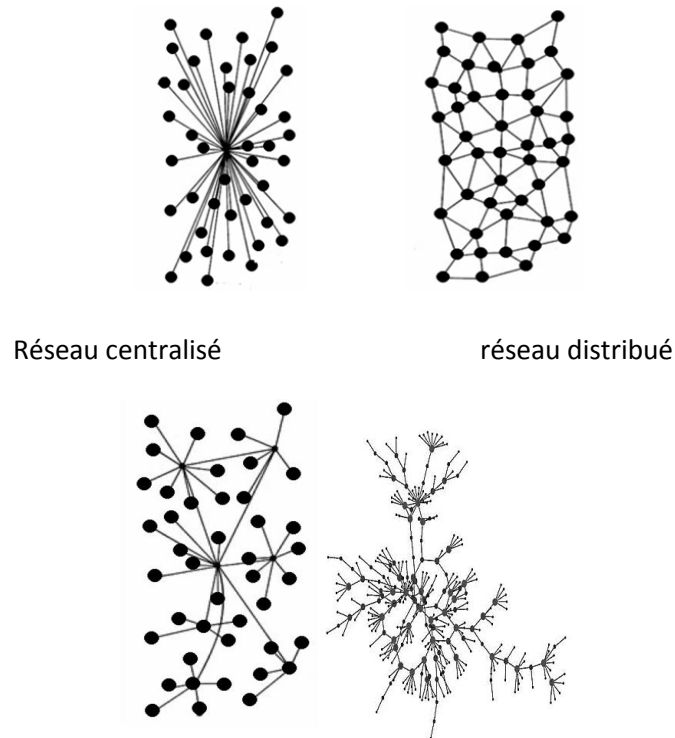
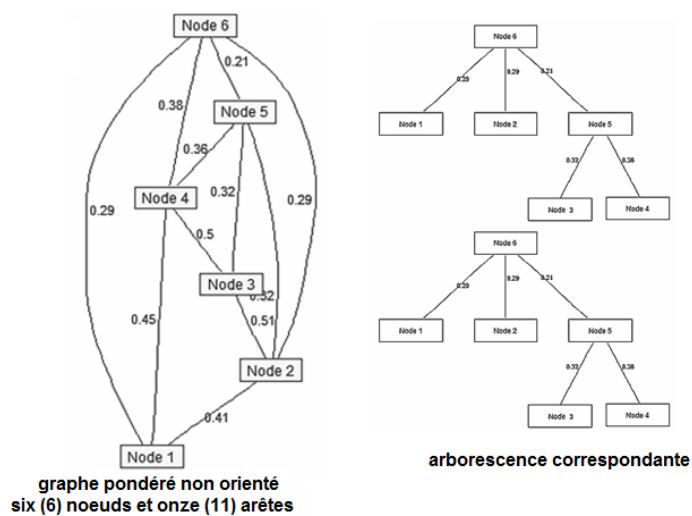


Figure IX-24 Réseaux en arborescence

**Exemple** : création et aperçu d'un graphe pondéré comportant six (6) nœuds et onze (11) arêtes. La simulation a été effectuée sous Matlab grâce à la syntaxe `view(biograph)`



## **IX- Organisations interne dans un réseau**

Un réseau présente la caractéristique d'une forme d'organisation interne qui met en relation plusieurs intervenants lesquels peuvent avoir des statuts différents. Il s'agit donc d'une organisation topologique hiérarchisée non seulement eu égard à la mission dévolue à chaque entité mais au poids que peut susciter une entité donnée à l'intérieure du réseau telle que sa taille et le nombre de liaisons qui lui sont imposées. Le mode de structuration d'un réseau peut revêtir diverses formes d'organisations résumées sous le nom de "topologie de graphe".

### **IX-1 Communauté dans un réseau**

#### **IX-1-1 Structure en communautés dans un réseau**

La structure communautaire d'un réseau est l'une des révélations des avancées tant théoriques que pratique dans les recherches dans la théorie moderne des réseaux. Elle est orientée dans le sens de la détection des caractéristiques inhérentes à un réseau applicables à l'analyse de situations réelles comme la propagation des épidémies ou le choix d'une stratégie de vaccination. C'est dire toute l'importance de l'impact de cette structure communautaire et de sa dynamique dans les systèmes tels que les systèmes sociaux en réseau.

Les communautés ou clusters (figure IX-25) sont définis comme des groupes de nœuds ayant une forte probabilité d'être connectés entre eux ainsi qu'aux membres d'autres groupes. La détection au sein d'un réseau de communautés est un autre challenge. Cependant il y a lieu de préciser que cette détection appartient à la classe des problèmes définis en ce sens que plusieurs critères peuvent intervenir dans la classification des communautés dans un réseau donc il n'existe pas de critères universels de leur identification.

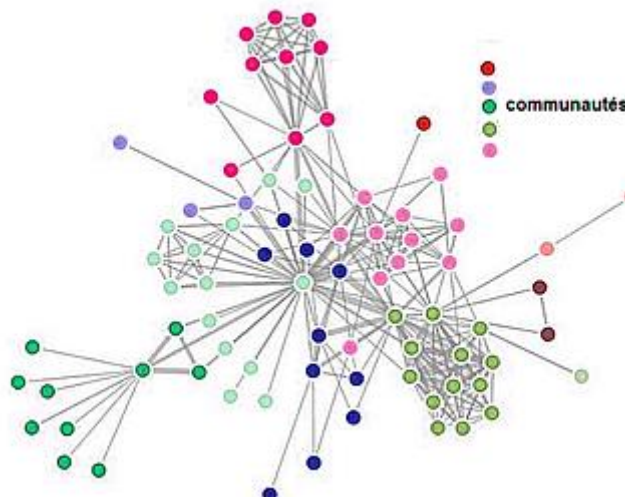


Figure IX-25 Un type d'organisation en communautés

### IX-1-2 Stratégie vaccinale et structure en communautés

Certaines communautés ne sont pas statiques et peuvent évoluer dans le temps. Des nœuds et des liens peuvent disparaître ou au contraire il peut en apparaître de nouveaux. Les communautés sont donc des entités vivantes. Cette forme de communautés changeantes fait l'objet de recherches intenses en théorie des réseaux. En épidémiologie, elles peuvent être un outil dans une stratégie de vaccination pour cibler les propagations des épidémies dans des réseaux modulables. La stratégie vaccinale consistera à immuniser une petite proportion d'individus dans l'ensemble du réseau et créer ensuite un processus de diffusion qui pourrait s'élargir progressivement à l'ensemble du réseau.

#### X-1 Notion de clique dans un réseau

##### X-1 Définition

L'analyse des réseaux repose généralement sur trois approches:

- Une mesure globale qui étudie le réseau dans son ensemble
- Une mesure locale passant par l'étude des caractéristiques des nœuds (rarement l'étude des liens).
- La recherche de sous-réseaux qui regroupent les nœuds. La recherche de cliques appartient à cette catégorie.

##### X-2 Mode d'organisation d'une clique

Appelée aussi "sous-réseau", une clique est définie comme une portion(ou sous-graphe) d'un réseau majeur d'au moins trois (3) nœuds connectés entre eux. Plus généralement, il s'agit du plus grand sous-graphe comprenant le plus grand nombre possible de nœuds tous connectés entre eux

##### X-3 Exemples de structuration en cliques dans un réseau

La figure IX-26 représente un réseau comprenant neuf (9) nœuds {1,2,3,4,5,6,7,8,9}. Le sous-réseau {7,5,8,6} forme une clique. Le nombre de nœuds intervenant dans une clique définit la taille  $k$  de cette dernière. Dans l'exemple cité  $k = 4$ .

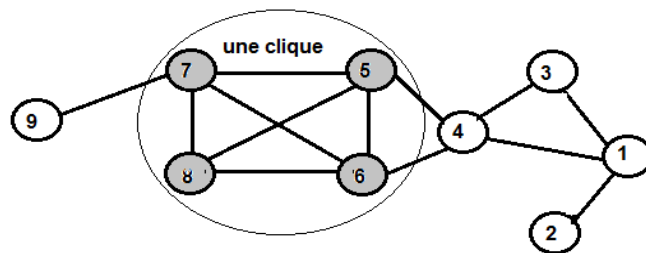


Figure IX-26 Un exemple de clique de taille  $k = 4$

### X-4 Analyse d'un réseau par la structure de clique

L'analyse d'un réseau par cette méthode présente au moins deux inconvénients. Le premier provient de la restriction au moins à trois nœuds connectés obtenir une clique. Ainsi sur la figure X-22 le trio de nœuds {1,2,4} ne peut prétendre au statut de clique car il manque une liaison. Le second inconvénient est que cette méthode est adaptée à des graphes comportant quelques dizaines de nœuds. Elle devient saturante dans le cas d'un réseau dense ou complexe.

Dans une clique de taille  $k$  chaque nœud conserve un degré supérieur ou égal à  $k - 1$ . Les nœuds de degré inférieur à  $k - 1$  ne sont pas inclus dans la clique maximale.

Exemple : Supposons qu'on échantillonne le réseau comptant 9 nœuds {1,2,3,4,5,6,7,8,9} et identifié la clique {1,2,3} donc  $k = 3$  (figure IX-27)

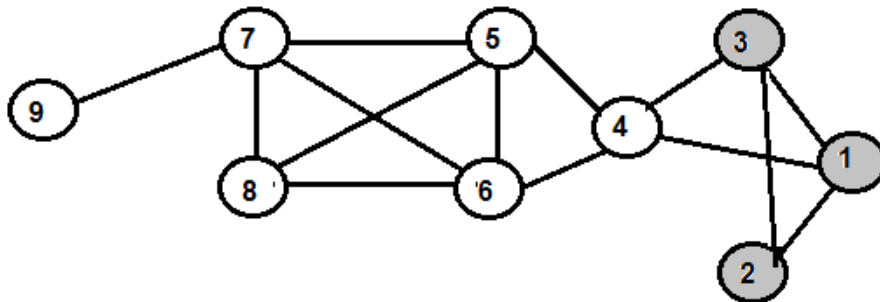
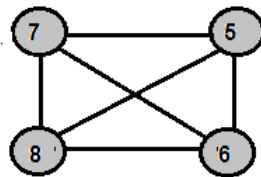


Figure IX-27 Identification d'une clique dans un réseau

Pour trouver une clique de taille supérieure à 3, il faut supprimer les nœuds de degré inférieur à  $3 - 1 = 2$ . Ce sont les nœuds 9, 2 et 4. La clique de la figure X-27 est alors isolée. Il reste alors la clique représentée par le mini-réseau suivant



### XI- Éléments structurants d'un réseau

Dans un réseau, les nœuds et les liens sont déterminants non seulement dans l'architecture apparente du réseau mais surtout dans les fonctionnalités de ce dernier. La densité des nœuds et la distribution des liens entre ces nœuds prédéterminent le fonctionnement du réseau et son efficacité soit à traduire une réalité telle que la propagation d'une épidémie. Il est envisagé les principales configurations à travers la définition d'éléments structurants du réseau.

### XI-1 Sommets adjacents

Un sommet  $V_i$  est dit adjacent à un autre s'il existe une arête entre eux (on parle de voisins).

### XI-2 Graphe simple

Un graphe simple est un graphe sans boucle tel que, entre deux sommets, il y ait au plus une arête. Deux sommets reliés par une arête sont adjacents.

### XI-3 Graphe complet

Un graphe complet est un graphe simple dont tous les sommets sont adjacents les uns avec les autres (figure IX-28).

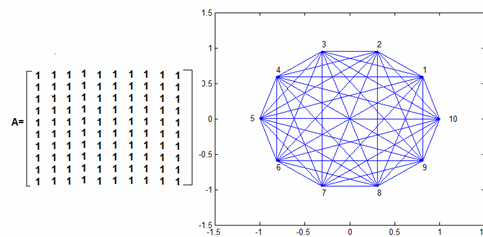


Figure IX-28 Réseau avec des sommets adjacents tous connectés

### XI-4 Ordre d'un graphe

L'ordre d'un graphe n'est autre que le nombre de nœuds que ce graphe renferme.

### XI-5 Notion de chemin dans un graphe

Dans un graphe  $G$  un chemin de longueur  $k$ , reliant les sommets  $A$  et  $B$  est une suite de la forme  $\{A = A_1, A_2, \dots, A_k = B\}$  de sommets tels que  $\forall i \in [0, k - 1], (A_i, A_{i+1})$  est une arête du graphe  $G$ . Le chemin est dit cyclique si  $A \equiv B$ .

Considérons le réseau suivant sur lequel nous initions deux types de chemins

### XI-6 Degré d'un nœud

Si la matrice d'adjacence notée  $A$  et de terme général  $(a_{i,j})_{\substack{i=1,N \\ j=1,n}}$ ,  $N$  étant le nombre de nœuds,

le degré d'un nœud n'est autre que le nombre de "voisins" de ce nœud. Ainsi pour un nœud fixé  $i$ , le degré  $d_i$  de ce nœud est donné par l'expression suivante

$$d_i = \sum_{j \text{ fixé}} a_{ij}$$



Exemple: On considère la matrice d'adjacence  $A$  se rapportant à 7 nœuds ( $N_1, N_2, N_3, N_4, N_5, N_6, N_7$ ) (figure IX-29)

$$A = \begin{bmatrix} 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 \end{bmatrix}$$

- Réseau associé et degrés

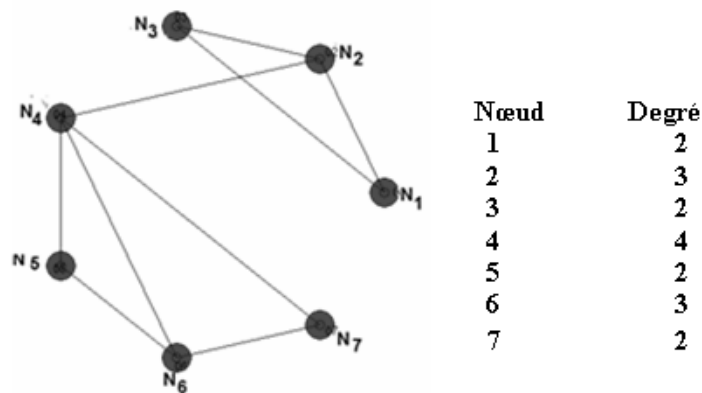


Figure IX-29 Graphe et degrés des nœuds

La métrique la plus simple pour caractériser un graphe est le degré  $d_{N_i}$  relatif au nœud  $N_i$ . Le degré désigne le nombre d'arêtes (liens) qui lient ce nœud à d'autres nœuds d'un même graphe. Dans le cas d'un graphe orienté, on nœud peut être un nœud source duquel partent des arêtes auquel cas nous avons un degré sortant ("out degree") noté ici  $d^+$  ou un nœud cible vers lequel convergent un certain nombre d'arêtes orientées. La figure IX-30 en illustre un exemple.

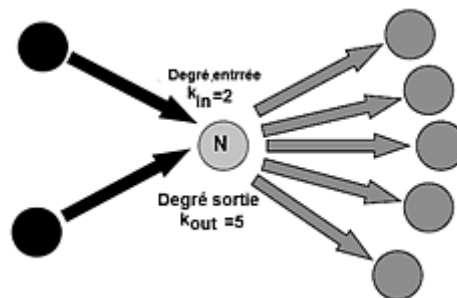


Figure IX-30 Notion de degrés entrant (in) et de degré sortant (out)

**Degrés sortant – Degré entrant Etude sur un exemple**

La figure IX-31 représente un type de réseau à cinq (5) nœuds reliés par des connexions à même d'illustrer la notion de degré entrant et de degré sortant.

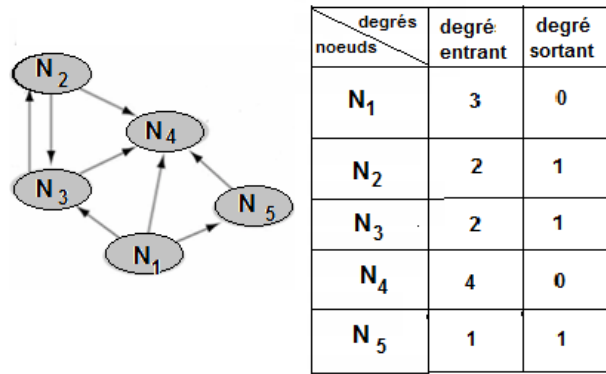


Figure IX-31 Degré entrant- degré sortant sur un réseau

**XII- Notion de hub dans un réseau**

Il est à remarquer que la somme des degrés de tous les nœuds est égale au double du nombre d'arêtes

$$\sum_{i=1}^N k_i = 2 E \quad k_i \text{ degré du noeud } N_i ; E \text{ nombre total d'arêtes}$$

En théorie des réseaux, un "hub" est un nœud (sommet) à forte connectivité, donc avec un degré et une connexion avec un grand nombre d'autres nœuds. On appelle "connectivité" le nombre de liens rattachés à un même sommet (figure IX-32) Le degré de connexion d'un hub est appelé aussi "ramification". Le nombre de hubs peut varier d'un type de réseau à un autre. Ainsi un réseau sans échelle développera un nombre de hubs élevé comparé à un réseau aléatoire. En effet, dans un réseau aléatoire le degré  $k$  est sensiblement le même tous les nœuds. L'émergence de hubs est improbable. Dans un réseau sans échelle, certains nœuds peuvent acquérir une forte connectivité traduit par un fort degré donc de hubs.

Dans les Technologies de l'information et de la Communication (TIC), un hub est défini comme un concentrateur de réseau. Il set de point de connexion pour tous les périphériques d'un réseau local

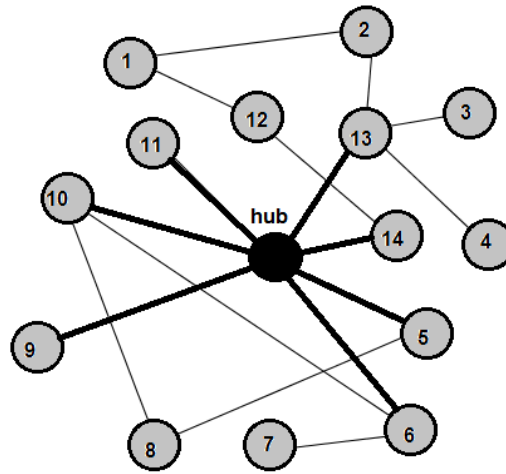
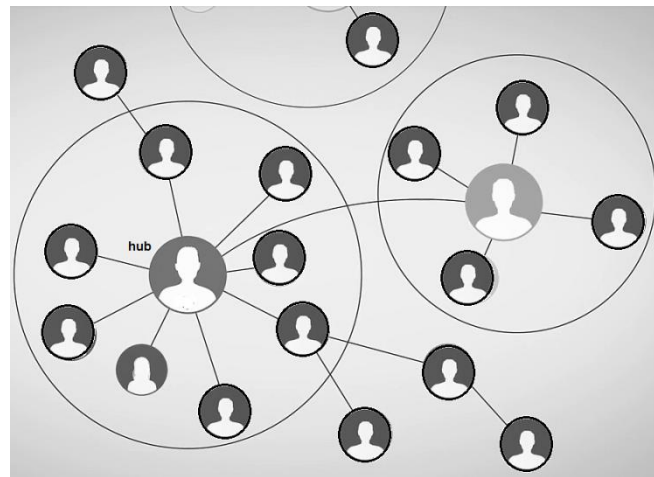


Figure IX-32 Structure d'un hub



Un hub social

### XIII- Poids d'un chemin

Soit donné un graphe pondéré  $G(V, E, w)$  dans lequel l'ensemble des sommets est tel que

$V = \{a = v_1, v_2, \dots, v_{i-1}, v_i, \dots, v_n = b\}$ . Une arête quelconque  $e_i$  sera définie par  $e_i = (v_{i-1}, v_i)$ . Le poids du chemin  $(a, b)$  sera défini comme la somme des poids des arêtes qui forme le chemin  $(a, b)$

$$w(a, b) = \sum_{i=1}^n w(e_i)$$

## XIV- Distance entre deux nœuds

### XIV-1 Introduction par un exemple

Considérons le réseau représenté sur la figure IX-33.

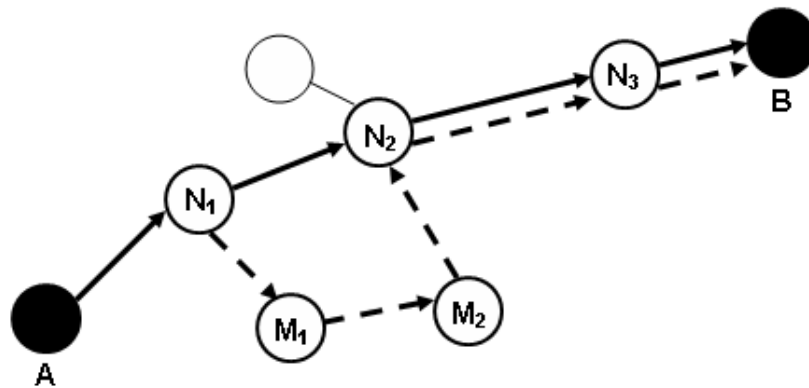


Figure IX-33 Exemples de trajectoires dans un réseau

Il existe plusieurs approches pour caractériser un réseau dont la plus simple est d'évaluer la distance séparant deux nœuds de ce réseau.

Le réseau décrit par la figure X-28 comporte un nœud de départ  $A$  et un nœud d'arrivée  $B$ . La distance séparant les deux nœuds notée  $d(A, B)$  dépend évidemment du chemin suivi. Nous préconisons deux itinéraires différents schématisés comme suit

$$\begin{cases} A \rightarrow N_1 \rightarrow N_2 \rightarrow N_3 \rightarrow B \\ A \rightarrow M_1 \rightarrow M_2 \rightarrow N_2 \rightarrow N_3 \rightarrow B \end{cases}$$

Le premier nécessite quatre (4) sauts pour joindre les nœuds  $A$  et  $B$ . On définit alors une première distance  $d_1(A, B)$  écrivant  $d_1(A, B) = 4$ . Le second itinéraire nécessite cinq (5) sauts pour relier le nœud  $A$  et le nœud  $B$  moyennant une distance  $d_2(A, B)$  et on écrit  $d_2(A, B) = 5$ .

Ce raisonnement que la distance séparant deux nœuds n'est pas unique et dépend du chemin suivi c'est-à-dire en fait du nombre de nœuds intermédiaires. Nécessairement, il existe un chemin le plus court qui permet de joindre un nœud à un autre nœud. Mais ce dernier dépendra de la configuration (ou topologie) du réseau à travers le mode de connexion. On peut dès lors, caractériser le réseau en évaluant par exemple la plus grande distance qui sépare deux nœuds notée  $\max_{A,B} d(A, B)$ . Ceci permettra d'avoir une estimation de la taille du réseau (ou du graphe) à tel point que  $\max_{A,B} d(A, B)$  est appelé "diamètre du graphe".

### XIV-2 Notion de distance dans un graphe

Considérons le graphe pondéré  $G(V, E, w)$  sur lequel sont pris deux sommets quelconques  $a$  et  $b$ . On note  $d(a, b)$  la distance séparant les deux sommets et qui est définie comme suit

$$d(a, b) = \min[w(\omega)] \quad \text{avec } \omega \text{ le chemin } a \rightarrow b$$

Les deux cas suivants peuvent se présenter:

- Une absence de liaison directe entre les sommets  $a$  et  $b$ . Dans ce cas on pose par convention  $d(a, b) = \infty$
- Comment évaluer la distance dans un graphe en présence d'un cycle? Considérons le graphe  $G(V, E)$  sur lequel est défini un cycle (figure IX-34)

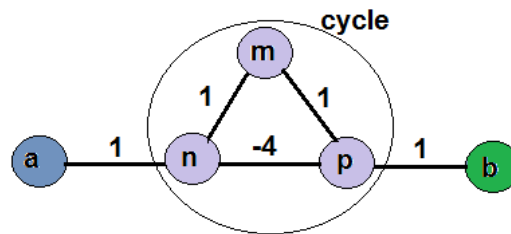


Figure IX-34 Parcours et extraction d'un cycle dans un réseau

Nous remarquons que divers poids ont été affectés aux différentes arêtes du graphe avec même un poids négatifs entre les sommets  $n$  et  $p$  du cycle  $(n, m, p, n)$ . Les arêtes qui forment ce cycle sont  $\{(m, n), (n, p), (p, m)\}$ . Le poids du cycle est obtenu comme la somme des poids des arêtes qui le constituent

$$w(\text{cycle}) = w[(m, n)] + w[(n, p)] + w[(p, m)] = 1 + 1 - 4 = -2$$

Les chemins possibles reliant les sommets  $a$  et  $b$  sont variés donc évidemment les poids mis en jeu

- Chemin  $a \rightarrow n \rightarrow p \rightarrow b$  poids  $1 + (-4) + 1 = -3$
- Chemin  $a \rightarrow n \rightarrow m \rightarrow p \rightarrow b$  poids  $1 + 1 + 1 + 1 = 4$

Si nous parcourons le cycle une fois, nous obtenons le chemin et le poids  $s$

- Chemin  $a \rightarrow n \rightarrow m \rightarrow p \rightarrow n \rightarrow m \rightarrow p \rightarrow b$   
poids  $1 + 1 + 1 + (-4 + 1 + 1) + 1 = 2$

Si nous parcourons deux (2) fois le cycle, les chemins et les poids mis en jeu sont les suivants

- Chemin  $a \rightarrow n \rightarrow m \rightarrow p \rightarrow 2 \times \text{cycle} \rightarrow b$   
Poids  $1 + 1 + 1 + 2 \times (-4 + 1 + 1) + 1 = -2$

- Si le cycle est parcouru  $k$  fois, les chemins et les poids sont les suivants

$$a \rightarrow n \rightarrow m \rightarrow \dots \rightarrow p \rightarrow k \times (p \rightarrow n \rightarrow m \rightarrow p) \rightarrow b$$

### XIV-3 Propriétés de la distance séparant deux sommets

#### XIV-3-1 Formulation unique de la notion de distance

La figure X-29 a révélé le chemin séparant deux sommets  $a$  et  $b$  et le poids qui le caractérise peuvent être estimés de plusieurs manières relativement au graphe considéré. Aussi est-il nécessaire de formuler une définition unique de cette notion de distance.

Soit  $G(V, E, w)$  un graphe pondéré. On définira la distance entre deux sommets  $a$  et  $b$  notée  $d(a, b)$  le chemin minimal pondéré, muni du poids minimal parmi les chemins possibles qui relient les deux sommets.

#### XIV-3-2 Propriétés

- Non –négativité d'une distance

$$\forall (a, b) \in V^2 \quad d(a, b) \geq 0$$

- Symétrie

$$\forall (a, b) \in V^2 \quad d(a, b) = d(b, a)$$

- Inégalité triangulaire

$$\forall (a, b, c) \in V^3 \quad d(a, c) \leq d(a, b) + d(b, c)$$

### XV- Diamètre d'un graphe

#### XV-1 Définition

Le diamètre d'un graphe connexe est la plus grande distance séparant entre deux sommets de ce graphe parmi toutes les paires de sommets. Autrement dit, Le diamètre d'un graphe est le plus grand nombre d'arêtes parcourues, dans un graphe non orienté ou d'arcs dans un graphe orienté, pour joindre deux sommets distincts de ce graphe.

### XV-2 Détermination du diamètre d'un graphe

Considérons le graphe illustré par la figure ci-dessous sur lequel on évalue la distance entre les différents nœuds. On évalue la distance minimale entre deux nœuds  $N_i$  et  $N_j$  avec  $i \neq j$  et que Notons  $d(N_i, N_j)$ ,  $i = 1 - 5$ ,  $j = 1 - 5$ . Nous obtenons alors les distances suivantes. Un exemple de réseau dans le calcul de son diamètre est donné par la figure IX-35

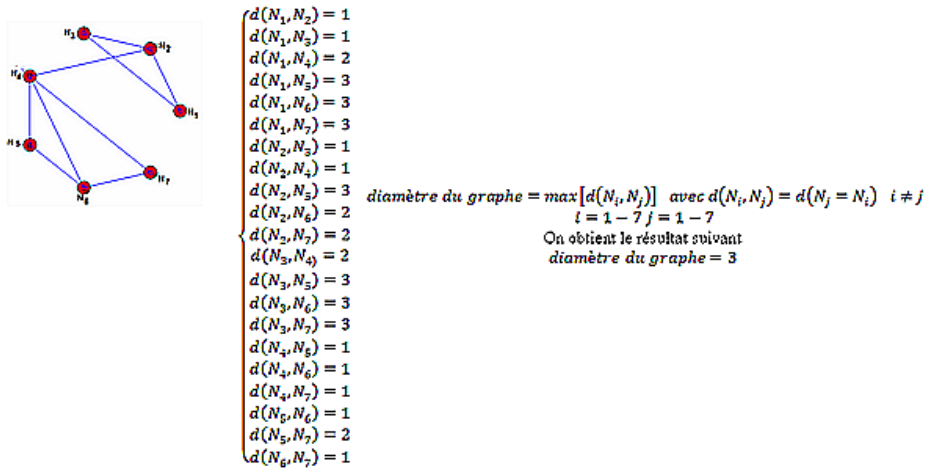


Figure IX-35 Un exemple de calcul du diamètre d'un réseau

### XVI- Distance moyenne dans un réseau

Dans le cas d'un réseau comprenant  $N$  nœuds, la combinaison de ces derniers deux à deux (paires de nœuds) fournira le nombre de distances qui est calculé à partir de l'expression

$$C_N^2 = \frac{N!}{2!(N-2)!} = \frac{N(N-1)}{2}$$

Le modèle de réseau non orienté suivant formé de quatre sommets (figure IX-36) en est une illustration

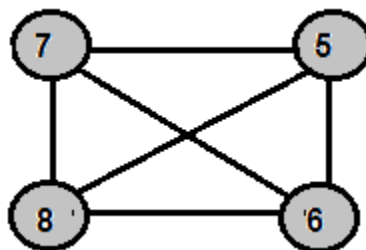


Figure IX-36 Bilan des distances dans un réseau simple

Dans l'exemple  $N = 4 \rightarrow \text{nombre de liens} = C_4^2 = 6$  distances.

Dans le cas d'un réseau comportant  $N$  nœuds, la distance moyenne entre deux nœuds quelconques  $i$  et  $j$  qui est notée  $\bar{d}(i, j)$  est obtenue comme suit

$$\bar{d}(i, j) = \frac{1}{N(N-1)} \sum_{i,j} d(i, j)$$

La valeur de cette distance moyenne donnera une idée sur la structure du réseau, sa taille, sa compacité et la fluidité d navigation d'un point du réseau à un autre.

**XVII- Un exemple d'analyse de réseau**

On effectue l'analyse du réseau représenté sur la figure IX-37

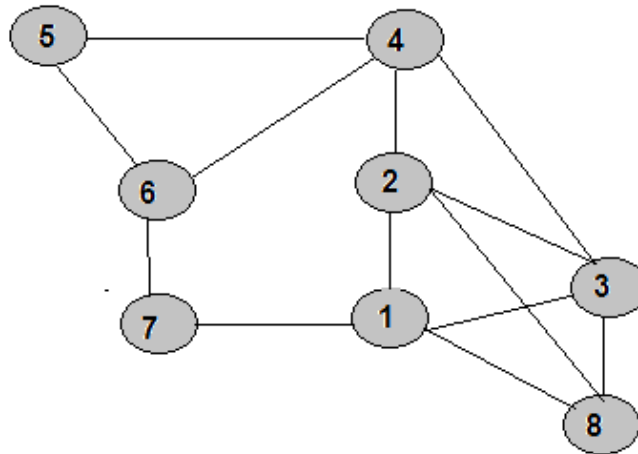


Figure IX-37 Type de réseau à analyser

Les caractéristiques du réseau sont identifiables comme suit

- Ordre du graphe = 8 ( 8 nœuds)
- Graphe non complet car les sommets (2,7) n'admettent pas de connexion direct
- Le graphe est connexe car pour toute paire de sommets, il existe un chemin qui les relie
- Distribution des degrés (nombre de liens affectant un nœud) (figure IX-38)

sommets	1	2	3	4	5	6	7	8
dégrés	4	4	4	4	2	3	2	3



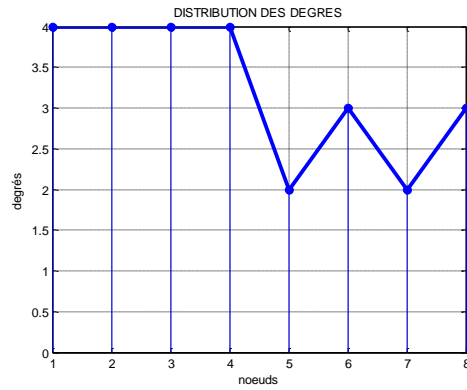


Figure IX-38 Distribution des noeuds

- Nombre total de liens

sommets	1	2	3	4	5	6	7	8
1		X	X					X
2			X	X				X
3				X				X
4					X	X		
5						X	X	
6							X	
7								
8								

Figure IX-39 Identification des caractéristiques du réseau analysé

Nombre total de liens : 13

Nous retrouvons la relation: *somme totale des degrés = 2 × nombre total des arêtes*

- Diamètre du réseau

Le diamètre d'un réseau est défini comme la distance maximale qui relie deux nœuds. Le calcul de cette distance maximale passe par la détermination de toutes les distances entre nœuds. Cependant, la distance entre deux nœuds dépend du chemin qui les relie. P

par définition, il faut considérer pour chaque paire de sommets la distance minimale. Le diamètre  $D$  du réseau obéit à la relation suivante

$$D = \max\{\min[d_{i,j}](N_i, N_j)\} \quad i \neq j$$

Le tableau suivant récapitule l'ensemble des distances (au sens minimal du terme) séparant chaque paire de sommets (figure II-38). La distance maximale trouvée est 3; donc le diamètre du réseau donné est  $D = 3$ . Le tableau donné par la figure IX-40 est une synthèse de l'analyse du réseau considéré.

sommets	1	2	3	4	5	6	7	8
1	0	1	1	2	3	2	1	1
2		0	2	1	2	2	2	2
3			0	1	2	3	2	1
4				0	1	1	3	2
5					0	1	2	2
6						0	1	3
7							0	2
8	lysé							0

Figure IX-40 Tableau de synthèse du réseau analysé

### XVIII- Graphe connexe et graphe régulier

#### XVIII-1 Graphe connexe

Un graphe  $G(V, E)$  est dit "connexe" si pour tout couple de nœuds  $V_i$  et  $V_j$  de ce graphe, il existe un chemin reliant ces deux nœuds (figure IX-41). Notons que si l'on supprime un sommet dans un graphe connexe, ce dernier perd sa connectivité". On définit la connectivité d'un réseau comme la capacité de mise en relation entre les différents nœuds. Plus l'indice de connectivité est élevé, plus le nombre de chemins possible reliant deux nœuds est important et donc de faire un choix de liaison entre les nœuds. Ceci a donc une incidence sur la performance du réseau en termes de vulnérabilité, de temps et de coût.

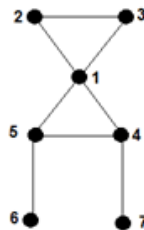


Figure IX-41 Un réseau connexe

#### XVIII-2 Graphes (réseaux) réguliers

Un réseau est dit régulier si chacun de ses nœuds admet le même nombre d'arêtes. Les réseaux réguliers sont très ordonnés.

Le plus simple des réseaux réguliers est le réseau en treillis carré régulier dans lequel chaque nœud est connecté à ses quatre plus proches voisins (figure IX-42 et Figure IX-43)

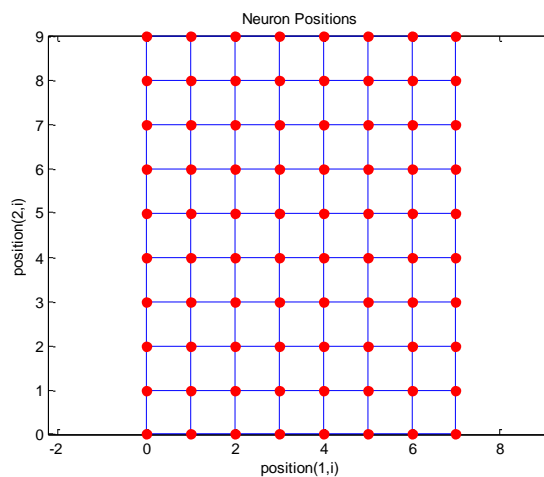


Figure IX-42 Réseau régulier de type carré (treillis)

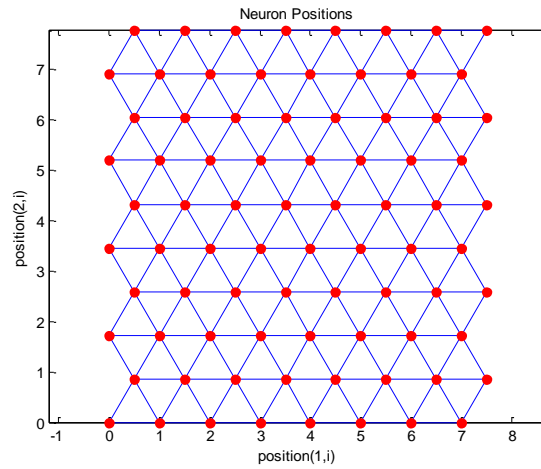


Figure IX-43 Réseau régulier de type losange

Dans le réseau en treillis (un nœud est lié à l'ensemble de ses quatre voisins le plus proches. Ainsi le degré est le même pour chaque nœud. La figure xxx représente une autre forme de réseau régulier: le réseau régulier circulaire. Remarquons que là aussi, chaque nœud est connecté à quatre proches voisins. Sur la figure IX-44, nous pouvons remarquer que les nœuds 1, 2, 3, 9 et 10 sont tous reliés au nœud 1. De ce fait, ils forment un cluster.

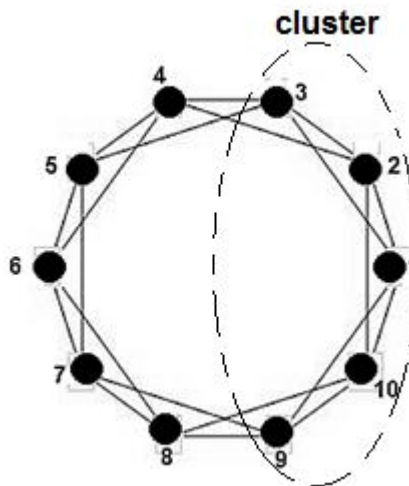


Figure IX-44 Réseau régulier circulaire et extraction d'un cluster

**XX- Réseau aléatoire**

**XX-1 Structure topologique d'un réseau aléatoire**

Un réseau ou graphe aléatoire est de probabilité intimement lié à une distribution de probabilité ou à l'émergence d'un processus aléatoire au sein de ce réseau. La théorie des graphes aléatoires repose sur la jonction entre les mathématiques et les probabilités. Quand on analyse un réseau, une première approche consiste à considérer le réseau comme une entité globale et unique. Dans ce cas, seule la structure est prise en considération sans aucune référence aux modalités qui ont permis l'apparition de cette structure et pas une autre. Cette perception du réseau amène à concevoir ce dernier comme un ensemble de sous structures ou sous-réaux dont la description et les interactions sont décrites par la densité de probabilité. C'est ainsi qu'est défini un réseau aléatoire. La figure IX-45 affiche deux exemples de réseaux aléatoires géométriques. Une première conséquence est de pouvoir, moyennant la forme de cette densité de probabilité, diverses formes de réseaux aléatoires qui seront définies par la suite.

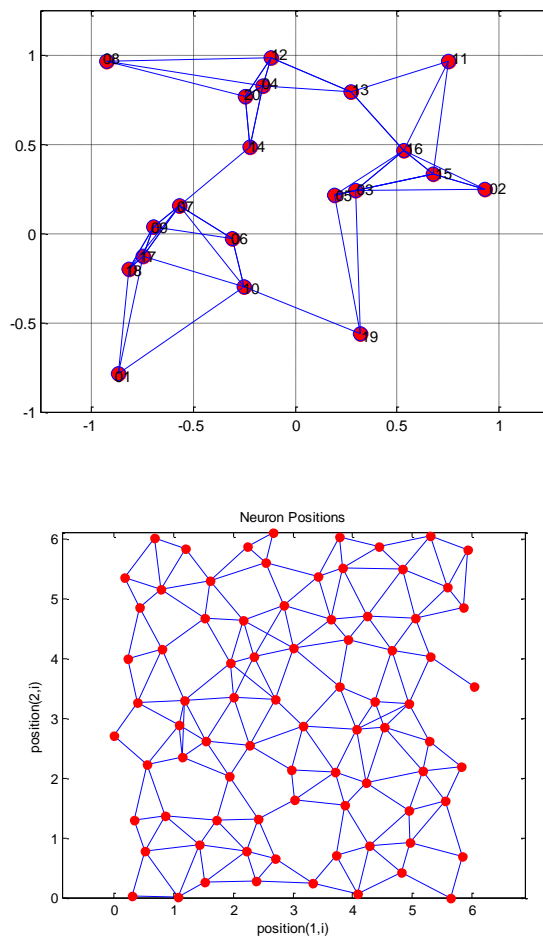


Figure IX-45 Exemple de graphe aléatoire géométrique  $N=20$   $k=3$

## XX-2 Réseau aléatoire d'Erdős-Renyi

Une approche simple consiste à construire un réseau aléatoire non-pondéré à partir de la matrice d'adjacence  $A$  de terme général  $(a_{ij})$  et à calculer la distribution de probabilité  $P_A(X)$  avec  $X$  une matrice de terme général  $(x_{ij})$  et telle que

$$P_A(X) = \Pr(A = X) = \Pr(a_{ij} = x_{ij}) \forall i, j$$

- Dans un réseau, il est aussi possible de considérer les arêtes elles mêmes comme des variables aléatoires. Cela ouvre alors des perspectives de modélisation de réseaux. Nous citons à ce propos la sous-classe de réseaux aléatoires dits d'Erdős-Renyi en l'honneur des mathématiciens hongrois Paul Erdős (1913-1996) et Alfred Renyi (1921-1970) (figure IX-46) et dont la construction obéit au principe probabiliste suivant. Il est pris en considération chacune de paire de nœuds possibles. Une probabilité  $p$  que deux nœuds potentiels soient joints par un lien est alors définie avec les hypothèses qu'un nœud soit relié avec lui-même et que plus d'un lien joint deux nœuds. Il a été précisé que dans un tel graphe comportant  $N$  par exemple, le nombre de paires de nœuds n'est autre que leur combinaison deux à deux (problème d'analyse combinatoire)

$$C_N^2 = \frac{N!}{2!(N-2)!} = \frac{N(N-1)}{2}$$

.Ainsi le graphe comportera au maximum  $\frac{(N-1)N}{2}$  liens. Comme chaque nœud ne peut être relié qu'aux  $(N-1)$  autres nœuds (la liaison avec lui-même étant exclue), le degré moyen des nœuds du graphe est

$$z = p(N-1) \quad \text{avec } p \neq 0 \text{ et } p \neq 1$$

Pour  $N$  très grand, nous pouvons prendre l'équivalence suivante  $(N-1) \sim N$ , donc  $z \approx pN$

Erdős et Renyi ont obtenu et testé ces résultats sur plusieurs graphes. Il est apparu que la taille de la plus grande composante est inférieure à  $\log N$  lorsque  $z < 1$ . Ainsi, si  $N = 10^6$ ,  $\log N = 6$ . C'est une valeur relativement petite par rapport à la taille du réseau. Dans le cas où  $z > 1$ , la composante connectée sera certainement plus grande. Il existe donc une valeur critique notée  $z_c = 1$  pour laquelle seule la composante locale est influencée par les faibles variations de  $z$ . Le passage de  $z < 1$  à  $z > 1$  est donc accompagné d'un changement brutal avec l'apparition dans le réseau d'une composante géante renfermant le plus grand nombre de connexions. Le phénomène ainsi observé est appelé "phénomène de percolation" et la valeur  $z_c = 1$  représente "le seuil de percolation".

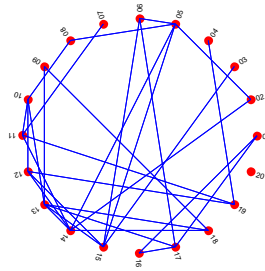


Figure IX-46 Graphe aléatoire d'Erdős-Renyi circulaire N=20 d=3

### XXI- Réseau "exponentiel "

La connectivité exponentielle d'un réseau ou simplement "réseau exponentiel" fait l'objet de nombreuses études en théorie des réseaux. Elle décrit la distribution de cette connectivité en formulant la probabilité  $P(k)$  de trouver un nœud connecté à  $k$  autres nœuds.. Cette distribution se décline sous la forme d'une fonction exponentielle. Le réseau aléatoire en est un exemple type.

D'après les travaux d'Erdős et Renyi, si l'on considère  $n$  sommets, le nombre de possibilités de connexion de ces sommets deux à deux est  $C_n^2$ . Pour construire un réseau de  $N$  liens, on choisira ces derniers parmi tous les liens existants. La probabilité  $P(k)$  de trouver un nœud connecté à  $k$  autres nœuds est de la forme

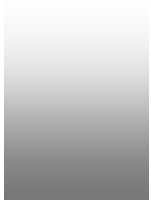
$$P(k) = C_k^{n-1} p^k (1-p)^{n-1-k}$$

Pour une valeur de  $n$  très grande, cette loi de distribution de probabilité se transforme en une distribution de Poisson de la forme

$$P(k) = e^{-\alpha} \frac{\alpha^k}{k!}$$





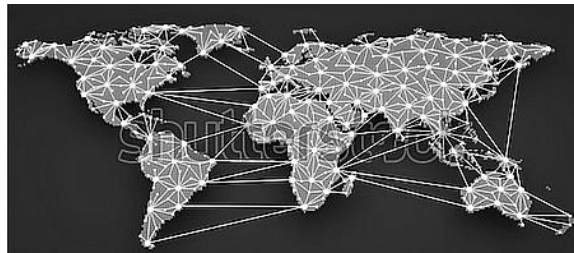


## CHAPITRE X

### Réseaux et propagation d'une épidémie

#### I -Réseaux complexes

A travers la conception d'un réseau, on recherche surtout à améliorer son réalisme c'est-à-dire une représentation fiable de sa dynamique. Cette dernière passe autant que possible par sa complexification pouvant se rapporter soit à sa structure, à ses principes d'évolution ou des deux en même temps. Entre les graphes aléatoires et les réseaux réguliers s'intercale tout un ensemble d'autres réseaux dits complexes dans lesquels les nœuds sont peut être munis de propriétés spécifiques mais pas nécessairement. Les réseaux complexes sont d'excellents outils de modélisations de systèmes réels qui peuvent mettre en jeu plusieurs éléments interconnectés. Comme exemple, nous pouvons citer le World Wide Web ou l'Internet pour comprendre les réseaux sociaux.



Un réseau complexe: le World Wide Web

Afin que la modélisation par les réseaux complexes soit représentative d'un système, il est nécessaire que le modèle retenu soit lui-même réaliste en épousant les propriétés de ce système.

#### II- Clusters et Coefficient de clustering

##### II-1 Mise en place du coefficient de clustering

L'existence de connexions entre les voisins les plus proches d'un nœud donné est décrite par son coefficient de clustering.

Supposons fixé un nœud  $N_i$  dans un réseau tel que ce nœud possède  $k_i$  arêtes qui le relient à  $k_i$  nœuds voisins. Retenons donc que le nombre d'arêtes est égal au nombre de nœuds voisins c'est-à-dire  $k_i$ . Les nœuds voisins peuvent être reliés entre eux. Dans le cas limite, où ils sont tous reliés entre eux, nous avons la combinaison  $C_{k_i}^2$  qui définit tous les cas possibles avec

$$C_{k_i}^2 = \frac{k_i!}{2!(k_i - 2)!} = \frac{k_i(k_i - 1)}{2}$$

En termes de probabilités, ce résultat définira le nombre de cas favorables. Ce cas limite n'est pas nécessairement présent dans les connexions des nœuds voisins. Seule une proportion  $E_i$  de ces nœuds peuvent être interconnectés. En termes de probabilités,  $E_i$  définira le nombre de cas observés. On peut alors formuler une probabilité complète que nous notons  $C_i$  et qui définira le coefficient de clustering du nœud  $i$

$$C_i = \frac{E_i}{C_{k_i}^2} = \frac{2E_i}{k_i(k_i - 1)} \quad C \text{ une combinaison } ! \text{ factoriel}$$

Notons que le coefficient de clustering vérifie la condition suivante:  $0 \leq C_i \leq 1$ . Si  $C_i = 0$ , Les nœuds voisins n'admettent aucune interconnexion.

### II-2 Etude de quelques cas

Nous proposons de calculer le coefficient de  $N_i$  du nœud colorié en noir dans les différentes situations du réseau de la figure X-1.

- Cas 1

Le nœud de référence (noir) est relié à trois (3) voisins qui sont tous interconnectés. La proportion de nœuds est  $E_3 = 3$ . Le coefficient de clustering noté  $C_1$  admet pour valeur

$$C_1 = \frac{E_3}{C_3^2} = \frac{3}{\frac{3!}{2!(3-2)!}} = 1$$

- Cas 2

deux voisins sont interconnectés sur trois (3) possibilité. Le coefficient de clustering  $C_2$  vaut donc  $C_2 = \frac{2}{3}$

- Cas 3 :  $C_3 = \frac{1}{3}$

- Cas 4 :  $C_4 = 0$

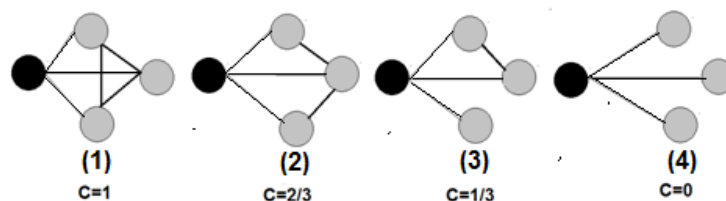


Figure X-1 coefficients de clustering

autre exemple

Considérons le réseau  $V = \{A, B, C, D, E, F, G, H\}$  tel que représenté par la figure X-2. On calcule le coefficient de clustering par rapport au nœud  $C$  représenté en noir (;

- Voisins du nœud  $C$ :  $\{A, B, D, E\}$

- Connexions possibles entre nœuds voisins  $\left\{ \begin{array}{l} AB(\text{donnée}), AD(\text{pointillés}), BE(\text{pointillés}), \\ DE(\text{pointillés}), AE(\text{pointillés}), \\ BD(\text{pointillés}) \end{array} \right\}$
- Parmi six (6) possibilités de connexion, seule une seule est donnée dans le réseau (connexion AB)
- Le coefficient de clustering par rapport au nœud C est donc 1/6

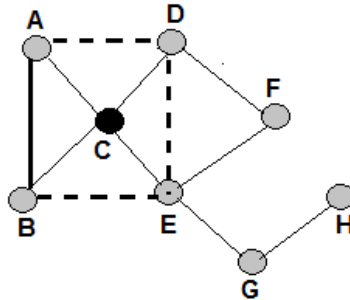


Figure X-2 Réseau  $V = \{A, B, C, D, E, F, G, H\}$

### III- Réseau de petit monde (six degrés de séparation)

#### III-1 Conception d'un réseau de petit monde

On dit qu'un réseau a la propriété de "petit monde" si deux nœuds sont connectés par un petit nombre de liens, généralement moins de six (6) d'où le nom accolé à ce type de réseau: "6 - degrés de séparation". Cela signifie qu'il est possible de traverser ce type de réseau "rapidement". On parle alors de raccourci. Cela signifie aussi que deux individus quelconques dans le monde sont connectés même s'ils ne se connaissent pas (figure X-3).

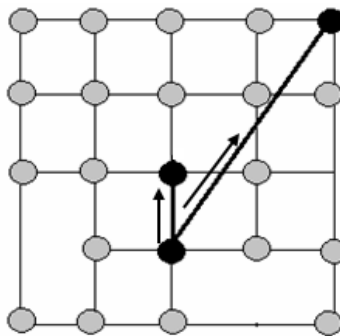


Figure X-3 Un exemple de raccourci dans un réseau

### III-2 Propriétés d'un réseau de "petit monde "

Un réseau "petit monde" est défini comme un graphe mathématique dans lequel la plupart des nœuds ne sont pas voisins les uns des autres mais les voisins d'un nœud donné sont susceptibles d'être voisins les uns des autres. La plupart des nœuds peuvent être atteints à partir d'un nœud fixé par un petit nombre de sauts ou d'étapes. Plus précisément, un réseau de ce petit monde est défini comme un réseau où la distance  $d$  séparant deux nœuds choisis au hasard (en fait le nombre d'étapes) est proportionnel au logarithme du nombre total  $N$  de nœuds que compte le réseau

$$d \propto \log N$$

Sur le plan de sa structure interne, un réseau de petit monde présente l'image d'un graphe hybride car il présente à la fois les caractéristiques d'un réseau aléatoire et d'un réseau régulier à savoir

- Un faible diamètre signifiant l'existence de chemins courts, caractéristique du réseau aléatoire
- U coefficient de clustering élevé, caractéristique d'un réseau régulier
- la distribution des degrés des nœuds suit une loi de puissance.

### III-3 Réseau de petit monde au sens de Stanley Milgram

Au début de son énoncé, le concept de réseau "petit monde" a été accueilli avec scepticisme et méfiance par la communauté scientifique faute d'une base mathématique ou expérimental. En 1967, le psychologue social Stanley Milgram a popularisé l'effet de "petit monde" en voulant connaître le nombre minimal d'étape nécessaires pour relier deux individus quelconques (nœuds) appartenant à un réseau (source et cible sur la figure xxx). On sollicite pour cela plusieurs individus avec pour mission de remettre une en termes à Mr; X (la cible). Si on ne connaît pas ce monsieur, on remet la lettre à un ami (nœud voisin en termes réseau). Deux cas sont alors possibles; si cet ami connaît Mr. X, alors il lui remet directement la lettre. Dans le cas contraire, l'ami de la source va solliciter un ami propre à lui à qui il expliquera le procédé. Ce dernier sera répété un certain nombre de fois jusqu'à ce que la lettre arrive à Mr. X. Le dernier ami (le dernier nœud de la chaîne) lui doit connaître Mr. X. (figure X-4)

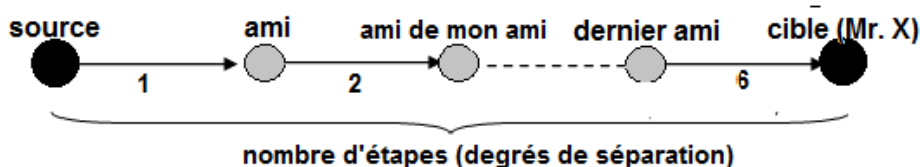


Figure X-4 Principe de l'expérience de Stanley Milgram

Le paramètre qui rentre en jeu n'est pas tant la remise de la lettre à Mr. X mais plutôt le nombre d'étapes que renferme pour aboutir pour atteindre la cible. Stanley Milgram a reproduit son expérience pour un certain nombre de lettres en ne tenant compte que des lettres arrivées à destination puis il a calculé la moyenne  $\bar{d}$  de la longueur des chaînes. Le résultat trouvé est  $\bar{d} \approx 6$ . Il a été calculé que sur un graphe régulier comportant 1 million de nœuds  $N = 10^6$ , on retrouve une valeur sensiblement identique,  $\bar{d} \approx 6$ . Ce résultat surprenant est appelé "petit monde" (figure X-5). En dehors des calculs effectués et des essais répétés on a surtout mis en évidence l'importance des raccourcis dans un réseau "petit monde". En effet, précisons les particularités suivantes de ce type de réseau

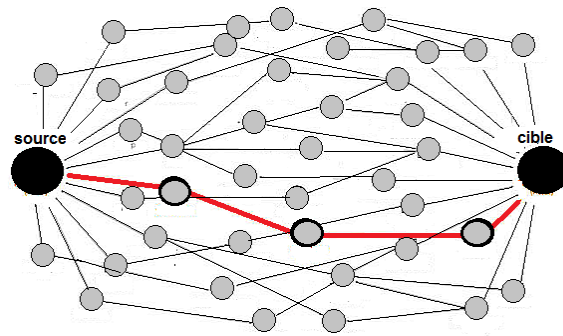
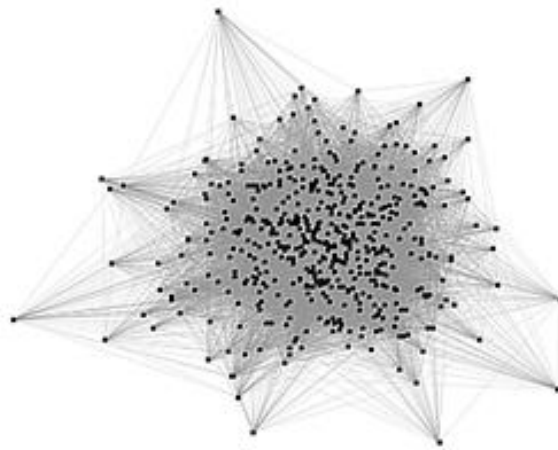


Figure X-5 Réseau de type Milgram



Réseau de petit monde  $N = 500$  nœuds

### III-4 Comparaison des réseaux: régulier-petit monde et aléatoire

La figure X-6 offre un aperçu sur la distribution des liens relativement aux réseau régulier, réseau petit monde et réseau aléatoire.

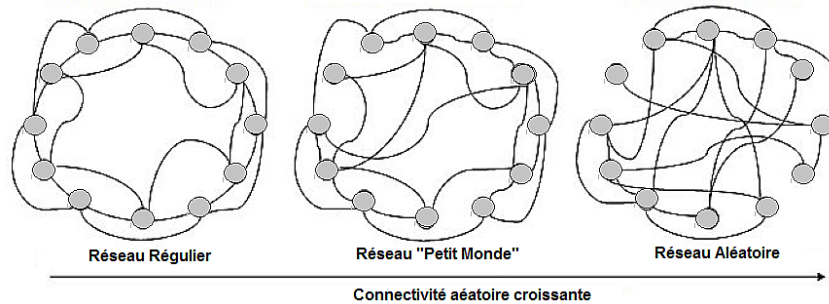


Figure X-6 structure comparative réseau régulier-réseau de petit monde et réseau aléatoire

## IV- Distribution des degrés et réseaux sans échelle

### IV-1 Concept de réseau sans échelle

Une caractéristique commune aux réseaux de terrain est la présence de hubs ou nœuds hautement connectés à d'autres nœuds du réseau. La présence de hubs donnera à la distribution des degrés une "longue queue" signifiant la présence de nœuds possédant des degrés élevés par rapport aux autres nœuds. Les réseaux sans échelle dits aussi d'échelles invariants ou de libre échelle, sont un type de réseaux caractérisés par la présence de hubs.

Un réseau est dit "sans échelle" si les caractéristiques du réseau sont indépendantes de la taille du réseau, c'est-à-dire du nombre de nœuds. En d'autres termes lorsqu'un réseau se développe, la structure sous-jacente ne varie pas. On dit aussi qu'un réseau sans échelle est caractérisé par un comportement d'autosimilarité en ce sens que toute structure sous-jacente est similaire à la structure dans son ensemble, moyennant un facteur d'échelle. On parle aussi de comportement fractal (figure XI-7 (a)).

Un réseau réel peut évoluer dans le temps. Les nœuds qui possèdent un grand degré c'est-à-dire ayant un grand nombre de liens, sont susceptibles d'en avoir de nouveaux par rapport aux nœuds qui ont un nombre de nœuds plus faible. Ce principe est une hypothèse possible dans les réseaux sociaux. En quelque sorte, il est plus "avantageux" d'être connecté avec des personnes déjà fortement connectées (figure X-7 (b)).

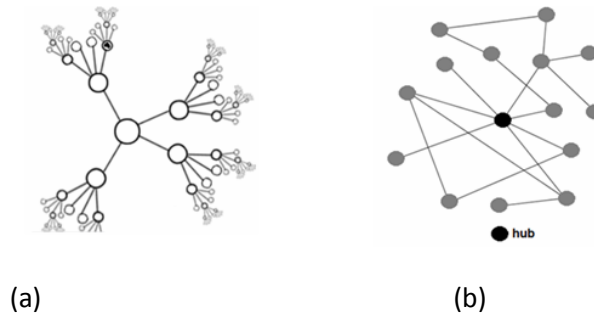


Figure X-7 exemples de réseau sans échelle

La figure X-8 est la singularité de la distribution des nœuds et des liens dans deux types de réseaux: un réseau exponentiel et un réseau sans échelle

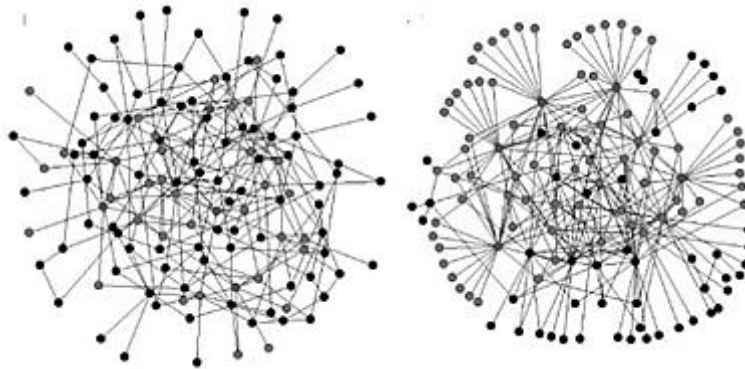


Figure X-8 Comparaison réseau exponentiel et réseau sans échelle

#### IV-2 Loi de puissance

Une fonction  $f(x)$  suit une loi de puissance de paramètre  $\alpha > 0$ , si son expression est de la forme

$$f(x) = c \cdot x^{-\alpha} \quad c: \text{une constante}$$

Remarquons que si nous introduisons le changement d'échelle  $x \rightarrow ax$

$$f(mx) = c \cdot (mx)^{-\alpha} \quad m: \text{une constante}$$

Nous pouvons écrire aussi

$$f(ax) = cm^{-\alpha} x^{-\alpha} = nx^{-\alpha} \quad \text{avec } n = cm$$

Ce résultat indique qu'un changement d'échelle opéré sur la variable  $x$  n'influe pas sur l'allure de la loi de puissance d'où la notion d'invariance d'échelle.

### IV-3 Invariance d'échelle dans un réseau

Les réseaux sans échelle sont caractérisés par une distribution des degrés (connectivité) qui suit une loi de puissance

- La condition  $\alpha > 0$  assure à la connectivité (degrés) une valeur moyenne  $\langle k \rangle$  finie.
- On considère généralement deux classes

$$\begin{cases} 2 < \alpha < 3 \\ 3 \leq \alpha < 4 \end{cases}$$

- Le cas  $2 < \alpha \leq 3$  implique que chaque nœud possède une probabilité statistique d'avoir un plus grand nombre de connexions comparé à la connectivité moyenne de tout le réseau.

- Un cas de réseau sans échelle fréquemment cité dans la littérature est celui construit par Barabasi-Albert pour  $\alpha = 3$  d'où  $P(k) = k^{-3}$

- Le réseau internet et le World Wide Web appartiennent à la classe des réseaux sans échelle. Ils contiennent un nombre limité de nœuds munis d'un nombre de degrés élevé. Dans le cas du réseau Internet, on estime que le coefficient  $\alpha$  de la loi de puissance est tel que  $\alpha = 2.5$ .

En 1999, Barabasi et Albert ont conçu un modèle de réseau dynamique dont la distribution des degrés suit une loi de puissance. Ils ont introduit la notion d'attachement préférentiel qui consiste à ajouter un à un en reliant préférentiellement chaque sommet aux sommets existants de plus haut degré.

### V- Réseaux et propagation d'épidémie

La propagation d'une épidémie est un phénomène de contact entre individus sains et individus infectieux. Ceci a le mérite d'énoncer un mode de contamination sans plus. Les modèles proposés prennent évidemment en considération cette hypothèse de base mais ils sont construits sur d'autres suppositions ce qui les fragilise.

L'hypothèse première des modèles épidémiologique est de supposer que la population, objet de l'étude est homogène. Ceci amène à considérer une même probabilité pour l'ensemble des individus d'un état vers un autre. On pourrait parler de transition de phase.

Assimilons l'organisation sociale dans sa diversité et la nature des relations entre individus, à un graphe dans lequel les individus occupent les sommets, les relations étant matérialisées par les arêtes (liens) si, évidemment, les individus sont en contact. Une hypothèse immédiate serait de supposer que le graphe est complet, c'est-à-dire que tous les individus sont en contact. Cela simplifie la topologie du graphe. Cette catégorie de graph ne répond qu'à des questions d'ordre



général et ne sont pas représentatifs de la population. développement de graphes plus représentatifs s'impose de lui-même, à l'instar des réseaux appelés "réseaux de terrain".

## VI- Eléments de la théorie des réseaux en épidémiologie

Il a été précisé dans le développement de la théorie des graphes que la distance moyenne entre deux nœuds peut donner des indications importantes sur la structure du réseau. Une autre quantité non moins importante peut fournir des informations diverses. Il s'agit de la distribution des degrés. Un nœud quelconque  $i$  du réseau possède un certain nombre de voisins auxquels il est connecté et qui, eux mêmes, peuvent ou pas à être connectés ou pas, à d'autres nœuds. Pour un nœud quelconque  $i$ , son degré noté  $k_i$  est vraiment une quantité très simple pour le caractériser. Dans un réseau social, cela pourrait désigner le nombre de voisins. Relevons que le degré  $k_i$  varie ou plus exactement fluctue d'un individu à un autre (avoir beaucoup ou peu d'amis par exemple). Le traitement statistiques des degrés est établi comme suit

- degré moyen

Une possibilité de caractérisation d'un réseau est de considérer la moyenne  $\langle k \rangle$  des degrés  $k_i$  telle que

$$\langle k \rangle = \frac{1}{N} \sum_i k_i$$

Lorsqu'on ajoute un lien entre deux nœuds quelconques  $(i, j)$ , le degré augmente de 1 pour le premier nœud et aussi de 1 pour le second nœud ce qui donne une variation du degré

$\delta k = 2$ . Le nombre moyen de degrés est alors

$$\langle k \rangle = \frac{1}{N} \sum_i k_i = \frac{2E}{N} \quad E: \text{nombre de liens}$$

Cette relation est vraie quelque soit le graphe dont on connaît le nombre de liens  $E$  et le nombre de nœuds  $N$ . Ceci est vrai quelque soit le graphe. Ainsi pour une valeur  $\langle k \rangle \geq 10$ , chaque nœud est supposé avoir 10 voisins, moyennant des fluctuations

- Histogramme de la distribution des degrés

Il s'agit simplement de représenter le nombre de nœuds  $N(k)$  qui ont un degré fixé  $k$ . L'allure de l'histogramme met en évidence cette distribution (figure X-9).

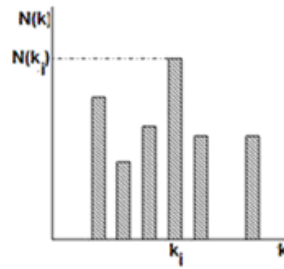


Figure X-9 Histogramme des degrés

En notant  $N$  le nombre total de nœuds et par  $N(k)$ , le nombre de nœuds de degré  $k$ , on peut définir le rapport  $P(k)$  suivant

$$P(k) = \frac{N(k)}{N}$$

qui définit la probabilité d'avoir un nœud de degré  $k$  quand on considère un nœud pris au hasard. La probabilité  $P(k)$  permettra de caractériser le réseau. Par rapport au degré  $k$ , on ne considère que le cas où  $k \gg 1$ . On distingue alors les deux cas suivants:

- La probabilité  $P(k)$  assez faible

Il n'existera pas de nœuds avec un degré élevé d'où une absence de hubs.

- Si la probabilité  $P(k)$  est assez élevée tout en restant inférieure à 1: présence de hubs avec  $k_i \gg \langle k \rangle$ . Cette dernière hypothèse jouera un rôle important dans la propagation d'une épidémie. Rappelons que le hub correspond au nœud ayant un très grand nombre de connexions, plus que la moyenne des degrés.

La présence de hubs peut donc aider à comprendre le mécanisme de propagation d'une épidémie dans la mesure où ils sont directement liés à la densité des contacts entre individus. Terminons en précisant que si on étudie la structure d'un réseau, cette dernière sera faite par rapport à l'une ou l'autre des classes précitées.

## VII- Propagation d'une épidémie sur un réseau

Dans les modèles épidémiologiques largement en début du présent travail, le modèle SIR en particulier, il a été fait mention du rôle fondamental du paramètre  $\gamma$  quant à quant à la contamination des individus susceptibles du compartiment S par des individus infectieux ayant déjà contacté la maladie. Ce paramètre représente en fait un taux de contamination ou précisément la probabilité de transmettre la maladie par unité de temps. Les simulations effectuées sur ces modèles sont quelques peu empiriques puisque principalement destinées à des illustrations graphiques du phénomène épidémiologique. Il reste la question fondamentale de savoir s'il existe un seuil de contamination au-delà duquel, on peut affirmer que l'épidémie s'installe dans sa propagation au sein d'une population. On notera par  $\gamma_c$  le seuil infectieux que

notons  $\gamma_c$ . Remarquons que le phénomène a été étudié dans la percolation ou le feu de forêt. Si  $i$  désigne la fraction d'individus infectés dans la population, alors  $0 \leq i \leq 1$ . La valeur  $i = 0$  indique qu'il y a absence d'épidémie alors que la valeur  $i = 1$  correspond à une infection généralisée de la population. La fraction de la population infectée sera alors une fonction du taux de contamination  $\gamma$ . Ceci revient à écrire  $i = i(\gamma)$ . La courbe épidémiologique que celle que celle donnée dans le cadre du seuil de percolation et que nous reproduisons ci-dessous où  $\gamma_c$  désigne le seuil épidémique critique au delà duquel la propagation de l'épidémie est importante (figure X-10).

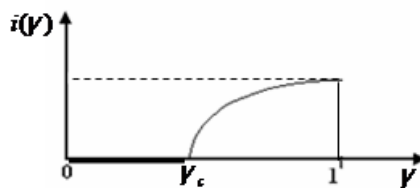


Figure X-10 le seuil critique

### VIII- Seuil épidémique critique

Il a été précisé que la contagiosité d'une maladie a pour vecteur un réseau de contacts via les liens entre les individus. Par conséquent il est justifié relier cette contagiosité au degré des différents nœuds c'est-à-dire les individus. Examinons les cas suivants:

- Absence de hubs dans le réseau

Le nombre de nœuds à forte connectivité est donc relativement peu élevé. Ceci a pour conséquence l'obtention d'une moyenne des degrés  $\langle k \rangle$  également élevé. Le risque de propagation de l'épidémie se produit lorsque le seuil critique de contamination  $\gamma_c$  est faible. Ce dernier se présente alors comme l'inverse de la moyenne des degrés et nous écrivons

$$\gamma_c \sim \frac{1}{\langle k \rangle}$$

- Présence de hubs dans le réseau

Le problème est abordé autrement. Le seuil critique  $\gamma_c$  dans ce cas est obtenu à partir du moment d'ordre 2,  $\langle k^2 \rangle$ , de la moyenne des degrés

$$\gamma_c \sim \left\langle \frac{1}{k^2} \right\rangle$$

Pour beaucoup de réseaux, on peut montrer que le moment d'ordre 2 augmente avec le nombre  $N$  de nœuds. La présence de hubs dans un réseau induit des fluctuations qui vont dominer le deuil épidémique. Ces fluctuations deviendront donc importantes dans les réseaux dans les réseaux de grande taille et nous avons la limite suivante

$$\lim_{N \rightarrow \infty} \frac{1}{\langle k^2 \rangle} \geq 0$$

Il découle alors que  $\gamma_c \rightarrow 0$ . En d'autres termes, plus la taille du réseau est grande, plus le seuil épidémique  $\gamma_c$  indiquant une propagation accrue de l'épidémie.

### IX- Réseau sans échelle en épidémiologie

Les réseaux sans échelle ont une prédisposition à développer un phénomène de diffusion est. (figure X-11) et de persistance de l'infection indépendamment de la force de l'agent infectieux.



Figure XI-11 Un exemple de phénomène de diffusion

Les travaux de Pastor Satorras et de Vespignani se rapportant aux réseaux sans échelle dans la propagation d'une épidémie apportent un éclairage sur la diffusion de la maladie. Cependant certaines hypothèses ont été posées par les deux auteurs:

- Seul le modèle "compartimental" de type SIS (développé dans le présent travail ) a été pris en considération
- Seule la partie de libre échelle du réseau est prise en considération. Le reste du réseau est supposé aléatoire
- L'exposant  $\alpha$  de la loi de puissance est supposé vérifiant la condition  $2 < \alpha \leq 3$
- La taille  $N$  du réseau est supposée presque infinie ( $N \rightarrow \infty$ )

Moyennant ces hypothèses, les auteurs ont trouvé comme seuil épidémique  $\gamma_c$  l'expression suivante

$$\gamma_c = \frac{\langle k \rangle}{\langle k^2 \rangle} \quad \left\{ \begin{array}{l} \langle k \rangle \text{ moment d'ordre 1 (moyenne) des degrés} \\ \langle k^2 \rangle \text{ moment d'ordre 2 (moyenne quadratique) des degrés} \end{array} \right.$$

Comme

$$\lim_{N \rightarrow +\infty} \langle k^2 \rangle \geq \infty \rightarrow \lim_{N \rightarrow \infty} \gamma_c = 0$$

Les réseaux de taille infinie (ou de très grande taille) favorisent donc la progression de l'épidémie. Les auteurs ont par la suite introduit un fort coefficient de clustering ( $C = \frac{5}{6}$ ). Un seuil épidémique  $\gamma_c$  fut alors détecté avec comme expression

$$\gamma_c = \frac{1}{\langle k \rangle - 1}$$

Quelques remarques:

- Certains auteurs affirment qu'il n'existe pas de seuil épidémique dans un réseau sans échelle
- Dans le cas d'un seuil épidémique  $\gamma_c > 4$ , un réseau sans échelle se comporte comme un réseau aléatoire.



## CHAPITRE XI

### ELEMENTS DE MODELISATION DE LA PANDEMIE COVID-19

#### I- Aperçu sur la pandémie de la Covid-19

##### I-1 Source probable du Coronavirus

Le 31 Décembre 2019, plusieurs cas de pneumonie sévère ont été enregistrés à Wuham, la capitale de la province de Hubei à l'Est de la Chine (carte).



Wuham : épicentre de la pandémie Covid-19

Il a été remarqué que cette maladie est d'origine virale et très vite l'agent pathogène a été identifié: le "corona virus" et la maladie induite, la covid-19 . Précisons que le virus a été d'abord baptisé "2019-nCov" par l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS) avant d'opter de façon universelle pour Covid-1ç dont l'étymologie est la suivante Plusieurs spéculations ont émises sur l'origine de ce virus. Une majorité de scientifiques s'accordent à affirmer qu'il est d'origine animale et que sa manifestation a eu pour lieu un marché aux fruits de mer de la ville de Wuhan. Ce marché n'est pas réservé exclusivement à la vente de poissons mais aussi à d'autres sortes d'animaux tels que les lapins, les serpents et les oiseaux et même des chauves-souris et des civettes.

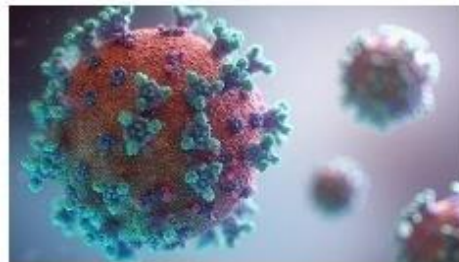
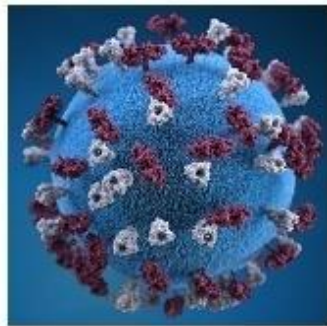
*Covid – 19* { *cov : comme Corona*  
*vi : comme virus*  
*d: comme disease (maladie)*  
*19 : pour 2019*

Ces affirmations doivent cependant être étayées par des investigations épidémiologiques approfondies.



Une civette

Il y a donc une ambiguïté sur l'origine du virus mais les premières personnes infectées ont toutes fréquenté ce marché, un argument tout de même vérifié. Les images suivantes sont une illustration 3D du coronavirus exhibant une morphologie faite de "pointes" qui ornent la surface donnant ainsi l'image d'une couronne



Morphologie du corona virus ( image fromCenters for Diseas Control and Prevention –CDC-)

## I-2 La Covid-19: une pandémie planétaire

Au début, la maladie Covid-19 était supposée comme épidémie locale, circonscrite à la ville de Wuhan , son épiceutre. Bien vite, elle s'est propagée dans plus de 200 pays et régions, se transformant en véritable pandémie planétaire. Dans le monde, le nombre de cas de contamination dépasse 82 millions tandis que 1.8 millions en sont décédés à ce jour à cause du corona virus. L'infection induite est classée comme infection émergente caractérisée par une augmentation brutale du nombre de personnes infectées. Le phénomène de propagation de l'agent pathogène et delà de contamination est répertorié comme un phénomène dynamique. Le nombre d'individus sains, de malade, d'immunisés évolue au cours du temps selon le statut de l'individu, sain, infecté ou rétabli (figure VII-1). Cette figure révèle l'expansion de l'épidémie à travers tous les continents à des degrés divers de contamination pour la période allant de fin Décembre 2019 (date de l'apparition de la pandémie Covid-19 ) à Septembre 2020. Durant les premiers mois, son expansion a été fulgurante principalement en Asie comme en témoigne le



nombre de contaminations qui a caractérisé ce continent. L'effet migratoire aidant, les autres continents, principalement les Amériques, ont connu un effet de contamination tout aussi élevé dit à croissance exponentielle. Lest dues irrégularités que révèle la figure, sont dues essentiellement aux mesures de prévention et de riposte adoptées pour freiner tout au moins atténuer les retombées de cette épidémie sur les populations. La courbe des décès cumulés affiche une croissance vertigineuse avec un maximum situé vers la mi-avril 2020 pour se stabiliser quelque peu, une conséquence des premières mesures de la gestion sanitaire de l'épidémie prises par les différents pays illustrée par le graphe de la figure XI-1.

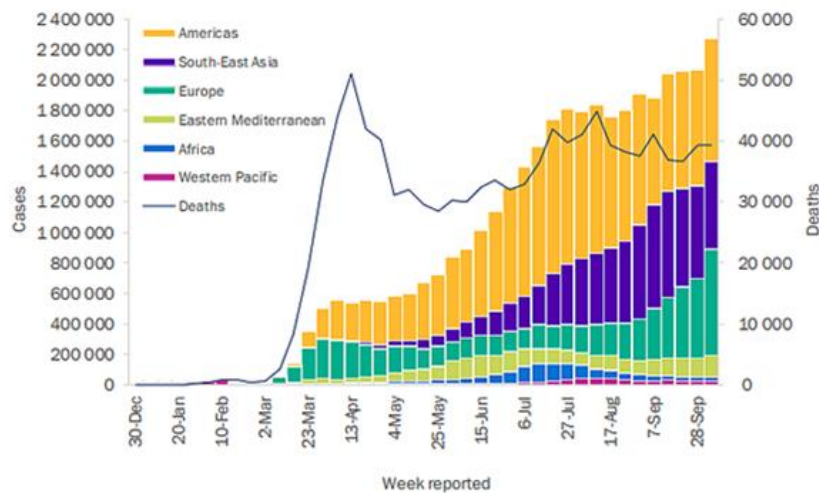


Figure XI-1 Evolution de la pandémie de la Covid-19 à travers le monde- Décembre 2019- Septembre 2020 (document OMS : Organisation Mondiale de la Santé)

Cette figure et une cartographie établie par continent, du nombre de cas de contamination avérée au coronavirus pour la période s'étalant du début de l'apparition de la pathologie (décembre 2019) à septembre 2020. Une courbe de mortalité globale accompagne cette distribution pour la période précitée. Nous relevons de prime abord que le nombre de contaminations n'est pas uniforme et varie d'un continent à un autre et même d'un pays à un autre. Cela dénote que la virulence de l'agent pathogène (le coronavirus) n'est pas le critère unique dans la dynamique de la propagation de la Covid-19. D'autres paramètres influent grandement sur cette propagation. L'une d'elle est représentée par les caractéristiques propres à un type d'organisation sociale, impliquant des paramètres socio-économiques démographiques et culturels. Les mêmes mesures sanitaires de prévention mises en place dans deux pays différents risquent de ne pas d'être accompagnées de la même efficacité. Le cas des Amériques est édifiant avec une croissance exponentielle du nombre de contaminations que nous rattachons à des considérations démographiques et aux pratiques sociales du respect des mesures barrières. La courbes des décès durant la période précitée, met en relief trois phases distinctes: une allure pratiquement "plate" s'étalant jusqu'au début du mois de mars 2020, la pandémie ne s'étant pas

encore généralisée puisque circonscrite d'abord au foyer chinois. Un énorme pic de la courbe des décès apparaît entre avril 2020 et mai 2020. Il indique un état de fait: la propagation généralisée de la pandémie. Nous pouvons avancer comme cause, l'effet de surprise de la vitesse de propagation et les mesures prises tardivement par certains états. Après le pic observé dans la courbe des décès, une phase de fluctuations est observable et qui se poursuit. Elle est liée à une forme de tâtonnement dans les mesures décidées: confinement global, confinement partiel, déconfinement etc... .

## **II- Covid-19 et taux de reproduction de base $R_0$**

Bien qu'exposé à plusieurs reprises, nous rappelons ci-dessous toute l'importance que revêt le taux de reproduction de base  $R_0$  car il est au centre de l'authentification d'une pandémie et sa détermination conditionne l'efficacité des mesures sanitaires décidées. La pandémie de la Covid-19 ne fait pas exception et plusieurs en ont un critère fondamental pour décider des mesures à prendre. Le taux de reproduction de base fait l'objet d'intenses recherches en mathématiques appliquées à l'épidémiologie.

### **II-1 Détermination et impact du taux de reproduction de base $R_0$**

La détermination de la valeur du taux de reproduction de base  $R_0$  focalise à ce jour les débats entre épidémiologistes et modélisateurs mathématiciens. Nous avons tout au long de ce travail rapporté différentes expressions pouvant permettre un calcul de  $R_0$  en particulier à l'aide des paramètres épidémiologiques inclus dans le modèle de base SIR et dans ses variantes. Connaître ces paramètres n'est pas aisé. Bien plus, les expressions mathématiques exprimant le taux de reproduction de base  $R_0$  provenaient de résultats de calculs. Cependant, qu'en est-il dans une situation réelle de propagation d'une maladie?

Dans leur ensemble, les mesures préventives prises ou à prendre dans un contexte épidémiologique visent à ralentir puis à annihiler la maladie en préconisant un mode de comportement social résumé sous le nom de mesures barrières. Sur un plan pratique, la détermination de  $R_0$  passe par le diagnostic des éléments intervenant dans un environnement épidémiologique :

- La durée d'infection (ou phase infectieuse)  $D$  (en jours) souhaitée la plus courte possible pour réduire les effets de contagion collatéraux
- Le nombre moyen de contacts  $C$  qu'un individu a par jour (personnes par jour). Ce nombre, proportionnel à  $R_0$ , peut être réduit par l'instauration de mesures adéquates comme le confinement ou la limitation des déplacements.
- La probabilité  $p$  de transmission de l'infection au cours d'un contact. Cette probabilité également proportionnelle à  $R_0$  peut être réduite par certaines mesures comme le port d'un masque et la distanciation physique.

L'ensemble de ces hypothèses synthétise l'expression du taux de reproduction de base suivante

$$R_0 = p \times C \times D$$

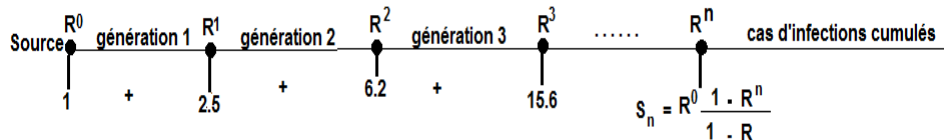
## II-2 Le taux de reproduction de base: un indicateur de l'évolution d'une épidémie

Chaque épidémie est caractérisée par un taux de reproduction de base  $R_0$  spécifique car de la connaissance de cette valeur dépend l'efficacité de la gestion sanitaire d'une maladie qui, à la limite, peut se transformer en épidémie voire en pandémie. La valeur de  $R_0$  détermine le risque épidémique comme précisé dans les chapitres précédents:

- Si  $R_0 < 1$ : Chaque personne infectée infectera moins d'une autre personne. Le risque épidémique est alors écarté
- Si  $R_0 = 1$ : une personne infectée impactera par contamination une seule autre personne. On observera une légère ascendance de la maladie et tout risque d'épidémie est écarté car la dynamique qui prévaut est cyclique: contamination-guérison
- Si  $R_0 > 1$ : ce cas est le plus redouté par les épidémiologistes car un individu infecté contaminera plus d'une personne, le processus étant répétitif. La maladie basculera alors en épidémie ou en pandémie.

Dans le cas de la Covid-19, les différentes études de cette pandémie récente et très actuelle avancent un taux de reproduction de base  $R_0$  compris entre 2 et 3:  $2 \leq R_0 \leq 3$ . La valeur  $R_0 = 3$  est celle annoncée au lendemain de l'apparition de la Covid-19 dans la ville chinoise de Wuhan en Décembre 2019. La valeur intermédiaire  $R_0 \cong 2.5$  peut être retenue. L'information que donne cette valeur est la suivante:

- Dans une première étape, une personne infectée contaminera 2.5 autres personnes
- Chacune de ces 2,5 personnes contaminera 2.5 autres personnes ce qui donnera 6.2 nouveaux contaminés. Remarquons que  $6.2 = 2.5^3$
- Chacun de ces derniers contaminera 2.5 autres individus, ce qui aboutit à 15.6 contaminés.
- Le processus ainsi répété peut être représenté par la chaîne de calcul suivante



Remarquons la croissance rapide du nombre d'individus infectés à chaque étape ainsi que le nombre cumulé  $M$  d'individus infectés qui est obtenu comme suit

$$M = 1 + R_0^1 + R_0^2 \dots + R_0^n$$

Dans l'exemple précédent et au bout de la troisième étape

$$M = 1 + 2.5 + 6.2 + 15.6 = 25.3$$

Le nombre cumulé d'individus infectés se présente sous la forme d'une progression géométrique de premier terme 1 et de raison  $R_0$  et dont nous savons calculer la somme

$$M_n = 1 \frac{1 - R_0^n}{1 - R_0} = \frac{1 - R_0^n}{1 - R_0}$$

Si  $R_0 = 2.5$  et  $n = 4$  alors

$$M_4 = \frac{1 - 2.5^4}{1 - 2.5} = 25.3$$

La **figure XI-2** illustre bien la croissance exponentielle du nombre d'infectés avec l'augmentation de la valeur de  $R_0$ .

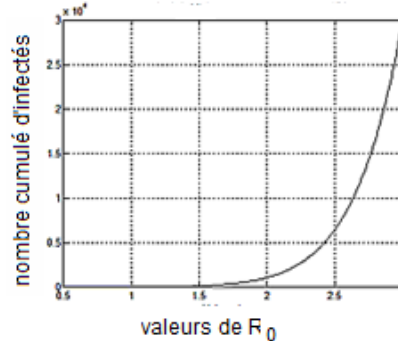


Figure XI-2 Nombre cumulé d'infectés vs.  $R_0$

### II-3 Total cumulé du nombre d'individus infectés et progression géométrique

Il a été mis en évidence ci-dessus que le total cumulé d'individus infectés peut être exprimé comme la somme d'une progression géométrique, de raison le taux de reproduction de base  $R_0$ . Or, la valeur de la raison conditionne la convergence ou la divergence de la progression.

Si, en module, la raison est supérieure à l'unité, cette dernière diverge. Dans le cas contraire, si cette raison est inférieure à 1 en module, la progression géométrique converge vers une limite finie. Ce raisonnement est donc applicable au taux de reproduction de base  $R_0$  pour lequel la valeur 1 est une valeur "frontière" au-delà de laquelle on observe une croissance exponentielle du nombre d'individus infectés (assimilable à une divergence) et en deçà de laquelle le cumul de individus infectés tend à diminuer (assimilable à une convergence).

En terme de mesures préventives dans le cas de la Covid-19, il est primordial de déterminer en début d'épidémie le taux de reproduction de base  $R_0$ . Ce dernier peut changer au cours d'une épidémie. Il est donc possible d'influer sur l'évolution d'une épidémie au sein d'une population en ramenant  $R_0$  au voisinage de 1, c'est-à-dire en fait, amorcer la convergence de la progression géométrique. Pour ce faire, des mesures de gestion sanitaire sont envisagées, comme la distanciation sociale, le port du masque, des mesures d'hygiène drastiques, ...

Le suivi de l'évolution du taux de reproduction de base  $R_0$  doit être de tous les instants et les autorités sanitaires en tiennent fortement compte dans leurs décisions: confinement-déconfinement par exemple. Il se pose cependant le problème de la détermination de  $R_0$  car au cours d'une pandémie, sa valeur n'est pas universelle mais elle est spécifique à la population, à sa culture, son mode de vie principalement les contacts inter-individus etc.

### III- Covid-19 et modélisation

En dépit de leur simplicité, les modèles mathématiques de propagation d'une épidémie (SIR, SIER, SIS,...), ils introduisent les notions essentielles pour comprendre la dynamique épidémiologique. A titre le modèle d'exemple, le modèle SIR (Susceptibles-Infectés-Rétablis) peut rendre compte de la progression de la maladie dans le temps (semaine après semaine par exemple). L'inconvénient de ce modèle est qu'il est basé sur le critère d'homogénéité de la population et sur la taille de cette dernière. Cependant, le fonctionnement du modèle est très simple: pour une population de taille  $N$ , il y a en début d'épidémie  $N - 1$  individus susceptible d' être infectés, 1 individu infecté ( $I = 1$ ) et aucun individu de rétabli ( $R = 0$ ). L'épidémie se poursuit tant qu'il y a des infectés (que  $I$  n'est pas nul), puis elle s'arrête. La simplicité du modèle ne prend pas en considération tous les paramètres liés à la maladie comme la période d'incubation, l'hypothèse qu'un individu remis est définitivement immunisé (il ne peut plus contracter la maladie de nouveau). Est-ce le cas pour la Covid-19? Une certitude tout de même: le phénomène de propagation de l'épidémie est fortement probabiliste. Le phénomène de contamination d'un individu  $S$  par un individu  $I$  obéit à une probabilité  $p$  indiquant que la contamination va pouvoir réellement se produire.

On estime que dans le cas de la Covid-19, le modèle SEIR qui incorpore un compartiment  $E$  (Exposés) intermédiaire entre celui des susceptibles  $S$  et celui des infectés  $I$  répond favorablement à la situation prévalent dans cette maladie. Le modèle SIER à été introduit et simulé dans les chapitres précédents. Précisons que le modèle SEIR est l'un des modèles mathématiques les plus populaires qui peuvent être pour évaluer les mesures de contrôle tout en jouant un rôle clé dans la prise de décision de santé publique

### IV- Application du modèle SEIR à la source de la Covi-19 (Wuhan- Chine)

L'un des intérêts que pourrait présenter cette modélisation est qu'il fait appel à des données originelles supposées prévalant dans le foyer de l'épidémie (Wuhan-Chine). Les paramètres utilisés sont des indicateurs de la virulence de cette de cette dernière et sont dominants comparés à ceux qui caractérisent d'autres régions du monde.

A toute fin utile, nous rappelons le modèle mathématique SEIR, dans lequel  $S$  désigne la population susceptible d'être infectée,  $E$  la population exposée à une infection,  $I$  la population infectée et  $R$  les individus immunisés ou décédés

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = -\frac{\beta IS}{N} \\ \frac{dE}{dt} = -\frac{\beta IS}{N} - \sigma E \\ \frac{dI}{dt} = \sigma E - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I \end{array} \right.$$

Dans ce système d'équations différentielles, nous avons les désignations suivantes

$S(0)$	$E(0)$	$I(0)$	$R(0)$	$\beta$	$\sigma$	$\gamma$
population de Wuhan, Exposés et Infectés exclus	Population initialement exposée $E_0 = 20 * I_0$	Population initialement infectée	Population initialement immunisée	Taux d'infection	Taux d'exposition	Taux d'immunisation
$11 * 10^6$	800	40	0	$\beta = R_0 * \gamma$	1.5.2	1/18

Précisons que le paramètre "taux d'infection"  $\gamma$  sera obtenu à partir de l'expression donnant le taux de reproduction nde basde  $R_0$

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma} \rightarrow \beta = \gamma R_0$$

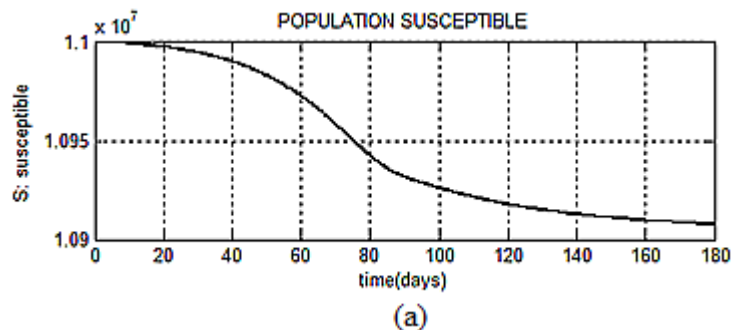
- Durée d'observation de l'expansion de l'épidémie :  $T = 180 \text{ jours}$
- Le taux de reproduction de base  $R_0$

Le taux de reproduction retenu n'est pas le taux de reproduction de base constant  $R_0$  généralement utilisé pour indiquer le nombre moyen d'individus qu'un infectieux peut à son tour contaminer. En effet, la propagation d'une épidémie n'est pas uniquement une dynamique mais elle fait aussi l'objet d'une gestion tendant dans un premier temps à ralentir sa progression dans l'espace et surtout dans le temps. Des mesures spécifiques sont alors prises alliant du port d'un masque, à la distanciation sociale ou au confinement total ou partiel. Ainsi, les conditions de contamination varient elles-aussi dans le temps. Par conséquent, le taux de reproduction de base devient une fonction du temps et prend le nom de "taux de reproduction effectif"  $R_t$  soumis à des mises à jour relativement à des valeurs de temps "piqués" sur la durée d'observation. Le taux de contamination  $\beta$  en est aussi modifié et peut être qualifié lui-même de "taux de contamination effectif  $\sigma_t$ ". Le tableau xxx illustre les intervalles de temps considérés, les taux de reproduction effectifs et les différents taux de contamination tstés sur le modèle SEIR.

<i>Nombre de jours après le début de l'épidémi</i>	<i>Taux de reproduction effectif <math>R_t</math></i>	<i>Taux de contamination effectif <math>\beta_t = \gamma R_t</math></i>
0	3	0.166
20	2.6	0.144
70	1.9	0.105
84	1.0	0.055
90	0.5	0.027
100	0.5	0.027

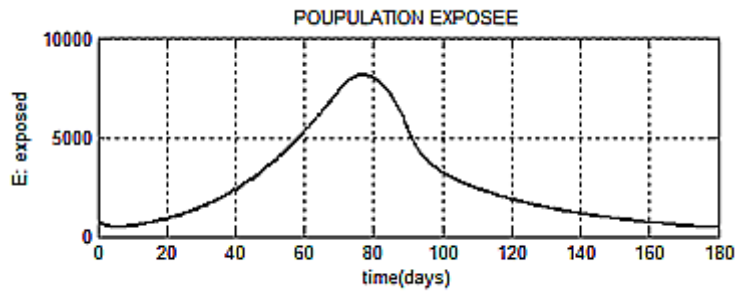
Les courbes suivantes sont issues de la modélisation SEIR de la pandémie Covid-19 exécutées à partir de données épidémiologiques caractérisant le foyer de l'épidémie, la ville de Wuhan (Hubbei-Chine). L'allure des différentes courbes ne diffère pas grandement de celle observée dans les différents modèles simulés précédemment en particulier le modèle SEIR. L'intérêt se situe dans la nature des données épidémiologiques qui ne sont plus empiriques mais répondent à une situation concrète de la pandémie Covid-19. Les figures XI-3 (a), (b), (c), (d), et (e) synthétisent les différentes courbes épidémiologiques relatives à l'exemple traité ci-dessus.

- La courbe (a) renvoie à la décroissance dans le temps de la population susceptible traduisant l'existence d'un phénomène d'infection accompagné en aval probablement de cas de guérison u de décès. La tendance de cette courbe est observée pratiquement dans tous les exemples de simulation effectués, même en ayant une dimension démographique via un paramètre de natalité.



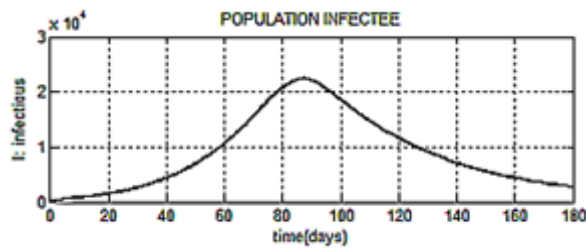
Courbe descriptive de la population susceptible

- La courbe (b) met en évidence la variation de la population exposée car le modèle considéré est de type SEIR. Notons le pic central atteint par cette population révélant ainsi une "lenteur" dans le rythme des infections expliquée par le choix des paramètres épidémiologiques de simulation.



(b)

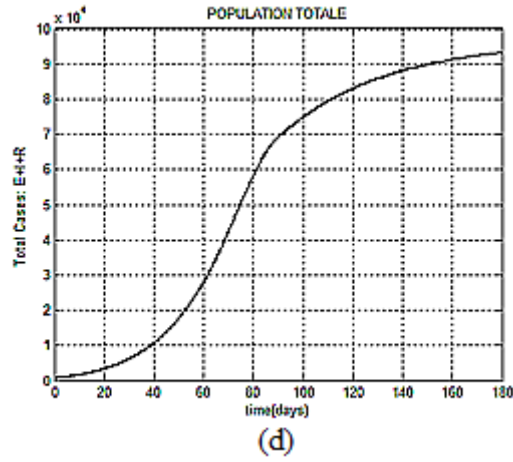
La courbe (c) illustre la tendance en fonction du temps des infectés. L'apparition du pic central est le trait caractéristique de la virulence d'une épidémie. Sa localisation dans le temps et son aplatissement relatif permettent de situer le degré de cette virulence en termes du nombre d'individus infectés.



(c)

- La courbe (d) peut être assimilée à une courbe de contrôle, en fonction du temps, de l'effectif de population mis en jeu aux différents stades de l'évolution de l'épidémie. Elle découle de la somme  $E(t) + I(t) + R(t)$ . La présence des termes  $E(t)$  (population non encore infectée) et  $R(t)$  (population guérie) justifie la croissance monotone de la courbe.





- La courbe (e) situe l'évolution cumulée du nombre d'individus infectés et guéris,  $I(t) + R(t)$ . Elle est donc liée aux deux derniers stades du modèle SEIR où le ratio guérison/infection présente une valeur maximale traduisant quelque part une forte dynamique entre infections et guérisons.

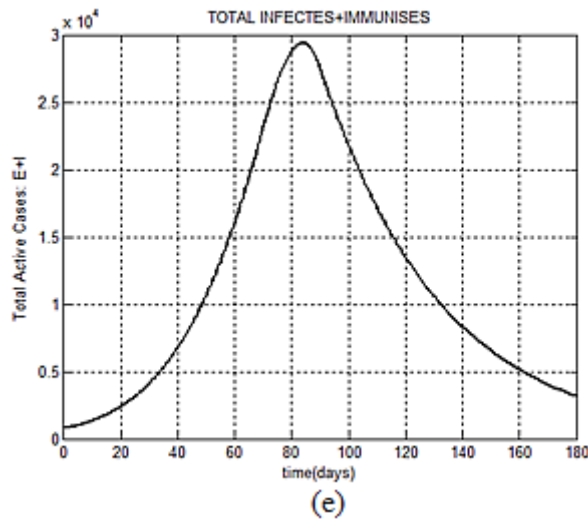


Figure XI-3 [ (a),(b),(c), (d)] Une synthèse intégrée des courbes d'un modèle SEIR

## V- Covid-19 : éléments de gestion sanitaire par la Chine

Au lendemain de la déclaration de la pandémie Covid-19 en Chine (Décembre 2019) , pendant les mois s'étalant de fin Janvier au début Mars 2020, il a été deux phases distinctes dans la courbe descriptive du nombre de cas de contaminations . En effet, durant cette période, la Chine à enregistré à elle seule 80 000 cas pour 90 000 pour le reste. Le rapport est édifiant. Les deux phases précitées sont les suivantes (figure VI-4 in la revue "Nature" -courbe interprétée)

1- Une phase ascendante de type croissance exponentielle durant la période s'étalant du 20 Janvier 2020 à la mi-février de la même année avec un nombre de cas en constante progression pour atteindre 80 000 cas mais la tendance "croissance exponentielle" est nettement brisée avec un fléchissement de la courbe. Ceci est le résultat des mesures draconiennes de prévention sanitaire prise par les autorités chinoises dont un isolement de la région considéré comme le foyer de l'épidémie et un confinement stricte et étalé dans le temps de la population de Huwan.

2- L'épidémie n'avait atteint le reste que bien plus tard comme l'atteste la croissance exponentielle lente du nombre de cas observés à travers les différents régions du monde (vers le 20 février 2020) avec un nombre de contaminations relativement peu élevé (10 000 cas environ)

3- Les deux courbes de la figure XI-4 reflètent de manière évidente la réaction spontanée à adopter dès l'apparition d'une épidémie et la longueur de la période de latence avant qu'elle ne se propage à une plus grande échelle.

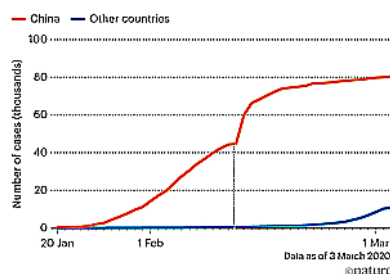


Figure XI-4 Evolution comparée de la pandémie Covid-19 Chine-Reste du monde

## VI- Covid-19 et croissance exponentielle

On dit qu'il y a variation de type exponentiel dans une dynamique évolutive lorsque le "taux" de variation par unité de temps de la valeur d'une fonction mathématique exprimant cette dynamique est proportionnel à la valeur actuelle de la fonction. Ceci fait que la valeur de cette fonction à tout moment est une fonction du temps qui figurera ainsi en exposant.

Dans un système biologique en évolution dans un environnement offrant des conditions favorable à sa prolifération et sans une intervention "prédatrice" externe, , un agent pathogène développera une dynamique de reproduction orientée dans le sens d'une croissance

exponentielle. Cette dernière est souvent considérée comme le synonyme de croissance rapide proportionnelle à la taille de la population sur laquelle elle s'exercera. La propagation de la pandémie Covid-19 en est un exemple typique qui sera développé dans cette section.

Dans le cas du coronavirus, la croissance du nombre de personnes infectées sera inévitablement exponentielle, au moins pendant un certain temps. En effet, le taux de nouvelles infections dépend clairement du nombre de personnes déjà contagieuses. Le décompte des personnes infectées qui en résulte augmentera très rapidement - comme cela est typique d'une croissance exponentielle.

Précisons seulement que dans ses premiers stades, la pandémie du coronavirus augmente à un rythme exponentiel inévitablement. Cependant ceci ne peut se produire que si certaines conditions sont réunies

- La présence au moins d'un individu infecté au sein d'une population
- L'existence de contacts réguliers entre les membres d'une communauté susceptible et et des membres infectés
- L'existence d'hôtes potentiels non encore infectés parmi la population

Dans le cas de la Covid-19, le nombre cumulé de personnes infectées suit inévitablement une loi de croissance exponentielle au moins pendant un certain temps à compter du début de la pandémie. Comme par effet rétroactif, le nombre d'individus nouvellement infectés dépend *a priori* du nombre de personnes déjà infectées ou infectieuses. Précisons que la croissance exponentielle d'une pandémie ne dépend que du taux de croissance mais pas exclusivement du nombre de personnes.

### VII- Temps et infections: un exemple

Supposons qu'au cours d'une épidémie ayant débuté le 1<sup>er</sup> Janvier, il a été enregistré 1 infecté et que le nombre de contaminés double tous les 3 jours. Pour estimer le nombre de contaminés au 31 Janvier, nous procédons comme suit

- Nombre d'intervalles de longueur 3 séparant le 1<sup>er</sup> Janvier du 31 Janvier

$$n = \frac{31 - 1}{3} = 10$$

- Puisque le nombre d'infectés double (donc multiplié par 2) tous les 3 jours, le taux de reproduction de base est donc  $R_0 = 2$

- Le nombre  $N$  cumulé d'individus infectés et obtenu comme la somme d'une progression géométrique de premier terme 1 (un seul individu infecté en début d'épidémie), de raison  $R_0 = 2$  et portant sur  $n = 10$  intervalle

$$N = 1 \cdot \frac{1 - 2^{10}}{1 - 2} \approx 2^{10} = 1024$$

A la date du 3 Février,  $n = 4$  et  $R_0 = 2$ , on obtient  $N = 2048$  individus infectés. Remarquons cette progression fulgurante du nombre d'infections en l'espace de 3 jours séparant le 31 Janvier du 3 février. Estimons maintenant le nombre d'individus infectés au 19 Mars.

- Nombre d'intervalles de 3 jours séparant le 1<sup>er</sup> Janvier du 19 mars

$$n = \frac{31 + 28 + 19}{3} = 26$$

Par application du principe de la somme d'une progression géométrique

$$N = 1 \cdot \frac{1 - 2^{26}}{1 - 2} \approx 2^{26} = 67\,108\,864$$

Avec les hypothèses fixées dans cet exemple, à la date du 19 Mars, plus de 67 millions d'individus seront infectés. A l'échelle d'un pays, l'épidémie touchera presque toute la population si des mesures sanitaires de préventions ne sont pas prises, à commencer par le fléchissement de la courbe exponentielle.

#### VII- Un exemple de traitement de données épidémiologiques

Les données de contamination au Coronavirus synthétisées dans le tableau suivant, proviennent des cas enregistrés en Grande-Bretagne depuis les tout premiers mois de la pandémie allant du 23 Février 2020 au 23 Mars de la même année. Précisons que ces données sont antérieures aux mesures de prévention notamment le confinement.

Le décompte des contaminés est journalier et repose sur une mise à jour quotidienne des cas préexistants, des nouveaux cas signalés et enfin du nombre de cas de contamination cumulés.

Le traitement de ces données sera effectué par rapport à la première colonne du tableau spécifiant les dates d'enregistrement et la quatrième colonne donnant le nombre de cas cumulés durant la période d'observation.

Chapitre XI Eléments de Modélisation de la Pandémie Covid-19

Date	Cas à ce jour	Nouveaux cas signalés	Cas cumulés
23/02/20	10	1	11
24/02/20	11	2	13
25/02/20	13	5	18
26/02/20	18	4	22
27/02/20	22	8	30
28/02/20	30	12	42
29/02/20	42	5	47
01/03/20	47	22	69
02/03/20	69	40	109
03/03/20	109	55	164
04/03/20	164	56	220
05/03/20	220	51	271
06/03/20	271	81	352
07/03/20	352	60	412
08/03/20	412	57	469
09/03/20	469	148	617
10/03/20	617	259	876
11/03/20	876	406	1282
12/03/20	1282	484	1766
13/03/20	1766	478	2244
14/03/20	2244	361	2605
15/03/20	2605	442	3047
16/03/20	3047	610	3657
17/03/20	3657	770	4427
18/03/20	4427	999	5426
19/03/20	54 26	1053	6479
20/03/20	6479	1259	7738

21/03/20	7738	1196	8934
22/03/20	8934	1378	10312
23/03/20	10312	2335	12647

- Une première constatation : les passages d'un niveau de cas cumulés à un autre ne s'effectuent pas dans le même rapport Ainsi  $11 \rightarrow 13 (\times 1.1)$  ;  $13 \rightarrow 18 (\times 1.38)$  .
- La représentation en histogrammes (figure VIII-5) donne un aperçu de la distribution des fréquences des cas de contamination cumulés. On remarque une nette tendance vers une évolution de type "croissance exponentielle" (figure XI-5).

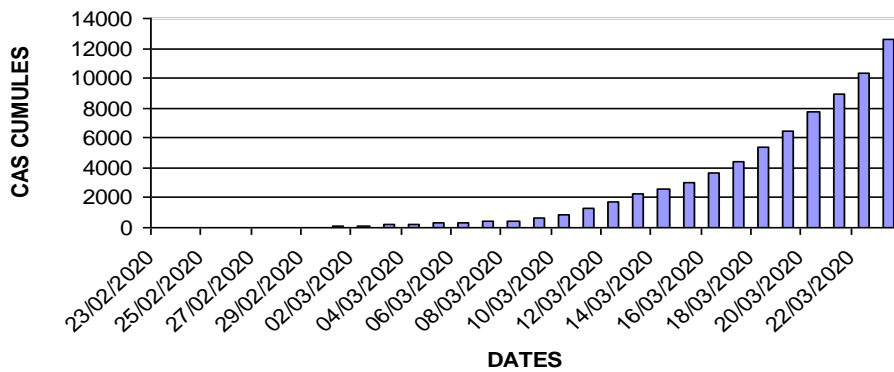


Figure X-5I Histogrammes du nombre cumulé d'individus infectés

- Il a été précisé plus haut que les passages entre deux niveaux de cas cumulés ne s'effectuent pas dans même rapport (taux). Ceci est visible dans la courbe des variations des cas cumulés et dans laquelle loi de croissance de type "exponentielle" n'est pas idéale (figure XI-6).

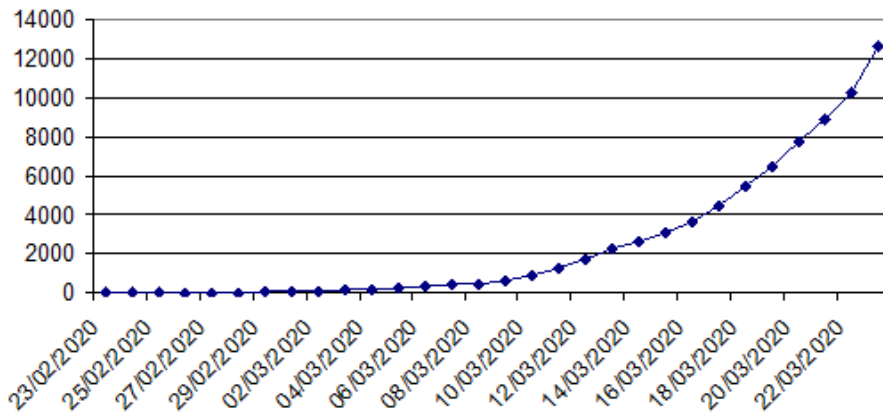


Figure XI-6 Loi de croissance exponentielle du nombre cumulé d'individus infectés

- Un processus  $X(t)$  suit une loi de croissance exponentielle par rapport au temps  $t$ , admet pour expression

$$X(t) = X_0 \cdot \exp[(1 + \alpha)t]$$

avec  $X_0$  l'état initial  $X(0)$  et  $\alpha$  le taux de croissance. En considérant le logarithme des deux membres ( $X_0, X(t) > 0$ ) il vient la croissance

$$\log[X(t)] = \alpha t + [1 + \log(X_0)]$$

Il ressort donc qu'en représentation semi-logarithmique, les variations d'un processus à croissance exponentielle se traduisent sous la forme d'une droite croissante dont la pente est représentée par le taux de croissance (figure XI-7). Dans la pratique, il suffit d'effectuer une opération de régression linéaire sur les données épidémiologiques (cas de contamination cumulés) non seulement pour une meilleure visibilité et une meilleure lecture de la croissance du nombre d'individus infectés. A travers les mesures sanitaires préventives, il serait d'influer sur la pente de cette droite de régression et par le fait même infléchir la courbe de croissance exponentielle du nombre d'individus infectés et ralentir ainsi la progression de l'épidémie.

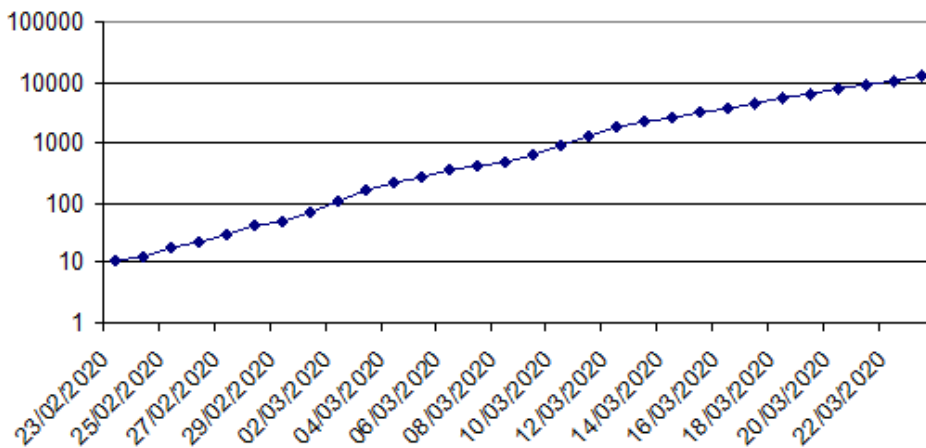


Figure XI-7 Régression linéaire du nombre d'individus infectés





## Références

### A- Modélisation mathématique des maladies épidémiques

- Anderson R;M. & R.M. May (1981) *Infections diseases of Humans; Dynamics and control*. Oxford: Oxford University Press
- Atkeson, Andrew G. (2020). "On Using SIR Models to Model Disease Scenarios for COVID-19." *Quarterly Review*, 41(1). <https://doi.org/10.21034/qr.4111>.
- Brauer, C. Castillo-Chavez, and C. Castillo-Chavez, *Mathematical models in population biology and epidemiology*. Springer, 2012, vol. 2
- Bailey N.T.J. (1975) . *The Mathematical Theory of Infections Diseases and its applications*. Spokane WA: Griffin
- F. Brauer, P. van den Driessche and J. Wu, *Mathematical Epidemiology*, Lectures notes in Mathematics, Springer (2008)
- Fred Brauer (2006). Some simple epidemics models. Technical report, University of British Columbia
- Capasso, V. (1993). *Mathematical Structure of Epidemic Systems* Berlin Springer ISBN 3-540
- Capasso, Vincenzo (2008). *Mathematical Structures of Epidemic Systems. 2nd Printing. Heidelberg: Springer. ISBN 978-3-540-56526-0.*
- R. Cohen and S. Havlin.(2010) *Complex Networks - Structure, Robustness and Function*. Cambridge University Press, 2010.
- Daley DJ Gani J *Epidemic modelling: an introduction Cambridge Studies in Mathematical Biology* Cambridge University Press 1999
- F. Debarre, SIR models of epidemics, Lecture Notes in Modelling course in population and evolutionary biology. Zurich, Switzerland: Institute of Integrative Biology
- O. Diekmann and J. A. P. Heesterbeek. *Mathematical Epidemiology of Infectious Diseases*. Wiley, 2000.
- O. Diekmann, H. Heesterbeek, and T. Britton, *Mathematical tools for understanding infectious disease dynamics*. Princeton University Press, 2012, vol. Guinnebaud B. (2004). Modèles mathématiques pour une propagation des maladies contagieuses. *Bulletin de l'APMEP* n° 441 H. W. Hethcote, "The Mathematics of Infectious Diseases," *Society for Industrial and Applied Mathematics Review.*, vol. 42, pp. 599–653, 2000.
- Rami
- Es Djidjiou, Demasse Christian, Selinger & Mircea T. Sofana . *Epidemiologie Mathématique et Modélisation de la pandémie de Covid-19 : enjeux et diversité*. Dossier Scientifique – Maladies Infectieuses et Vecteurs: Ecologie, Génétique et Contrôle (Merges) - Université de Montpellier France
- Frank Hoppensteadt. *Predator-prey model*. Technical report, New York University, 2006.
- Ricardo Gallina (2012). *Dynaic Models for the Analysis of Epidemic Spreads*. Thèse d'Ingénieur Università Degli Studi di Padova – Faculta di Ingegneria
- Kröger, Martin; Schlickeiser, Reinhard (2020). "[Analytical solution of the SIR-model for the temporal evolution of epidemics. Part A: Time-independent reproduction factor](#)". *Journal of Physics A*. **53** (50):
- L. Jian-quan, L. Jie and L. Meizhi (2008), "Some discrete SI and SIS epidemic models," *Applied Mathematics and Mechanics.*, vol. 29
- W. O. Kermack and A. G. McKendrick, (1927). *A contribution to the mathematical theory of epidemics,* *Proceedings of the Royal Society of London: Series A, Containing Papers of a Mathematical and Physical Character*, vol. 115, no. 772
- Y.Kuang, *Delay Differential Equations with Application in Population Dynamics in Science and Engineering*, Academic press, New York, 1993.
- Jessica C Metcalf E, Morris Dylan H, and Park Sang Woo. *Mathematical models to guide pandemic response*
- Maria Martcheva (2015). *An introduction to Mathematical Epidemiology* ; Springer
- Micheal Y.L (2008).i. *Mathematical Epidemiology: Models and Analysis*. Technical report, University of Alberta,.
- Micheal Y.Li. *Mathematical Epidemiology: Models and Analysis*. Tech- nical report, University of Alberta, 2008.

- D.Moulay, Modélisation et analyse mathématique de systèmes dynamiques en épidémiologie. Application au cas du Chikungunya.Thèse de doctorat 2011.
- Newman, M. E. J. (2002-07-26). "[Spread of epidemic disease on networks](#)". *Physical Review E*. **66** (1)
- Allen Linda JS, Brauer Fred (2008), Pauline Van den Driessche, and Jianhong Wu. *Mathematical epidemiology*, volume 1945 Springer
- Prum B. (2004). *Mathématiques et biologie APMEP* n° 440
- R. Sameni, *Mathematical Modeling of Epidemic Diseases*, 2020.
- H.R.Thieme, *Mathematics in Population Biology*. Princeton University Press, Princeton 2003
- F. Debarre, *SIR models of epidemics*, Lecture Notes in Modelling course in population and evolutionary biology. Zurich, Switzerland: Institute of Integrative Biology
- L. Jian-quan, L. Jie and L. Mei-zhi (2008), Some discrete SI and SIS epidemic models, *Applied Mathematics and Mechanics.*, vol. 29
- H. W. Hethcote,(2000), *The Mathematics of Infectious Diseases* Society for Industrial and Applied Mathematics Review., vol. 42
- *Epidémiologie mathématique de la pandémie Covid-19:Enjeux et Diversité*.EM Consulte

### B- Taux de Reproduction de base $R_0$

- N. Chitnis, (2011) *Introduction to Mathematical Epidemiology: The Basic Reproductive Number*, Lecture notes for Autumn Semester 2011. Swiss Tropical and Public Health Institute, Zurich, Switzerland
- Heesterbeek JAP, Dietz K (1996). The concept of  $R_0$  in epidemic theory. *Stat Neerl*
- James Holland JohnsNotes (2007). On  $R_0$  \* Department of Anthropological Sciences Stanford University
- Joseph Eisenberg (2020) *R0: How Scientists Quantify the Intensity of an Outbreak Like Coronavirus and Its Pandemic Potential* School public Health University of Michigan

### C- Graphes et Réseaux

- Alexandre Blondin Massé (2014) *Réseaux et graphes* Laboratoire d'informatique formelle Université du Québec à Chicoutimi Département d'informatique et mathématique
- Barthélemy M. (2005). «Propagation d'épidémies sur les réseaux complexes». École thématique «Les grands réseaux d'interaction», Paris.
- Cogis O. & Robert C (2003) *Théorie des graphes*. Patis Vuibert
- Olivier Cogis et Claudine Schwartz (2018) *Théorie des graphes : problèmes, théorèmes, algorithmes*, Paris, Cassini
- DEGENNE, A. and M. FORSE (2004). *Les réseaux sociaux*. Paris, Armand Collin.
- Diestel R. (2005) *Graph Theory*, Electronic Edition. Springer-Verlag, New York.
- 
- Droesbek F.,Hellin M. & Lefevre C. (1987) *Les graphes par l'exemple* Ed. Ellipse
- L;A;P; Hoeetereek (2020) *A breaaf history of  $R_0$  and its calculation* Math. Model. Nat. Phenomenon
- FLAMENT, C. (1965). *Théorie des graphes et structure sociale*. Paris/La Haie, Mouton-
- Gauthier-Villars.
- K. Kaski and J.Saramäki. Modeling epidemics with dynamic small-world networks. *Journal of Theoretical Biology* 234/3, 2005.
- D. Müller (2011) *Introduction à la théorie des graphes*. Cahiers de laComission Romande Mathématiques (CRM) . Cahiers N°6
- A. Sainte – Laguë *Les réseaux (ou graphes)* Mémorial des sciences mathématiques, fascicule 18 (1926)
- Laurence Saglieto (2006) *Quelques repères dans l'étude des réseaux par la théorie des graphes*. *Networks and Communication Studies* Vol20 N° 1-2
- Marsden P, Lin N. (eds), *Social structure and networks analysis*. Bervely Hills : Sage.
- Mathis P. (2003). *Graphes et réseaux*. Paris: Lavoisier, Hermès Science.
- West D. (2001)*Introduction to graph theory* . Printice Hall

## D- Covid-19

- Barbarossa MV, Fuhrmann J, Meinke JH, et al. Modeling the spread of COVID-19 in Germany: Early assessment and possible scenarios. PLoS One. 2020 Sep 4;15(9):e0238559. PubMed: <https://pubmed.gov/32886696>. Full-text: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0238559> Burki T.
- China's successful control of COVID-19. Lancet Infect Dis. 2020 Oct 8;20(11):1240-1. PubMed: <https://pubmed.gov/33038941>. Full-text: <https://doi.org/10.1016/S1473->
- Endo A; Centre for the Mathematical Modelling of Infectious Diseases COVID-19 Working Group,
- Giordano G, Blanchini F, Bruno R, et al. Modelling the COVID-19 epidemic and implementation of population-wide interventions in Italy. Nat Med. 2020
- French Government, Avis n°7 du Conseil scientifique COVID-1 Post-Confinement June 2020.
- Chen YC Lu PE Chang CS A time-dependent SIR model for COVID-19 arXiv, 2020
- Elvia Karina Grillo Ardila<sup>1</sup> Julián Santaella-Tenorio<sup>2</sup> <sup>3</sup> Rodrigo Guerrero<sup>2</sup> Luis Eduardo Bravo<sup>4</sup> <sup>5</sup> Mathematical model and COVID-19
- Bernd Sebastien Kamps & Christian Hofman Covid reference (2021.6) ENG covidreference.com

## E- Matlab

- David F.Griffiths(1996) An Introduction to Matlab, University of Dundee: <http://wiki.bc.ch/download/attachments/5702724/Matlab>
- M. S. Gockenbach, MATLAB Tutorial to accompany Partial Differential Equations: Analytical and Numerical Methods, Lecture notes, SIAM 2010



# Figures

# Figures

## Chapitre I

Fig.I-1 Un système dynamique complexe: le modèle de Lorenz.....	19
Fig.I-2 Représentation tridimensionnelle des trajectoires de phase .....	20

## Chapitre II

Fig.II-1 Un organigramme type dans un processus de modélisation.....	27
Fig.II-2 Loi exponentielle et fonction logistique – le modèle d'évolution d'une population .....	30
Fig.II-3 Lois d'évolution dans le modèle proie-prédateur.....	32
Fig.II-4 Modèle épidémiologique incluant plusieurs paramètres.....	34
Fig.II-5 Modèle Susceptibles-Infectés Guéris Removed (modèle complexe).....	35

## Chapitre III

Fig.III-1 Un type de courbe d'incidence.....	40
Fig.III-2 Scénario de propagation d'une épidémie.....	43
Fig.III-3 Chronologie de développement d'une épidémie.....	44

## Chapitre IV

Fig.IV-1 Structuration en compartiments épidémiologiques.....	46
Fig.IV-2 Schéma de principe du modèle SIR.....	47
Fig.IV-3 Organigramme du modèle mathématique SIR.....	51
Fig.IV-4 Deux modèles SIR simulés pour deux classes de paramètres épidémiologiques.....	52
Fig.IV-5 Variations des cas d'infection avant et après les mesures barrières.....	53
Fig.IV-6 Procédure de suivi des populations SIR.....	54
Fig.IV-7 Modèle SIR avec un nombre initial d'infectés $I_0 = 1$ .....	54
Fig.IV-8 Modèle SIR avec un nombre initial d'infectés $I_0 = 10$ .....	55
Fig.IV-9 Modèle SIR avec un nombre initial d'infectés $I_0 = 100$ .....	55
Fig.IV-10 Modèle SIR avec un nombre initial d'infectés $I_0 = 10^6$ .....	56
Fig.IV-11 Modèle SIR avec un taux de contamination $b = 10 * 10^{-6}$ .....	56
Fig.IV-12 Modèle SIR avec un taux de guérison $a = 0.06$ .....	57
Fig.IV-13 Influence du taux de rémission ( $a = 0.01$ 1%).....	58
Fig.IV-14 Influence de la période d'observation $T = 180$ jours.....	59
Fig.IV-15 Méthode d'Euler dans le modèle SIR.....	60
Fig.IV-16 Un modèle SIR généralisé.....	61
Fig.IV-17 Variations de $I(t)$ en fonction de $I_0$ et du taux de guérison $a$ .....	64
Fig.IV-18 Influence du taux de reproduction de base $R_0$ sur la courbe d'infection $I(t)$ .....	67
Fig.IV-19 Influence du taux de reproduction $R_0$ sur les courbes $S, I$ et $R$ .....	67
Fig.IV-20 La fonction de base $f(x) = x \exp(x)$ .....	70
Fig.IV-21 La fonction de Lambert.....	72
Fig.IV-22 Un modèle $SIR$ et son portrait de phase.....	75
Fig.IV-23 Traitement en nullcline du système d'équations du modèle $SIR$ .....	78
Fig.IV-24 Seuil épidémique et zone d'absence d'occurrence d'une épidémie.....	78
Fig.IV-25 Modèle $SIR$ incluant un taux de mortalité non nul.....	81

Fig.IV-26Modèle SIR sans et avec une composante démographique.....	81
Fig.IV-27Diagramme d'un modèle <i>SIRS</i> .....	81
Fig.IV-28Modèle <i>SIR</i> vs.modèle <i>SIRS</i> .....	81
Fig.IV-29Diagramme d'un modèle <i>SIR</i> avec démographie avant et après vaccination.....	87
Fig.IV-30Effet du confinement sur la courbes des infections.....	90
Fig.IV-31Effet de la détection d'une épidémie sur le nombre d'individus infectés.....	91

### Chapitre V

Fig.V-1Simulation d'un modèle Susceptibles-Infectés ( <i>SI</i> ).....	97
Fig.V-2La fonction logistique.. ..	100
Fig.V-3Une simulation du modèle <i>SIS</i> .....	103
Fig.V-4Portrait de phase d'un modèle <i>SIS</i> .....	104
Fig.V-5Points d'équilibre dans le modèle <i>SIS</i> .....	105
Fig.V-6Configuration d'un modèle <i>SEIR</i> .....	106
Fig.V-7Variations des courbes $E(t)$ et $I(t)$ .....	107
Fig.V-8Modèle <i>SEIR</i> .....	108
Fig.V-9Modèle <i>SEIR</i> sans démographie.....	108
Fig.V-10Evolution des courbes $E(t)$ et $I(t)$ .....	109
Fig.V-11Courbes <i>SEIR</i> avec démographie.....	109

### Chapitre VI

Fig.VI-1Représentation schématique d'un phénomène de diffusion.....	112
Fig.VI-2Quelques mode de diffusion.....	112
Fig.VI-3Un type d'organisation en métapopulation.....	113
Fig.VI-4Le modèle spatio-temporel <i>SI</i> .....	122
Fig.VI-5Exemples d'ondes progressives.....	125
Fig.VI-6Ondes progressives et phénomène de propagation.....	125

### CHAPITRE VII

Fig. VII-1Contaminations cumulées vs. taux de reproduction $R_0$ .....	128
Fig.VII-2Croissance exponentielle du nombre d'individus infectés.....	129

### Chapitre VIII

Fig.VIII-1Deux exemples de percolation totale.....	136
Fig.VIII-2Une grille de percolation bidimensionnelle.....	138
Fig.VIII-3Fonction de percolation et probabilité critique.....	139
Fig.VIII-4Seuil critique de percolation.....	140
Fig.VIII-5Deux cas de percolation –Probabilité de percolation $p \leq 0.9$ .....	142
Fig.VIII-6Le phénomène de percolation au voisinage de la probabilité Critique.....	142
Fig.VIII-7Un exemple de percolation en phase de généralisation.....	143
Fig.VIII-8Simulation de percolation par les amas.....	144
Fig.VIII-9Emergence de clusters dans une grille.....	146
Fig.VIII-10Scénario de propagation d'un feu de forêt.....	148
Fig.VIII-11Propagation d'un feu de forêt pour différentes valeurs de la probabilité critique.....	149

## Chapitre IX

Fig.IX-1 Un exemple de réseau structuré en 7 sommets et 9 arêtes.....	153
Fig.IX-2 Nœuds en connexion dans un réseau.....	154
Fig.IX-3 Réseaux sociaux contemporains.....	155
Fig.IX-4 Un exemple de réseau social.....	155
Fig.IX-5 Réseau de neurones biologiques.....	156
Fig.IX-6 Structure d'un neurone biologique.....	157
Fig.IX-7 Structure d'un neurone artificiel.....	158
Fig.IX-8 Réseau de neurone biologiques vs. Réseau de neurones artificiels.....	158
Fig.IX-9 Configuration du réseautage.....	159
Fig.IX-10 Les sept ponts de Königsberg.....	159
Fig.IX-11 Eléments constitutifs d'un réseau.....	160
Fig.IX-12 Un graphe non orienté.....	161
Fig.IX-13 Un graphe et sa liste d'adjacence.....	162
Fig.IX-14 Un exemple de réseau orienté.....	162
Fig.IX-15 Représentation d'un réseau orienté et pondéré.....	163
Fig.IX-16 Construction de la matrice d'adjacence d'un réseau orienté.....	166
Fig.IX-17 Organigramme méthodologique de construction de la matrice d'incidence (graphe orienté).....	167
Fig.IX-18 Un modèle de réseau et de sa matrice d'incidence dans un réseau orienté.....	168
Fig.IX-19 Matrice d'incidence d'un réseau non orienté.....	168
Fig.IX-20 Un exemple de graphe non orienté pondéré.....	170
Fig.IX-21 Réseau non orienté pondéré –syntaxe " <i>biograph</i> ".....	170
Fig.IX-22 Topologie d'un réseau maillé.....	171
Fig.IX-23 Topologie en étoile.....	171
Fig.IX-24 Réseau en arborescence.....	172
Fig.IX-25 Un exemple d'organisation en communautés.....	173
Fig.IX-26 Un exemple de clique de taille $k = 4$ .....	174
Fig.IX-27 Identification d'une clique dans un réseau.....	175
Fig.IX-28 Réseau avec des sommets adjacents tous connectés.....	176
Fig.IX-29 Graphe et degrés des nœuds.....	176
Fig.IX-30 Notion de degré entrant (in) et de degré sortant (out).....	176
Fig.IX-31 Degré entrant – degré sortant dans un réseau.....	179
Fig.IX-32 Structure d'un hub.....	179
Fig.IX-33 Exemple de trajectoires dans un réseau.....	180
Fig.IX-34 Parcours et extraction d'un cycle dans un réseau.....	181
Fig.IX-35 Un exemple de calcul du diamètre d'un réseau.....	183
Fig.IX-36 Bilan des distances dans un réseau simple.....	183
Fig.IX-37 Type de réseau à analyser.....	184
Fig.IX-38 Distributions des nœuds.....	185
Fig.IX-39 Identification des caractéristiques du réseau analysé.....	185
Fig.IX-40 Tableau de synthèse du réseau analysé.....	186
Fig.IX-41 Un réseau connexe.....	187
Fig.IX-42 Réseau régulier de type carré (treillis).....	187
Fig.IX-43 Réseau régulier de type losange.....	188
Fig.IX-44 Réseau régulier circulaire et extraction d'un cluster.....	188
Fig.IX-45 Exemple de graphe aléatoire géométrique.....	189
Fig.IX-46 Graphe aléatoire d'Erdős-Remyi circulaire $N = 20, d = 3$ .....	190



## Chapitre X

Fig.X-1 Coefficient de clustering.....	194
Fig.X-2 Réseau $V = \{A, B, C, D, E, F, G, H\}$ .....	195
Fig.X-3 Un exemple de raccourci dans un réseau.....	195
Fig.X-4 Principe de l'expérience de Stanley.....	196
Fig.X-5 Réseau de type Milgram.....	197
Fig.X-6 Structure d'un réseau régulier –Réseau petit monde –Réseau aléatoire.....	198
Fig.X-7 Exemples de réseau sans échelle.....	199
Fig.X-8 Comparaison réseau exponentiel-réseau sans échelle.....	199
Fig.X-9 Histogramme des degrés.....	202
Fig.X-10 Le seuil critique.....	203
Fig.X-11 Un exemple de phénomène de diffusion.....	204

## Chapitre XI

Fig.XI-1. Evolution de la pandémie Covid-19 à travers le monde Décembre 2019-Septembre 2020 (document OMS).....	209
Fig.XI-2 Nombre cumulé d'individus infectés vs. $R_0$ .....	213
Fig.XI-3 Une synthèse intégrée des courbes d'un modèle SIR.....	217
Fig.XI-4 Evolution comparée de la pandémie Covid-19/Reste du monde.....	218
Fig.XI-5 Histogramme du nombre cumulé d'individus infectés.....	222
Fig.XI-6 Loi de croissance exponentielle du nombre d'individus infectés.....	222
Fig.XI-7 Régression linéaire du nombre d'individus infectés.....	223

## **Sommaire**

## Sommaire

Avant Propos . . . . .	5
Introduction . . . . .	7

### CHAPITRE PREMIER

#### Systemes dynamiques et modelisation mathematique Concepts generaux

I- Systemes dynamiques . . . . .	17
I-1 Notion de systeme dynamique . . . . .	17
I-2 Classes de systemes dynamiques . . . . .	18
I-2-1 Systemes dynamiques deterministes . . . . .	18
I-2-2 Systemes dynamiques aleatoires . . . . .	18
I-2-3 Un modele classique de systeme dynamique non-lineaire . . . . .	19
II- Concepts generaux sur la modelisation mathematique . . . . .	20
II-1 Modelisation mathematique . . . . .	20
II-2 Phases de la modelisation mathematique . . . . .	20
II-3 Caracterisation d'un modele. . . . .	21
II-4 Les differents types de modeles . . . . .	21
II-4-1 Modeles continus / discrets . . . . .	21
II-4-2 Modeles deterministes/ aleatoires (stochastiques) . . . . .	21
II-4-3 Autres formes de modelisation . . . . .	22
III- Elaboration et interpretation d'un modele . . . . .	22

### CHAPITRE II

#### Conception d'un modele mathematique en epidemiologie

I-Impératifs de modeles mathematiques en epidemiologie . . . . .	25
II-Specificites d'un modele mathematique en epidemiologie . . . . .	25
III- Types de modeles mathematiques en epidemiologie. . . . .	26
III-1 Modeles deterministes. . . . .	26
III-2 Les modeles infectieux compartimentaux . . . . .	26
IV-Formulation d'un modele. . . . .	27
V- Dynamique des populations et formulation mathematique. . . . .	28
VI- Un modele dynamique de l'evolution d'une population. . . . .	28
VII- Modele dynamique d'un systeme proie-predateur. . . . .	30
VIII- Problematique de la modelisation mathematique d'une epidemie . . . . .	32
IX- Modele-Courbes et plateau epidemiques. . . . .	33
X- Simplicité et complexité d'un modele epidemiologique. . . . .	33

## CHAPITRE III

### Étymologie et terminologie en épidémiologie Scénario de propagation d'une épidémie

<b>A- Étymologie et terminologie.....</b>	<b>37</b>
I- Séquençage du mot "épidémiologie". . . . .	37
II- L'épidémiologie.....	37
II-1 Objectifs. . . . .	37
II-2 Vocabulaire en épidémiologie. . . . .	38
I-2-1 Endémie-épidémie-pandémie. . . . .	38
II-2-2"Maladie infectieuse – Individu Infecté – Infectieux –Patient Zéro.....	38
II-2-3Individus latents et période d'incubation.....	39
II-3 Individus exposés – Individus latents – Période de latence . . . . .	39
II-3 -1 Individus exposés . . . . .	39
II-3-2 Individus latents et période de latence . . . . .	39
II-3-3 Individus asymptotiques – pré-symptotiques. . . . .	39
III- Morbidité et indicateurs de morbidité. . . . .	39
III-1Morbidity. . . . .	39
III-2 Les indicateurs de morbidité. . . . .	48
III-2-1 Incidence et taux d'incidence. . . . .	39
III-2-2 Prévalence. . . . .	40
III-2-3 Taux d'attaque (TA). . . . .	40
III-2-4 Taux de létalité (TL). . . . .	41
IV- Paramètres dynamiques caractéristiques d'une épidémie. . . . .	41
IV-1 Période d'incubation. . . . .	41
IV-2 Transmissibilité. . . . .	41
IV-3 Force d'infection. . . . .	42
IV-4 Veille épidémiologique. . . . .	42
IV-5 Courbe épidémique. . . . .	42
IV-6 Seuil épidémique. . . . .	42
<b>B-Scénario et dynamique de propagation d'une épidémie. . . . .</b>	<b>43</b>
I- Scénario de propagation d'une épidémie. . . . .	43
II- La dynamique d'une épidémie. . . . .	44

**CHAPITRE IV**  
**Le modèle mathématique primordial d'une épidémie**  
**- Le modèle SIR -**

I- Dynamique de la propagation d'une épidémie. . . . .	45
II- Premiers modèles SIR (Susceptible-Infecté-Rétablis). . . . .	45
III- Approche heuristique du modèle SIR simplifié. . . . .	47
III-1 Construction du modèle. . . . .	47
III-2 Déroulement d'un processus épidémiologique- mise en équation. . . . .	48
III-3 Hypothèse de conservation de l'effectif global au cours d'une épidémie. . . . .	49
IV- Hypothèses de validité du modèle SIR. . . . .	49
V- Propriétés des fonctions $S(t)$ et $I(t)$ . . . . .	49
VI- Méthodologie de simulation du modèle SIR. . . . .	50
VII- Simulation du modèle SIR et interprétation des courbes. . . . .	52
VII-1 Deux cas de simulation du modèle SIR. . . . .	52
VII-2 Interprétation des courbes SIR. . . . .	53
VIII- Influence du choix des paramètres épidémiologiques. . . . .	54
VIII-1 Influence du nombre initial d'infectés $I_0$ . . . . .	54
VIII-2 Influence du taux d'infection. . . . .	56
VIII-3 Influence du taux de guérison/décès. . . . .	57
VIII-4 Influence de la période d'observation sur les courbes SIR. . . . .	58
IX- Modèle SIR numérique- méthode d'Euler. . . . .	59
X- Un exemple type d'interprétation du modèle SIR. . . . .	61
XI- Modèle SIR généralisé. . . . .	61
XI-1 Conception schématique et modélisation mathématique. . . . .	61
XI-2 Calcul et étude du point d'équilibre. . . . .	62
XI-3 Stabilité du modèle SIR généralisé. . . . .	64
XII- Estimation du taux de rémission (individus guéris ou décédés). . . . .	76
XIII- Théorème du seuil. . . . .	77
XIV- La fonction $I(t)$ vs. $S(t)$ . . . . .	81
XV- La fonction "oméga" ou fonction de Lambert. . . . .	82
XV-1 Définition de la fonction de Lambert (oméga). . . . .	82
XV-2 Propriétés de la fonction de Lambert. . . . .	85
XV-2-1 Dérivée. . . . .	85
XV-2-2 Quelques valeurs de la fonction de Lambert. . . . .	85
XVI- Retour sur la résolution de l'équation $I(S) = 0$ . . . . .	86
XVII- Quelques exemples de portrait de phase. . . . .	87
XVIII- Portrait de phase (plan de trajectoires) du modèle SIR. . . . .	89
XVIII-1 Trajectoires de phase dans le plan $(S, I)$ . . . . .	89
XVIII-2 Analyse $S$ -nullcline et $I$ -nullcline du plan de phase du modèle SIR. . . . .	90
XVIII-2-1 Généralités sur l'analyse nullcline . . . . .	90
XVIII-2-2 Etude sur un exemple. . . . .	90
XVIII-3 Application de l'analyse $S$ -nullcline et $I$ -nullcline dans le modèle SIR. . . . .	91
XIX- Prédiction d'une épidémie par les trajectoires de phase. . . . .	92
XX- Modèle SIR incluant la démographie. . . . .	92
XX-1 Formulation du modèle. . . . .	92

XX-2 Exemples de simulation d'un modèle SIR avec démographie.....	94
XXI- Le modèle SIRS (perte d'immunité). . . . .	95
XXI-1 Principe du modèle SIRS.....	81
XXI-2 Modèle SIRS sans démographie (natalité ou décès).....	81
XXI-3 Simulations comparées modèle SIR/modèle SIR.....	82
XXII- Solution analytique du modèle SIR.....	83
XXIII- Analyse spectrale du modèle mathématique SIR.....	85
XXIV- Application du modèle SIR à la vaccination.....	87
XXV- Confinement et effet de la détection d'une épidémie.....	90
XXV-1 Effets du confinement.....	90
XXV-2 Effets sur la détection d'une épidémie.....	91

## CHAPITRE V

### Variantes du modèle SIR: modèles SI-SIS-SEIR-SIRS

I- Quelques variantes du modèle SIR. . . . .	93
II- modèle SI (Susceptibles-Infecteds). . . . .	93
II-1 Formulation du modèle SI. . . . .	93
II-2 Traitement du modèle SI sans démographie . . . . .	95
III- Le modèle SIS (Susceptibles-Infecteds-Susceptibles).....	97
III-1 formulation du modèle.....	98
III-2 Equation logistique.....	99
III-2-1 Mise en place de l'équation logistique. . . . .	99
III-2-2 Résolution de l'équation logistique en $I(t)$ .....	101
III-3 Portraits de phase du modèle SIS.....	103
III-4 Points d'équilibre du modèle SIS.....	104
IV- Modèle SEIR (Susceptibles-Exposés-Infecteds-Rétablis).....	106
IV-1 Complexifier le modèle SIR.....	106
IV-2 Conception du modèle SEIR.....	106
IV-2-1 Un modèle SEIR simplifié.....	106
IV-2-2 Modèle mathématique sans dimension démographique.....	107
IV-2-3 Simulations de modèles SEIR sans démographie. . . . .	108
IV-2-4 Modèle SEIR avec démographie. . . . .	108

## CHAPITRE VI

### Modèles spatio-temporels de propagation d'une épidémie

I- Propagation spatiale (géographique) d'une épidémie.....	111
I-1 Introduction.....	111
I-2 le phénomène de diffusion.....	111
II- Modèles spatiaux avec diffusion. . . . .	112
II-1 Principe. . . . .	112
II-2 Phénomène migratoire et métapopulation.....	113
III-Mise en place de l'équation de réaction-diffusion.....	113
IV- Modèle spatio-temporel Susceptibles-Infecteds (SI).....	115

V- Résolution du modèle spatio-temporel SI .....	116
V-1 Introduction. ....	116
V-2 Conditions initiales et conditions aux limites du SI.....	116
V-2-1 Conditions aux limites. ....	116
V-2-2 Conditions aux limites de Dirichlet.....	116
V-2-3 Conditions aux limites de Neumann sur la population. ....	118
VI- Méthode spectrale de résolution du modèle spatio-temporel SI- ondes progressives.....	118
VII- Modèle spatio-temporel SIR.....	122
VIII- Existence d'ondes progressives dans le modèle spatio-temporel SIR. ....	125
IX- Ondes progressives et phénomène de propagation. ....	125
IX-1 Introduction. ....	125
IX-2 Ondes progressives et système intégro-différentiel.....	125
X- Modèle de diffusion vs. modèle de dispersion.....	126

## CHAPITRE VII

### Taux de reproduction $R_0$ Premières investigations

I- Le concept de taux de reproduction $R_0$ .....	127
I-1 Introduction et historique .....	127
I-2 Effet du taux de reproduction $R_0$ sur la propagation .....	128
II-Mathématiques et taux de reproduction $R_0$ .....	129
II-1 Les progressions géométriques .....	129
II-2 phénomène de contamination et progressions géométriques. ....	130
III- Taux de reproduction $R_0$ et modèle SIR simplifié .....	131
IV- Détermination du rapport $\rho = \frac{a}{b}$ et du taux de reproduction $R_0$ .....	132
V- Effet du taux de reproduction de base $R_0$ en fonction de $S, I, R$ .....	133

## CHAPITRE VIII

### Modèles de percolation et de feu de forêt dans la propagation d'une épidémie

I-Introduction. ....	135
II- Le phénomène de percolation .....	136
II-1 Circulation d'un fluide dans un milieu poreux. ....	136
II-2 Percolation par contact, lien ou de proximité. ....	136
III- Formalisme probabiliste de la percolation. ....	137
IV- Concept mathématique de la percolation. ....	137
V- Variations de la fonction de percolation- cas critique. ....	138
VI- Un modèle de loi de puissance dans le phénomène de percolation.....	139
VII- Modèle mathématique d'approximation de la fonction de percolation.....	140
VIII- Simulation d'un effet de percolation par sites vs. La fonction de probabilité critique .	141
IX- Simulation d'un effet de percolation par les amas. ....	143
X- Seuil de percolation et propagation d'épidémie. ....	145

X-1 Un scénario de propagation d'une épidémie . . . . .	145
X-2 Effet de percolation et propagation d'une épidémie . . . . .	147
XI- Percolation et feu de forêt. . . . .	147
XI-1 Scénario de l'embrasement d'une forêt. . . . .	147
XI-2 Probabilité critique et embrasement d'une forêt. . . . .	149
XII- Feu de forêt et propagation d'une épidémie. . . . .	150

## CHAPITRE IX

### Théorie des réseaux et propagation d'épidémie

I- Réseaux- concepts généraux. . . . .	151
I-1 Les réseaux: entre théorie et application. . . . .	151
I-2 Conception d'un réseau. . . . .	151
I-3 Connectivité d'un réseau. . . . .	152
II- Réseaux usuels. . . . .	155
II-1 Réseaux sociaux. . . . .	155
II-2 Réseau de neurones biologiques vs. Réseau de neurones artificiels. . . . .	156
II-2-1 Réseau de neurones biologiques. . . . .	156
II-2-2 Structure d'un neurone biologique. . . . .	156
II-2-3 Structure d'un neurone formel (artificiel). . . . .	157
II-2-4 Correspondances neurones biologiques-neurone artificiel. . . . .	158
III- Le réseautage. . . . .	159
IV- Théorie des graphes. . . . .	159
IV-1 Historique. . . . .	159
IV-2 Le graphe et ses représentations. . . . .	160
IV-3 Identification mathématique et intrinsèque d'un graphe. . . . .	161
IV-3-1 Définition. . . . .	161
IV-3-2 Identification par la nature des liens. . . . .	161
IV-3-2-1 graphe non-orienté. . . . .	161
IV-3-3 graphe orienté. . . . .	162
V- Graphe pondéré. . . . .	163
V-1 Notion de poids dans un graphe. . . . .	163
V-2 Représentations d'un graphe orienté pondéré. . . . .	163
VI- Représentations matricielles des graphes. . . . .	164
VI-1 Matrice d'adjacence d'un graphe non-orienté. . . . .	164
VI-1-1 Construction de la matrice d'adjacence. . . . .	164
VI-1-2 Application sur quelques modèles. . . . .	165
VI-2 Matrice d'adjacence d'un réseau orienté. . . . .	166
VI-3 Matrice d'incidence d'un graphe. . . . .	166
VI-3-1 Matrice d'incidence d'un graphe orienté. . . . .	167
VI-3-2 Un modèle de matrice d'incidence d'un graphe orienté. . . . .	168
VI-3-3 Matrice d'incidence d'un graphe non-orienté. . . . .	168
VI-4 Circulation de l'information dans un réseau orienté. . . . .	168
VI-5 Un exemple de réseau non-orienté- matrice d'adjacence. . . . .	169
VII- Topologie de réseau. . . . .	170



VII-1	Au cœur d'un réseau.....	170
VII-2	Quelques architectures topologiques de réseau.....	171
VII-2-1	Topologie maillée.....	171
VII-2-2	Topologie en étoile.....	171
VIII	Arborescence ou organisation ramifiée d'un réseau.....	171
IX	Organisation interne d'un réseau.....	173
IX-1	Communauté dans un réseau.....	173
IX-1-1	Structure en communautés dans un réseau.....	173
IX-1-2	Stratégie vaccinale et structures en communautés.....	174
X	Notion de clique dans un réseau.....	174
X-1	Définition.....	174
X-2	Mode d'organisation d'une clique.....	174
X-3	Exemple de structuration en cliques dans un réseau.....	174
X-4	Analyse d'un réseau par la structuration en cliques.....	175
XI	Eléments structurants d'un réseau.....	175
XI-1	Sommets adjacents.....	176
XI-2	Graphe simple.....	176
XI-3	Graphe complet.....	176
XI-4	Ordre d'un graphe.....	176
XI-5	Notion de chemin dans un graphe.....	176
XI	Degré d'un nœud.....	176
XII	Notion de hub dans un réseau.....	178
XIII	Poids d'un chemin.....	179
XIV	Distance entre deux nœuds.....	180
XIV-1	Introduction par un exemple.....	180
XIV-2	Notion de distance dans un graphe.....	181
XIV-3	Propriétés de la distance séparant deux sommets.....	182
XIV-3-1	Formulation unique de la notion de distance.....	182
XIV-3-2	Propriétés.....	182
XV	Diamètre d'un graphe.....	182
XV-1	Définition.....	182
XV-2	Détermination du diamètre d'un graphe.....	183
XVI	Distance moyenne dans un réseau.....	183
XVII	Un exemple d'analyse de réseau.....	184
XVIII	Graphe connexe et graphe régulier.....	187
XVIII-1	Graphes connexes.....	187
XVIII-2	Graphes (réseaux) réguliers.....	187
XIX	Réseau aléatoire.....	189
XIX-1	Structure topologique d'un réseau aléatoire.....	189
XIX-2	Réseau aléatoire d'Erdős-Remy.....	189
XX	Réseau exponentiel.....	190

\

## CHAPITRE X

### Réseau et propagation d'une épidémie

I- Réseaux complexes. . . . .	193
II- Clusters et coefficients de clustering. . . . .	193
II-1 Mise en place du coefficient de clustering. . . . .	193
II-2 Etude de quelques cas. . . . .	194
III- Réseau de "petit monde". . . . .	195
III-1 Conception d'un réseau de "petit monde". . . . .	195
III-2 Propriétés d'un réseau de "petit monde". . . . .	196
III-3 Réseau de "petit monde" au sens de Stanley-Milgram. . . . .	196
III-4 Comparaison des réseaux réguliers "petit monde" et réseaux complexes. . . . .	198
IV- Distribution des degrés et réseaux sans échelle. . . . .	198
IV-1 Conception d'un réseau sans échelle. . . . .	198
IV-2 loi de puissance. . . . .	199
IV-3 Invariance d'échelle dans un réseau . . . . .	200
V- Réseaux et propagation d'épidémie. . . . .	200
VI- Eléments de la théorie des réseaux en épidémiologie. . . . .	201
VII- Propagation d'une épidémie sur un réseau. . . . .	202
VIII- Seuil épidémique critique . . . . .	203
IX- Réseau sans échelle en épidémiologie. . . . .	204

## CHAPITRE XI

### Eléments de modélisation de la pandémie Covid-19

I- Aperçu sur la pandémie Covid-19. . . . .	207
I-1 Source probable du Coronavirus. . . . .	207
I-2 La Covid-19: une pandémie planétaire. . . . .	208
II- Covid-19 et taux de reproduction de base $R_0$ . . . . .	210
II-1 Détermination et impact du taux de reproduction de base $R_0$ . . . . .	210
II-2 Le taux de reproduction de base: un indicateur de l'évolution d'une épidémie. . . . .	211
II-3 Total cumulé du nombre d'individus infect et progression géométrique. . . . .	212
III- Covid-19 et modélisation. . . . .	213
IV- Application du modèle SEIR à la source de la Covid-19 (Wuhan-Chine). . . . .	213
V- Covid-19: éléments de gestion sanitaire de l'épidémie par la Chine. . . . .	218
VI- Covid-19 et croissance exponentielle. . . . .	218
VII- Temps et infections: un exemple. . . . .	219



*Achevé d'imprimer sur les presses de*

**L'OFFICE DES PUBLICATIONS**

**UNIVERSITAIRES**

1, Place centrale- Ben Aknoun - ALGER