

PROPAGATION D'UNE MALADIE CONTAGIEUSE

---

On s'intéresse à la propagation d'une maladie contagieuse dans une population donnée. Un individu contaminé passe par trois stades : sain ( $S$ ) avant d'avoir été contaminé, contagieux ( $C$ ) une fois la maladie attrapée, puis enfin non contagieux et immunisé ( $I$ ). Selon la maladie, ce dernier stade peut se traduire de manières différentes (simplement malade, guéri, mort...); dans tous les cas les individus étant à ce stade ne peuvent plus attraper ou transmettre la maladie. L'épidémie est finie lorsqu'il n'y a plus d'individus contagieux ( $C = 0$ ).

L'objectif de cette étude est de réussir à prévoir, en fonction des paramètres du problème, l'étendue de l'épidémie dans la population : à partir d'un petit foyer d'infection, quelle part de la population devrait être contaminée ?

Nous proposerons pour y répondre deux modèles mathématiques. Les principes de construction de ces modèles sont les mêmes. À chaque instant, on considère les trois populations  $S, C$  et  $I$  et on note  $N$  leur somme qui reste constante au cours du temps. À l'instant initial  $C(0) > 0$  est petit et  $I(0) = 0$ .

Seuls deux types d'évènements dirigent l'évolution du système : la contamination d'un individu sain ( $S \rightarrow C$ ) et l'immunisation d'un individu contagieux ( $C \rightarrow I$ ). Sur un intervalle de temps donné, on peut considérer que le nombre de contaminations est proportionnel à  $S$  (individus susceptibles d'être contaminés) et à  $C$  (individus contagieux) et que le nombre d'immunisations est proportionnel au seul nombre  $C$  d'individus contagieux.

**I. Modèle continu : système différentiel**

Nous considérons ici le temps et les populations comme des variables continues. L'évolution du système est décrite par le système différentiel

$$\begin{cases} S'(t) = - aS(t)C(t) & (1) \\ C'(t) = aS(t)C(t) - bC(t) & (2) \\ I'(t) = bC(t) & (3) \end{cases}$$

avec  $a, b \in \mathbf{R}_+$  et les conditions initiales  $I(0) = 0, C(0) > 0, S(0) > 0$  et  $S(0) + C(0) = N$ .

Nous n'allons pas résoudre ces équations mais nous pouvons néanmoins étudier le comportement de ses solutions.

1. Cohérence du modèle

- (a) Expliquer ce que représentent les différents termes de ces équations.
- (b) Que représentent les coefficients  $a$  et  $b$  pour la maladie considérée ?
- (c) Montrer que la population totale  $S(t) + C(t) + I(t)$  reste constante égale à  $N$  au cours du temps.
- (d) Montrer que  $S(t) = S(0)e^{-a \int_0^t C(u)du}$  est solution de l'équation (1).
- (e) Montrer de même que  $C(t) = C(0)e^{-bt+a \int_0^t S(u)du}$  est solution de l'équation (2).  
*On admet que, pour des raisons d'unicité, il s'agit bien des solutions du problème.*
- (f) En déduire que les fonctions  $S$  et  $C$  restent positives au cours du temps et que la fonction  $I$  reste inférieure à  $N$ .
- (g) En déduire que  $S$  est une fonction décroissante et  $I$  une fonction croissante.

## 2. Comportement limite

- (a) Dédurre de la dernière question que les fonctions  $S$  et  $I$  convergent quand  $t$  tend vers  $+\infty$ . Nous noterons  $S_\infty$  et  $I_\infty$  leurs limites.
- (b) En déduire que  $C$  converge également, et en considérant l'équation (3), montrer que sa limite  $C_\infty$  est nulle.

Nous allons essayer de déterminer la valeur de  $S_\infty$ . Nous présentons ci-dessous un raisonnement utilisant la notion d'intégrale impropre (*i.e.* définie sur un intervalle non borné) qui sera étudiée l'an prochain.

On considère l'équation (1) :  $\frac{S'}{S} = -aC$ .

On intègre entre  $t = 0$  et  $t = +\infty$  :  $[\ln(S(t))]_0^{+\infty} = \ln(S_\infty) - \ln(S(0)) = -a \int_0^{+\infty} C(t) dt$ .

De même on remplace le terme  $aSC$  de l'équation (2) par  $-S'$  :  $C' = -S' - bC$ .

On intègre et on obtient  $C_\infty - C(0) = S(0) - S_\infty - b \int_0^{+\infty} C(t) dt$ .

- (c) Dédurre de ces égalités la relation

$$-\ln\left(\frac{S_\infty}{S(0)}\right) = \frac{a}{b}(N - S_\infty). \quad (\text{E})$$

On ne sait pas résoudre explicitement cette équation mais elle définit néanmoins de manière implicite la valeur de  $S_\infty$ .

## 3. Analyse des résultats

- (a) Que signifient les convergences de  $S$ ,  $C$  et  $I$  pour l'épidémie ?
- (b) On considère que la proportion initiale  $C(0)/N$  d'individus contagieux est petite (on parle du foyer de l'épidémie). On peut alors considérer  $S(0) \approx N$ . Montrer alors que l'équation (E) se réécrit

$$-\ln\left(1 - \frac{I_\infty}{N}\right) \approx \tau \frac{I_\infty}{N},$$

avec  $\tau = \frac{aN}{b}$ .

- (c) En utilisant l'inégalité  $\forall x \neq 1, \ln(x) < x - 1$ , montrer que l'« égalité » ci-dessus n'a de solution  $I_\infty$  strictement positive que si  $\tau > 1$ .

Il est possible de montrer plus rigoureusement que si  $\tau < 1$ , la valeur de  $I_\infty$  est assez proche de  $C(0)$ .

- (d) Qu'en déduit-on pour l'épidémie ?
- (e) Pour différentes valeurs de  $\tau$ , résoudre graphiquement (avec une intersection de courbes) ou numériquement (avec une commande du type *fsolve*) l'équation  $-\ln(1 - x) = \tau x$ .  
Que représentent pour l'épidémie les solutions obtenues ?
- (f) Conclure : sous quelle condition l'épidémie peut-elle se propager significativement ?  
Va-t-elle alors atteindre toute la population ?

## II. Modèle discret : chaîne de Markov

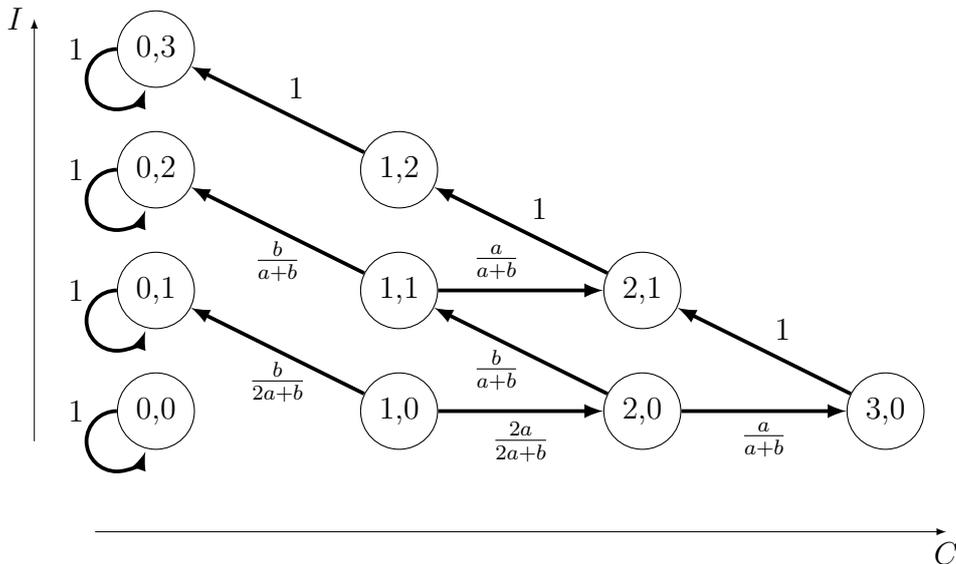
Nous considérons désormais les populations  $S$ ,  $C$  et  $I$  comme des nombres entiers. Notons encore  $N$  le nombre total d'individus. Comme il reste constant, nous pouvons décrire l'état de la population en ne considérant que les nombres  $C$  et  $I$  ( $S$  étant alors donné par  $S = N - C - I$ ). L'ensemble des états possibles est l'ensemble des couples  $(C, I)$  avec  $0 \leq C \leq N$  et  $0 \leq I \leq N - C$ . Nous allons modéliser l'évolution du système avec une chaîne de Markov.

Si  $C \neq 0$ , un système dans l'état  $(C, I)$  ne peut évoluer que vers deux états :  $(C + 1, I)$  et  $(C - 1, I + 1)$ . Un système dans l'état  $(0, I)$  y restera car l'épidémie est alors terminée. La probabilité de la transition  $(C, I) \rightarrow (C + 1, I)$  est proportionnelle à  $(N - C - I) \times C$  et celle de la transition  $(C, I) \rightarrow (C - 1, I + 1)$  est proportionnelle à  $C$ . On peut les écrire sous la forme

$$\mathbb{P}_{(C,I) \rightarrow (C+1,I)} = \frac{a(N - C - I)C}{a(N - C - I)C + bC} = \frac{a(N - C - I)}{a(N - C - I) + b}$$

$$\mathbb{P}_{(C,I) \rightarrow (C-1,I+1)} = \frac{bC}{a(N - C - I)C + bC} = \frac{b}{a(N - C - I) + b}$$

On obtient ainsi une chaîne de Markov. Nous la représentons ci-dessous dans le cas où la population contient  $N = 3$  individus.



### 1. Étude d'un exemple

- Représenter la chaîne de Markov associée au cas  $N = 2$ .
- Représenter la chaîne de Markov associée au cas  $N = 4$  en posant  $a = b = 1$ .
- On considère le cas  $N = 2$  avec  $a$  et  $b$  quelconques. Numérotter les différents états de la chaîne et écrire sa matrice associée  $M$ .
- Calculer  $M^2$ ,  $M^3$ ,  $M^4$  et en déduire l'expression de  $M^n$  pour tout entier  $n$ .
- Que représentent les coefficients de  $M^n$  pour  $n \geq 3$ ? S'il y a initialement un seul individu contaminé, quelles sont les différentes évolutions possibles de l'épidémie? Quelle est la probabilité associée à chaque possibilité?

## 2. Simulations

Les programmes Maple permettent de calculer, en terme de probabilités, l'état limite du système en fonction de  $a$ ,  $b$  et  $N$ . On pourra toujours considérer la situation initiale  $C(0) = 1$ .

Utiliser ces programmes afin d'en tirer expérimentalement des conclusions sur l'influence des paramètres sur l'évolution de l'épidémie. On cherche en particulier à déterminer pour quelles valeurs de  $a$ ,  $b$  et  $N$  la population risque d'être entièrement contaminée.

Nous noterons  $P_k$ ,  $k = 0 \dots N$ , la probabilité que l'épidémie touche finalement  $k$  individus.

- (a) Pour  $N = 5$ ,  $a = 1$  et  $b = 1$ , donner la liste des valeurs des  $P_k$ . Y a-t-il un risque de pandémie ?
- (b) Poser  $N = 10$  et  $b = 10$ . Faire varier  $a$  et décrire l'influence de  $a$  sur l'issue de l'épidémie.
- (c) Procéder de manière analogue pour décrire les rôles de  $b$  et  $N$ .
- (d) Nous avons établi dans la première partie l'existence d'une valeur seuil  $\tau = \frac{aN}{b}$ . Choisir  $N$  assez grand. Décrire l'épidémie pour des valeurs de  $a$  et  $b$  telles que  $\tau$  soit très inférieur à 1 et très supérieur à 1.

## III. Comparaison des modèles

Rédiger une conclusion de l'étude. Répondre en particulier aux questions suivantes. Ne pas hésiter à ajouter d'autres remarques sur les deux modèles étudiés.

- Les résultats des deux modèles sont-ils cohérents ?
- Que permettent-ils de prédire pour l'évolution de l'épidémie ?
- Quel modèle donne les résultats les plus précis ?
- Quel est le défaut d'utilisation du second modèle ?
- Sous quelle condition le premier modèle peut-il être valable ?

*Ce problème est à étudier par groupes de deux étudiants maximum. Il est à rendre pour le 14 mai au plus tard.*

*Les programmes sont accessibles sur <http://jeanromain.heu.free.fr/Maple.html>*