

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

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



Mémoire de fin de cycle Master
En vue de l'obtention du diplôme de Master
Option : Probabilité Statistique et Application

THÈME

Modélisation et Simulation de la Propagation des Maladies Infectieuses

présenté par :

M^{elle} AZIL MIRA

Soutenu, le 12/07/2022, devant le jury composé de :

Mme	K. Lagha	Présidente	Professeur	U.A.Mira Béjaïa
Mr	Y. Boumzaid	Rapporteur	MCB	U.A.Mira Béjaïa
Mr	W. Saci	Examineur	MCB	U.A.Mira Béjaïa

Année universitaire 2021/2022

Remerciements

Je tiens tout d'abord à remercier dieux le tout puissant qui ma donné le courage pour la réalisation de ce mémoire de fin d'étude.

Un grand merci pour mes parents pour leurs amour, leurs confiance, leurs conseils ainsi que leurs soutien inconditionnel qui ma permis de réaliser mes études je remercie aussi tous les membre de ma famille pour leurs patience et leurs encouragement.

Je remercie ceux qui on contribué de prés ou de loin à la réalisation de ce travail surtout AISSAOUI AHMED et ARBOUZ AHLEM.

Je remercie également les nembres de jury :

- Madame LAGHA.K : pour l'honneur qu'elle ma fait d'examiner le mémoire.
- Monsieur SACI.W : pour l'honneur qu'il ma fait d'examiner le mémoire.

Enfin, je remercie tous mes enseignants qui m'ont accompagnée durant mon cursus de formation.

Table des matières

Table des figures	iii
Liste des tableaux	iv
Notations & Abréviations	v
Introduction	1
1 Préliminaires	3
1.1 Introduction	3
1.2 Équations différentielles d'ordre 1	3
1.3 Problème de Cauchy	3
1.3.1 Existence et unicité des solutions	4
1.3.2 Courbe integrale orbite	4
1.3.3 Trajectoire(orbite)	4
1.3.4 Point fixe (critique ou équilibre)	5
1.4 Stabilité d'un système linéaire	5
1.5 Stabilité du système non linéaire	6
1.5.1 Méthode indirecte (linéarisation)	6
1.5.2 Méthode direct (au sens de Lyapunov)	7
1.6 Solutions numériques des équations différentielles ordinaires	8
1.6.1 La méthode d'Euler	8
1.6.2 Runge Kutta	9
1.6.3 Methode de Heun	11
1.7 Conclusion	11
2 Étude des modèles épidémiologiques	12
2.1 Introduction	12
2.2 Terminologie	12
2.2.1 Épidémie	12
2.2.2 Endémie	12
2.2.3 Pandémie	12
2.2.4 Agents pathogènes	13
2.2.5 Maladie infectieuse	13
2.2.6 La modélisation mathématique	13
2.3 Paramètres de la maladie	14
2.3.1 Taux de reproduction de base (r_0)	14
2.3.2 Période d'incubation	15
2.3.3 Temps de génération	15
2.3.4 Intervalle sériel	15
2.3.5 Taux de létalité	16

2.4	Le processus dynamique de l'infection	16
2.5	Quelques modèles mathématiques en épidémiologie	17
2.5.1	Modèle de Bernoulli	17
2.5.2	Modèle logistique de Verhulst	20
2.5.3	Les modèles compartimentaux déterministes	20
2.5.4	Modèles stochastiques	29
2.6	Conclusion	30
3	Modélisation mathématique du Covid-19	31
3.1	Introduction	31
3.2	Qu'est-ce que le COVID-19?	31
3.2.1	Les symptômes principaux de la maladie	31
3.2.2	Comment il se transmet	31
3.2.3	Personnes à risque élevé de maladie grave due au COVID-19	32
3.2.4	Les actions appliquées pour empêcher la propagation du COVID-19	32
3.3	Modèles mathématiques appliqués au COVID-19	32
3.4	Le COVID-19 en Algérie	34
3.5	Application du modèle <i>SIR</i> sur les données algérienne	35
3.5.1	Estimation de β et γ	36
3.5.2	Estimation de r_0	36
3.5.3	Simulation	36
3.6	Conclusion	40
	Conclusion	41
	Bibliographie	41
	Bibliographie	41

Table des figures

1.1	Les différents types d'états d'équilibre pour un système linéaire autonome.	6
2.1	Représentation du processus de contagion.	17
2.2	Le chéma du modèle SI	21
2.3	Le chéma du modèle SIS	22
2.4	Représentation schématique d'un modèle <i>SIR</i> sans naissance et sans mort	23
2.5	Représentation schématique d'un modèle SIR (avec naissance et avec mort)	25
2.6	Représentation schématique d'un modèle SEIR (sans naissance et sans mort)	27
2.7	Représentation schématique d'un modèle SEIR (sans naissance et sans mort)	27
3.1	COVID-19 en Algerie.	35
3.2	Évolution de l'épidémie COVID-19 du 1 octobre 2021 au 14 janvier 2022 en Algérie.	37
3.3	Évolution du nombre total de cas entre le 1 octobre 2021 et le 14 janvier 2022 en Algérie.	37
3.4	Éstimation de la valeur du quantité $\beta - \gamma$	38
3.5	Éstimation du taux de guérison γ	39
3.6	Simulation du modèle <i>SIR</i> déterministe.	39
3.7	Simulation du modèle <i>SIR</i>	40

Liste des tableaux

2.1 Période d'incubation de quelques maladies 15

Notations & Abréviations

EE:	Point d'équilibre exdimique.
DFE:	Point d'équilibre sans maladie.
Spec(M):	L'ensemble des valeurs propre de M .
EDO:	L'équation différentielle ordinaire.
OMS:	L'organisation mondiale de la santé.
S:	Le compartiment qui représente les individus Susceptibles.
I:	Le compartiment qui représente les individus infectés.
R:	Le compartiment qui représente les individus rétablis.

Introduction

La modélisation mathématique est l'application des mathématiques pour aborder des problèmes réels dans la vie ou des problèmes en mathématiques elles-mêmes ou dans d'autres sciences, en transformant le problème de la vie en une question mathématique, puis en traitant cette question et en la résolvant, et en choisissant les meilleures solutions qui correspondent à la nature du problème.

On pense que la première personne qui a utilisé la modélisation mathématique pour étudier la propagation des épidémies est le mathématicien Daniel Bernoulli lors de son étude de la variole en 1760 [13]. et à la fin de 19^{ème} siècle, grâce à la bactériologie qui a révélé le mécanisme de propagation de l'épidémie, les premiers modèles ont été développés.

Ronald Ross peut être considéré comme le père fondateur de la modélisation actuelle en épidémiologie. Dans ses études sur la relation entre le nombre de moustiques et l'incidence de la malaria, il a formulé à partir de 1908 des modèles de transmission des maladies infectieuses [14]. C'est lui en 1911 qui a publié le premier modèle dynamique de la transmission du paludisme, il a prouvé qu'en dessous d'un certain seuil de population des moustiques, le paludisme disparaissait.

En 1927 Kermack et Mc Kendrick ont développé une théorie plus générale que celle de Ross, mais en utilisant des idées similaires [14]. Ils ont proposé un modèle d'épidémie composé d'individus guéris ayant une immunisation permanente. Ils ont pu résoudre les équations différentielles qui régissent l'évolution dans le temps du nombre de personnes susceptibles, infectées et guéries, et sont parvenus à un remarquable théorème concernant le seuil de propagation d'une épidémie. Si le taux d'infection est inférieur à une valeur critique, la maladie ne se propage pas.

En 1929, Soper a développé des modèles déterministes pour la rougeole, en supposant que les opérations de transmission étaient analogues à l'action de la loi de masse de la chimie [14]. Les équations développées par Kermack et McKendrick étaient également en accord avec cette loi qui allait devenir l'un des concepts les plus importants de l'épidémiologie théorique.

Les modèles déterministes, utilisant des équations différentielles ordinaires, ont été poursuivis principalement après 1945 environ [14]. En 1952, Macdonald a introduit un concept, qu'il a appelé taux de reproduction de base, concernant le seuil de propagation, en référence au théorème du seuil de Kermack et McKendrick.

En novembre 2019 dans la ville de Wuhan en Chine, une nouvelle souche de l'espèce de corona virus SARS-Cov est apparue, il s'agit du SARS-CoV-2. Le 30 janvier 2020, l'OMS déclare l'état d'urgence de santé publique. Le 11 mars 2020, l'épidémie du COVID-19 est déclarée pandémie et c'était le plus grand défi de santé publique auquel le monde est confronté en raison de l'absence d'un traitement efficace contre le coronavirus au moment de son apparition bien sur, alors la modélisation mathématique du COVID-19 était un outil important pour étudier la dynamique de la transmission de cette maladie et fournir des techniques utiles pour le contrôle de la pandémie.

Ce mémoire a pour objectif de donner quelques notions de base et de présenter quelques modèles épidémiologique et de mettre l'accent sur leurs rôles importants pour étudier l'épidémiologie.

Ce mémoire est composé de trois chapitres : le premier chapitre est entièrement consacré à la présentation de quelques notions préliminaires, concernant les solutions des équations différentielles

et l'étude de stabilité et la fonction de Liapounov. Dans le deuxième chapitre nous avons traité quelques modèles épidémiologiques. Quand au troisième chapitre, nous avons abordé l'épidémie du COVID-19 et nous avons donné quelques modèles épidémiologiques utilisés pour étudier la dynamique de la transmission de cette épidémie. Dans le même chapitre, nous avons appliqué un des modèles les plus connus sur les données algérienne afin de prédire le comportement et la propagation du covid-19.

Ce mémoire se termine par une conclusion.

Chapitre 1

Préliminaires

1.1 Introduction

Dans ce chapitre, nous donnons quelques notions et résultats sur les équations différentielles ordinaires : existence, unicité des solutions, notions de stabilité et d'autres notions qui seront utilisées dans ce mémoire.

1.2 Équations différentielles d'ordre 1

Soit U un ouvert de $\mathbb{R} \times \mathbb{R}^n$ ($n \in \mathbb{N}$), l'intervalle $I \subset \mathbb{R}$ et $f : U \rightarrow \mathbb{R}^n$. On appelle équation différentielle d'ordre 1 une relation de type :

$$\frac{dx(t)}{dt} = x'(t) = f(t, x(t)), t \in I. \quad (1.1)$$

Définition 1.2.1. On dit que le système (1.1) est autonome si la fonction f ne dépend que de la variable x . Sinon, il est non autonome, est donc de type :

$$\frac{dx(t)}{dt} = f(x(t)).$$

1.3 Problème de Cauchy

On appelle problème de Cauchy le problème donné d'une équation différentielle et d'une condition initiale (auss appelé problème aux valeurs initiales). C'est donc un problème du type :

$$\begin{cases} \frac{dx(t)}{dt} = f(t, x(t)), t \in I, \\ x(t_0) = x_0, t_0 \in I, x_0 \in \mathbb{R}^n, \end{cases} \quad (1.2)$$

tel que $f : U \rightarrow \mathbb{R}^n$ une fonction continue.

Remarque 1.3.1. Pour tout $(t_0, x_0) \in U$, le problème (1.2) est équivalent à l'équation intégrale :

$$x(t) = x_0 + \int_{t_0}^t f(s, x(s)) ds.$$

Remarque 1.3.2. L'équation différentielle ordinaire de la forme :

$$\frac{dx(t)}{dt} = A(t)x(t) + B(t), \forall t \in I.$$

A et B sont des fonctions que l'on supposera continues admet des solutions de la forme :

$$x(t) = e^{\int_{t_0}^t A(s) ds} [x(0) + \int_{t_0}^t e^{\int_{t_0}^s -A(p) dp} B(s) ds].$$

Définition 1.3.1. 1. La fonction x est dite solution du système (1.2) sur l'intervalle $I \subset \mathbb{R}$ si elle est définie et continûment dérivable sur I , et $(t, x(t)) \in I \times U$ pour tout $t \in I$, et x satisfait la relation (1.2).

2. On appelle solution locale le couple (I_0, x) où $I_0 \subset I$ est un intervalle et x est une solution de (1.2) pour tout $t \in I_0$.
3. On dit que la solution locale (J, \tilde{x}) est un prolongement de la solution locale (I_0, x) si elle vérifie : $I_0 \subseteq J$ et $\forall t \in I_0 : \tilde{x}(t) = x(t)$.
4. On dit que la solution (I_0, x) est une solution globale de (1.2), si (I_0, x) est une solution locale de (1.2) et $I_0 = I$.
5. On dit que la solution (I, x) est une solution maximale si elle n'a pas de prolongement à un intervalle J strictement plus grand de I .

1.3.1 Existence et unicité des solutions

Théorème 1.3.1. (L'existence)[7]

Soient U un ouvert de $\mathbb{R} \times \mathbb{R}^n$ et $f : U \rightarrow \mathbb{R}^n$ une fonction continue. Pour tout $(t_0, x_0) \in U$, le problème (1.2) admet au moins une solution.

Définition 1.3.2. On dit que f est K -lipchitzienne en x si :
pour tout $(t, x_1), (t, x_2)$,

$$\|f(t, x_1) - f(t, x_2)\| \leq K \|x_1 - x_2\|.$$

f est localement lipchitzienne en x_0 si :

$\forall (t_0, x_0) \in U$, il existe un voisinage V de (t_0, x_0) dans lequel f est K -lipchitzienne[7].

Théorème 1.3.2. (L'existence et unicité)

Si f une fonction continue et localement Lipschitzienne en x_0 , pour tout (t_0, x_0) , le problème (1.2) admet une solution unique[7].

1.3.2 Courbe integrale orbite

On appelle courbe intégrale l'ensemble des points $(t, x(t))$ où t parcourt I . Autrement dit, si x est à valeurs dans \mathbb{R}^n , la courbe intégrale est un ensemble de points de \mathbb{R}^{n+1} . On appelle orbite, l'ensemble des points $x(t)$ où t parcourt I : c'est un ensemble de points de \mathbb{R}^n . L'espace \mathbb{R} où les solutions prennent leurs valeurs s'appelle espace de phases.

1.3.3 Trajectoire(orbite)

Définition 1.3.3. Une solution du système (1.2) est une fonction dérivable $t \rightarrow x(t)$, définie d'un intervalle $I \subset \mathbb{R}$ dans U telle que pour tout $t \in I$ on a : $\frac{dx(t)}{dt} = f(x, t)$. L'image d'une solution x est appelée orbite C'est l'ensemble : $x(t), t \in I$.

Soit $x(t, x_0)$, $x_0 \in \mathbb{R}^n$, une solution du système précédent avec conditions initiales $x(0) = x_0$. On appelle flot de (1.2) l'application : $\phi_t : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$ définie par :

$$\phi_t(x_0) = x(t, x_0). \quad (1.3)$$

$\phi_t(x_0)$ possède les propriétés suivantes :

- $\phi_t(x_0)$ est de classe C^r .
- $\phi_0(x_0) = x_0$.
- $\phi_{t+s}(x_0) = \phi_t(\phi_s(x_0))$.

1.3.4 Point fixe (critique ou équilibre)

Les points d'équilibre (ou états stationnaires, ou points fixes, ou points singuliers) d'un système jouent un rôle important dans la description des propriétés du système.

On considère le système autonome suivant :

$$\begin{cases} \frac{dx(t)}{dt} = f(t, x(t)), \\ x(t_0) = x_0. \end{cases} \quad (1.4)$$

Définition 1.3.4. Le point x^* est un point fixe du système (1.2) si : $f(t, x^*) = 0 \quad \forall t \in \mathbb{R}^n$.

Stabilité des points fixe

Définition 1.3.5. Un point fixe $x^* \in \mathbb{R}^n$ est stable si :

$$\forall \varepsilon > 0, \exists \sigma > 0 : \|x(0) - x^*\| < \sigma \Rightarrow \|x(t) - x^*\| < \varepsilon, \forall t$$

Si de plus, il existe σ_0 avec $0 < \sigma_0 < \sigma$ tel que :

$$\|x(0) - x^*\| < \sigma_0 \Rightarrow \lim_{t \rightarrow +\infty} x(t) = x^* \text{ alors } x^* \text{ est asymptotiquement stable.}$$

si x^* n'est pas stable, alors il est instable[8]

1.4 Stabilité d'un système linéaire

On considère le système linéaire suivant :

$$\frac{dx}{dt} = Ax. \quad (1.5)$$

Où : $x = (x_1, x_2, \dots, x_n)$ et A est une matrice constante inversible. Soient $\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_n$ les valeurs propres de A .

- Définition 1.4.1.**
1. Si les valeurs propres $\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_n$ sont réelles et du même signe, la solution $x = 0$ est appelée nœud.
 2. Si les valeurs propres $\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_n$ sont réelles, non nulles et de signe différent, la solution $x = 0$ est appelée selle.
 3. Si les valeurs propres $\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_n$ sont complexes avec $Re(\lambda_i) \neq 0; i = 1, \dots, n$, la solution $x = 0$ est appelée foyer.
 4. Si les valeurs propres $\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_n$ sont complexes avec $Re(\lambda_i) = 0; i = 1, \dots, n$, la solution $x = 0$ est appelée centre[6].

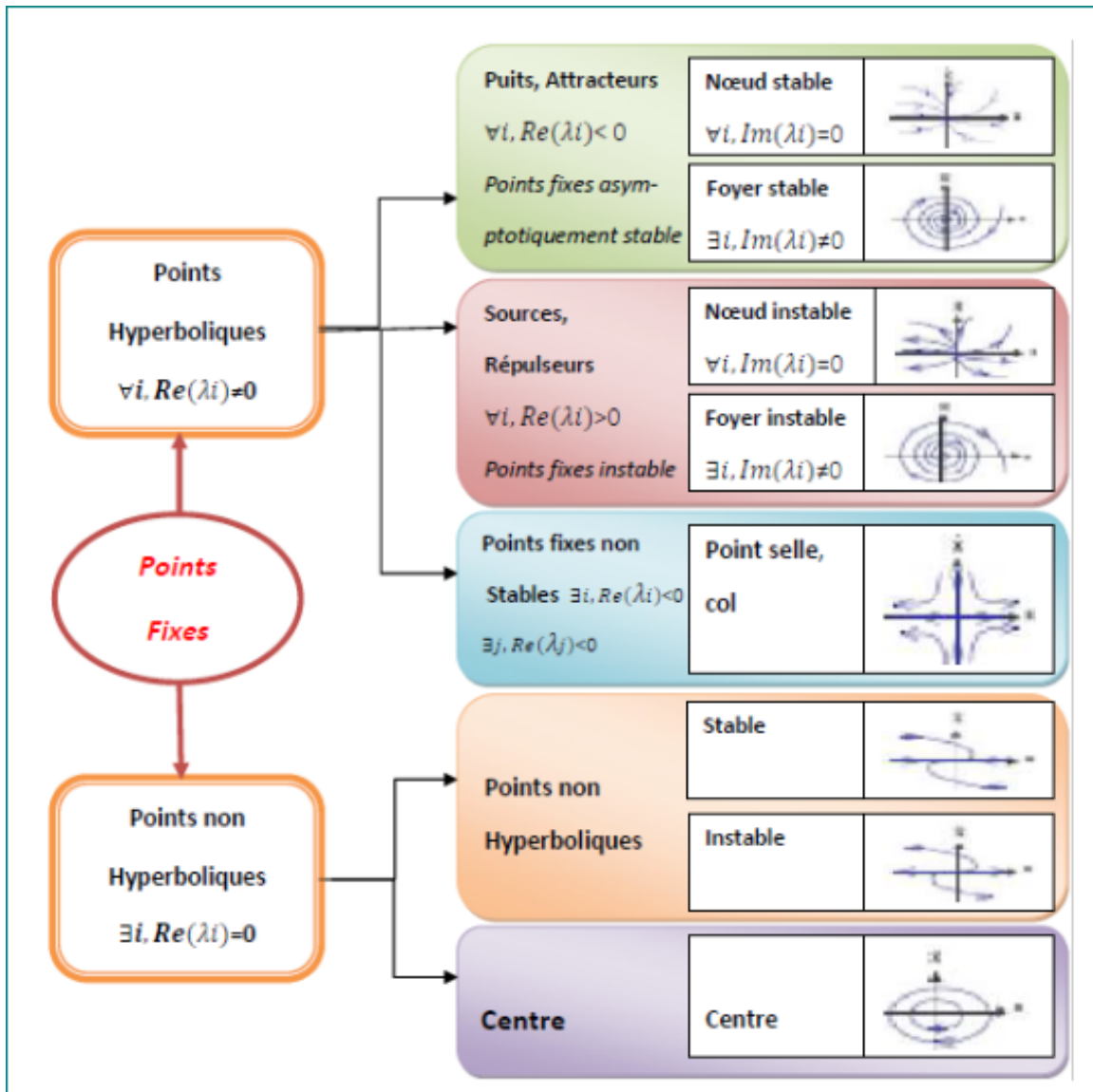


FIGURE 1.1 – Les différents types d'états d'équilibre pour un système linéaire autonome.

1.5 Stabilité du système non linéaire

1.5.1 Méthode indirecte (linéarisation)

L'étude de stabilité est simplifiée lorsque le système est linéaire et autonome, c'est-à-dire lorsqu'il est décrit par l'équation matricielle suivante où les coefficients a_{ij} de la matrice A sont constants :

$$\frac{dx}{dt} = Ax \quad \text{c'est-à-dire :}$$

$$\begin{pmatrix} \frac{dx_1}{dt} \\ \frac{dx_2}{dt} \\ \frac{dx_3}{dt} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} a_{11} & \cdots & a_{1n} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ a_{n1} & \cdots & a_{nn} \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} x_1 \\ x_2 \\ x_3 \end{pmatrix}$$

Lorsque le système n'est pas linéaire, on le linéarise. Pour cela, il est nécessaire de faire un développement limité au premier ordre autour du point fixe x^* :

$$f(x) = f(x^*) + J(x - x^*) + O((x - x^*)^2).$$

Où J est la matrice jacobienne de f au point x^* tel que : $J_{ij} = \frac{\partial f_i}{\partial x_j}(x^*)$.

Si la matrice jacobienne J est nulle au point x^* , on poursuit le développement limité jusqu'au second ordre. Dans ce cas, on ne parle plus de stabilité linéaire mais simplement de stabilité.

Théorème 1.5.1. - *Si toutes les valeurs propres de la matrice jacobienne ont une partie réelle strictement négative, x^* est asymptotiquement stable.*

- *Si la matrice jacobienne possède au moins une valeur propre à partie réelle strictement positive, x^* est instable.*

Cette méthode ne permet pas de dire si l'équilibre est stable ou instable quand la matrice jacobienne comporte au moins une valeur propre avec partie réelle nulle, et aucune valeur propre avec partie réelle strictement positive. Dans ce cas, les trajectoires du système convergent vers un sous-espace (une variété) dont la dimension est le nombre de valeurs propres nulles de la matrice jacobienne, et la stabilité de l'équilibre peut-être étudiée dans ce sous-espace par la méthode direct.

1.5.2 Méthode direct (au sens de Lyapunov)

Les fonctions de Lyapunov jouent un grand rôle dans l'étude de la stabilité des systèmes dynamiques. On considère le système autonome définie par [7] :

$$\frac{dx}{dt} = f(x, t) \quad f(x^*) = 0.$$

Théorème 1.5.2. *soit $V : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$ une fonction continue et différentiable telle que $V(0) = 0$ soit $x^* = 0$ un point d'équilibre telle que :*

- $V(x^*) = 0$ et $V(x) > 0$

- $\frac{dV(x)}{dx} \leq 0$

Alors $x_0 = 0$ est stable

Si de plus on a :

- $\frac{dV(x)}{dx} < 0$

Alors $x_0 = 0$ est asymptotiquement stable

Si de plus la fonction vérifie les condition : alors V est appelée fonction de Lyapunov

Exemple 1.5.1. soit le système :

$$\begin{cases} \frac{dx_1}{dt} = -2x_1 + 2(x_2)^4, \\ \frac{dx_2}{dt} = -x_2. \end{cases}$$

$x = 0$ est un point d'équilibre. Soit $V(x) = 6x_1^2 + 12x_2^2 + 4x_1x_2^4 + x_2^8$

d'où $V(x) = (2x_1 + (x_2)^4)^2 + 2x_1^2 + 12x_2^2$

$V(x) > 0$ elle est donc définie positive de plus

$$\frac{dV(x)}{dt} = \frac{\partial V(x)}{\partial x_1} \frac{x_1}{dt} + \frac{\partial V(x)}{\partial x_2} \frac{x_2}{dt},$$

on obtient

$$\frac{dV(x)}{dt} = -24 \left((x_1)^2 + (x_2)^2 \right),$$

$\frac{dV(X)}{dt}$ est donc définie négative, V est une fonction de Lyapunov, et le théorème de Lyapunov permet de conclure que le point d'équilibre $x = 0$ est asymptotiquement stable [6].

1.6 Solutions numériques des équations différentielles ordinaires

On résoudre le problème de cauchy par intégration on trouve :

$$\int_{t_n}^{t_{n+1}} y'(t) dt = \int_{t_n}^{t_{n+1}} f(t, y(t)) dt$$

d'où

$$y_{t_{n+1}} - y_{t_n} = \int_{t_n}^{t_{n+1}} f(t, y(t)) dt$$

1.6.1 La méthode d'Euler

La résolution numérique consiste à discretiser l'axe des abscisses suivant $t_n = t_0 + nh$, ensuite on cherchera u_n comme approximation de y au point t_n ou u_n $n \in \mathbb{N}$ constitue la solution numérique. Ces méthodes sont itératives donc la suite u_n $n \in \mathbb{N}$ doit-être initialisée afin de calculer ses successeurs.

on a $h = \frac{t_f - t_0}{n}$.

Méthode d'Euler explicite

on calcule $\int_{t_n}^{t_{n+1}} f(t, y(t)) dt$ par la méthode de rectangle à gauche on aura [16] :

$$\int_{t_n}^{t_{n+1}} f(t, y(t)) dt \simeq hf(t_n, y(t_n)).$$

d'où

$$y(t_{n+1}) = y_{t_n} + hf(t_n, y(t_n)).$$

en fonction des approximations

$$u_{n+1} = u_n + hf(t_n, y_n).$$

Méthode d'Euler implicite

On calcule $\int_{t_n}^{t_{n+1}} f(t, y(t)) dt$ par la méthode de rectangle à droite on aura[16] :

$$\int_{t_n}^{t_{n+1}} f(t, y(t)) dt \simeq hf(t_{n+1}, y(t_{n+1})).$$

d'où

$$y(t_{n+1}) = y(t_n) + hf(t_{n+1}, y(t_{n+1})).$$

en fonction des approximations :

$$u_{n+1} = u_n + hf(t_{n+1}, u_{n+1})$$

1.6.2 Runge Kutta

Le développement de la série de Taylor de $y(t_{n+1})$ jusqu'à l'ordre m autour du point t_n s'écrit :

$$y(t_{n+1}) = y(t_n) + hy^{(1)}(t_n) + \frac{h^2}{2!}y^{(2)}(t_n) + \dots + \frac{h^m}{m!}y^{(m)}(t_n) + O(h^{m+1}). \quad (1.6)$$

Runge Kutta d'ordre 2

Rappelons la méthode d'Euler

$$y(t_{n+1}) = y(t_n) + hf(t_n, y(t_n)).$$

La méthode d'Euler permet ainsi de calculer $y(t_n + h)$ en fonction de $y(t_n)$ et la dérivée en $y(t_n)$. Cette méthode n'est pas symétrique par rapport à l'intervalle puisqu'il ne fait pas intervenir l'information sur la dérivée en fin d'intervalle, i.e. $f(t_n, y(t_{n+1}))$ n'intervient pas[8].

Les équations de cette méthode sont :

$$\begin{aligned} k_1 &\equiv hf(t_n, y(t_n)) \\ k_2 &\equiv hf\left(t_n + \frac{1}{2}h, y(t_n) + \frac{1}{2}k_1\right). \\ y(t_{n+1}) &= y(t_n) + k_2 + O(h^3). \end{aligned} \quad (1.7)$$

DÉRIVATION DE RUNGE KUTTA D'ORDRE 2

Avec un peu d'effort, on peut dériver les formules de Runge Kutta à partir des formules de Taylor et les formules des dérivées par différences finies. Prenons un développement en série de Taylor autour du point (\tilde{t}, \tilde{y}) au centre de l'intervalle t_n, t_{n+1}

$$\tilde{t} \equiv t_n + \frac{h}{2} \quad \tilde{y} \equiv y\left(t_n + \frac{h}{2}\right)$$

La série de Taylor développée autour de ce point s'écrit en remplaçant $t_n \rightarrow t_n + \frac{h}{2}$, et $h \rightarrow \frac{h}{2}$ dans le développement de Taylor de l'équation (1.6) :

$$\begin{aligned} y(t_n + h) &= y\left(t_n + \frac{h}{2}\right) + \frac{h}{2}y^{(1)}\left(t_n + \frac{h}{2}\right) + \frac{h^2}{8}y^{(2)}\left(t_n + \frac{h}{2}\right) + O(h^3) \\ &= \tilde{y} + \frac{h}{2}f\left(t_n + \frac{h}{2}, \tilde{y}\right) + \frac{h^2}{8}y^{(2)}\left(t_n + \frac{h}{2}\right) + O(h^3). \end{aligned} \quad (1.8)$$

Maintenant, on remplace $y^{(2)}\left(t_n + \frac{h}{2}\right)$ par sa dérivée par différences discrètes[8] :

$$\begin{aligned} y^{(2)}\left(t_n + \frac{h}{2}\right) &= \frac{4}{h^2} \left[y(t_n + h) - 2y\left(t_n + \frac{h}{2}\right) + y(t_n) \right] + O(h) \\ &= \frac{4}{h^2} [y(t_n + h) - 2\tilde{y} + y(t_n)] + O(h). \end{aligned} \quad (1.9)$$

Insérant ce résultat dans l'équation (1.8), on obtient :

$$\begin{aligned} y(t_n + h) &= \tilde{y} + \frac{h}{2} f\left(t_n + \frac{h}{2}, \tilde{y}\right) + \frac{1}{2} [y(t_n + h) - 2\tilde{y} + y(t_n)] + O(h^3) \\ &= \frac{h}{2} f\left(t_n + \frac{h}{2}, \tilde{y}\right) + \frac{1}{2} y(t_n + h) + \frac{1}{2} y(t_n) + O(h^3), \end{aligned} \quad (1.10)$$

ce qui peut s'écrire :

$$y(t_n + h) = y(t_n) + hf\left(t_n + \frac{h}{2}, \tilde{y}\right) + O(h^3),$$

mais la série de Taylor d'ordre un nous donne le résultat suivant :

$$\begin{aligned} \tilde{y} &\equiv y\left(t_n + \frac{h}{2}\right) = y(t_n) + \frac{h}{2} f(t_n, y(t_n)) + O(h^2) \\ &\equiv y(t_n) + \frac{h}{2} k_1 + O(h^2), \end{aligned}$$

où nous avons utilisé la définition de k_1 (voir l'équation (1.7)). Avec ce résultat, on peut faire l'approximation suivante :

$$\begin{aligned} hf\left(t_n + \frac{h}{2}, \tilde{y}\right) &= hf\left(t_n + \frac{h}{2}, y(t_n) + \frac{h}{2} k_1\right) + O(h^3) \\ &\equiv hk_2 + O(h^3); \end{aligned}$$

et l'équation devient finalement la formule de Runge Kutta d'ordre 2 :

$$y(t_n + h) = y(t_n) + hk_2 + O(h^3).$$

Runge Kutta : ordres 3 et 4

Les dérivations de Runge Kutta aux ordres 3 et 4 sont fastidieuses. Heureusement leurs formules sont faciles à programmer et nous nous contentons d'utiliser les résultats. La formule Runge-Kutta à l'ordre 3 est :

$$\begin{aligned} k_1 &= hf(t_n, y(t_n)) \\ k_2 &= hf\left(t_n + \frac{1}{2}h, y(t_n) + \frac{1}{2}k_1\right) \\ k_3 &= hf(t_n + h, y(t_n) + 2k_2 - k_1) \\ y(t_{n+1}) &= y(t_n) + \frac{1}{6}(k_1 + 4k_2 + k_3) + O(h^4) \end{aligned}$$

La formule Runge-Kutta à l'ordre 4 est de loin la plus utilisée. Elle a une forme assez symétrique :

$$\begin{aligned} k_1 &= hf(t_n, y(t_n)) \\ k_2 &= hf\left(t_n + \frac{1}{2}h, y(t_n) + \frac{1}{2}k_1\right) \\ k_3 &= hf\left(t_n + \frac{1}{2}h, y(t_n) + \frac{1}{2}k_2\right) \\ k_4 &= hf(t_n + h, y(t_n) + k_3) \\ y(t_{n+1}) &= y(t_n) + \frac{1}{6}(k_1 + 2k_2 + 2k_3 + k_4) + O(h^5) \end{aligned}$$

1.6.3 Méthode de Heun

La Méthode de Heun est une version améliorée de celle d'Euler. L'erreur sur le résultat généré par cette méthode est proportionnelle à h^3 , meilleur que celle de la méthode d'Euler. Néanmoins, cette méthode réclame une double évaluation de la fonction f .

$$\begin{cases} u_0 = y(t_0) = y_0 \\ u_{n+1} = u_n + \frac{h}{2} \{f(t_n, u_n) + f(t_n, u_n + hf(t_n, u_n))\} \quad \text{avec } n \in \mathbb{N} \end{cases}$$

Le schéma numérique de cette méthode résulte de l'application de la formule de quadrature du trapèze. Notons également que la méthode de Heun fait partie des méthodes de Runge-Kutta explicites d'ordre deux. Afin d'illustrer le fonctionnement de cette méthode, reprenant l'équation différentielle de l'exemple numérique précédent et cherchons la formule analytique correspondante :

$$\begin{aligned} u_{n+1} &= u_n + \frac{h}{2} \left(\frac{t_n - u_n}{2} \right) + \frac{h}{2} \left(\frac{t_n - (u_n + h \left(\frac{t_n - u_n}{2} \right))}{2} \right), \\ u_{n+1} &= u_n + \frac{h}{2} \left(\frac{t_n - u_n}{2} \right) + \frac{h}{2} \left(\frac{t_n - \left(\frac{2u_n + ht_n - hu_n}{2} \right)}{2} \right), \\ u_{n+1} &= u_n + \frac{h}{2} \left(\frac{t_n - u_n}{2} \right) + \frac{h}{2} \left(\frac{2t_n - 2u_n - ht_n + hu_n}{4} \right). \end{aligned}$$

Finalement :

$$u_{n+1} = \left(\frac{4h - h^2}{8} \right) t_n + \left(\frac{8 - 4h + h^2}{8} \right) u_n$$

1.7 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons donné quelques définitions qui portent sur les équations différentielles ordinaires. Dans le chapitre suivant, nous nous intéressons à la modélisation mathématique des maladies infectieuses.

Chapitre 2

Étude des modèles épidémiologiques

2.1 Introduction

La modélisation mathématique des maladies infectieuses est un outil pour étudier la façon dont les maladies se propagent, prévoir la trajectoire future d'une épidémie et aider à orienter la planification de la santé publique et la lutte contre les maladies infectieuses. Les modèles utilisent des équations mathématiques pour estimer le nombre de cas de maladie qui pourraient survenir dans les semaines ou les mois à venir. Ils aident les chercheurs à simuler des possibilités réelles dans un environnement virtuel. Bien que les modèles ne puissent pas prédire ce qui se passera, ils peuvent nous aider à comprendre ce qui pourrait se passer dans certains scénarios. Cela peut nous aider à planifier et à agir pour obtenir le meilleur résultat possible.

L'objectif de ce chapitre est de comprendre quelques mécanismes de propagation d'une maladie contagieuse.

2.2 Terminologie

2.2.1 Épidémie

Une épidémie désigne l'augmentation rapide d'une maladie en un lieu donné sur un moment donné.

2.2.2 Endémie

Une endémie est une épidémie qui est constamment présente mais limitée à une région particulière. Cela rend sa propagation prévisible.

2.2.3 Pandémie

Une pandémie est déclarée par l'OMS, lorsque la croissance d'une maladie est exponentielle. Cela signifie que le taux de croissance monte en flèche et que les cas augmentent chaque jour plus que la veille. En étant déclaré pandémie, le virus n'a rien à voir avec l'immunité de la population ou la gravité de la maladie. Cela signifie qu'un virus couvre une vaste zone, affectant plusieurs pays et populations.

2.2.4 Agents pathogènes

Un agent pathogène est un agent infectieux qui peut provoquer une maladie chez son hôte. Ce terme est généralement utilisé pour désigner les microorganismes associés aux maladies, tels que les virus, bactéries, champignons...

2.2.5 Maladie infectieuse

Une maladie infectieuse est une maladie provoquée par l'invasion d'un ou plusieurs microorganismes ou agent infectieux (virus, bactéries, parasites, champignons) dans un tissu où ils se multiplient, et par une réaction générale des cellules et des tissus infectés pour éliminer ces agents pathogènes.

2.2.6 La modélisation mathématique

Le procédé par lequel nous utilisons des expressions mathématiques pour décrire une situation quantitative réelle s'appelle la modélisation. Modéliser consiste à écrire en notation mathématique ce qui est exprimé d'abord en mots en faisant intervenir des variables au besoin.

Que ce qu'un modèle ?

Un modèle est une description de la réalité établie dans un langage précis mais cette description doit permettre des prévisions ou des explications :

- Prévisions des valeurs de certains variables difficilement accessibles ou des valeurs futures
- Explications de phénomène complexes à partir de phénomènes simplificatrices de principes généraux ou par coordination de mécanismes simples.

Objectif de la modélisation d'épidémie

La modélisation des épidémies vise trois objectifs principaux :

- Mieux comprendre les mécanismes par lesquels les maladies se propagent, ce qui implique l'importance d'une structure mathématique.
- Prévoir l'évolution future de l'épidémie.
- Comprendre comment contrôler la propagation de l'épidémie, par exemple, réduire le nombre de susceptibles dans le modèle par la vaccination.

Les étapes de la modélisation mathématique

On peut distinguer plusieurs étapes :

- Le scientifique fait des hypothèse sur les phénomènes étudier,
- Les hypothèses sont traduites mathématiquement en un modèle,
- On étudie le modèle mathématique ; on en tire des conséquences qualitatives ou quantitatives et on fait des prévisions,
- On compare les prévisions aux réalités expérimentales
- On revient éventuellement sur les hypothèses pour modifier le modèle, et le cycle continue.

2.3 Paramètres de la maladie

2.3.1 Taux de reproduction de base (r_0)

Le taux de reproduction de base nous permet de suivre la progression de l'épidémie et de détecter les changements dans la propagation du virus. Cet indicateur doit-être interprété en fonction du contexte de transmission. Par exemple, si l'infection est bien contrôlée (c'est-à-dire quelques cas) et qu'une éclosion est observée, le taux de reproduction augmentera. Cependant, si le nombre de cas est déjà élevé, une valeur élevée du taux de reproduction sera encore plus inquiétante [5].

Méthodes pour le calcul du taux de reproduction

Méthode (Anderson et May) :

$$r_0 = \beta CD \text{ avec :}$$

β : la probabilité de transmission de la maladie.

D : le nombre de contacte.

C : le temps moyen de la période d'infectiosité[6].

Méthode(Définition de Bockh 1886)

Considérons une large population et soit $F(a)$ la probabilité qu'un individu nouvellement infecté reste contagieux pendant le temps a . Soit $b(a)$ le nombre moyen de des infectés qu'un individu infectieux produira par unité de temps pendant toute la durée a . Ainsi le nombre de reproduction de base est donné par la formule :

$$r_0 = \int_0^{\infty} b(a)F(a)da.$$

Cette méthode peut aussi être étendue pour étudier des modèles dans lesquels une série d'états sont impliqués dans la "reproduction" d'un individu infecté. Par exemple la modélisation de la malaria. Un humain infecté peut transmettre le virus à un moustique, qui peut de sa part infecter d'autres humains. Ce cycle doit être pris en considération dans le calcul du taux de reproduction. En général, si seulement deux états infectieux distincts sont impliqués dans un cycle d'infection, $F(a)$ peut être définie comme étant la probabilité qu'un individu dans l'état 1 à l'instant zéro infecte un individu dans l'état 2 durant la période a . De même, $b(a)$ est le nombre moyen de nouveaux individus dans l'état 1 produit par un individu qui a été dans l'état 2 pendant le temps a . Dans le cas de la malaria, $F(a)$ pourrait être la probabilité qu'un humain infecté au temps zéro infecte un moustique qui va rester en vie durant la période a . Plus concrètement, $F(a)$ serait l'intégrale :

$$F(a) = \int_0^a p(t)q(t)r(t)dt.$$

avec :

$p(t)$ est la probabilité qu'un humain infecté à l'instant 0 est encore vivant à l'instant t , $q(t)$: la probabilité qu'un humain infecté pendant le temps t infecte un moustique et $r(t)$ la probabilité qu'un moustique infecté vive jusqu'à l'âge a . tandis que $b(a)$ serait tout simplement le nombre moyen d'humains infectés par un moustique infecté pendant le temps a [1].

En utilisant la matrice « Next génération »

: Cette méthode a été introduite pour la première fois en 1990, c'est une méthode générale pour le calcul du r_0 dans le cas des modèles avec des compartiments, englobant les situations dans lesquelles la population est divisée en classes discrètes et disjointes. Dans cette méthode, r_0 est défini comme le rayon spectral d'une certaine matrice appelée «l'opérateur de la prochaine génération». La formation de cet opérateur consiste à déterminer deux compartiments, infectés et non infectés, à partir du modèle. Supposons qu'il existe n compartiments dont m sont infectés. On ordonne les compartiments de sorte que les m premiers correspondent à des compartiments d'infectés. On définit le vecteur $\bar{x} = (x_1, x_2, \dots, x_n)$ où x_i est la proportion de la population dans le compartiment i . Soit $F_i(\bar{x})$ le taux d'apparition de nouveaux cas infectés dans le compartiment i [1]. Posons $V_i(\bar{x}) = V_i^-(\bar{x}) - V_i^+(\bar{x})$ ou V_i^+ , désigne le taux de transmission des individus dans le i^{eme} compartiment, et V_i^- est le taux de transfert des individus hors du i^{eme} compartiment. Donc $F_i(\bar{x}) - V_i(\bar{x})$ donne le taux de variation de x_i . Notez que F_i ne doit inclure que les cas récemment apparues, et pas les termes qui décrivent le transfert d'individus infectieux entre les compartiments infectés. Supposons que les F_i et les V_i satisfaisaient les conditions décrites : On obtient la matrice du prochaine génération FV^{-1} , avec F et V sont définis comme suit :

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

avec x_0 désigne l'équilibre sans maladie (le point auquel aucune maladie n'est présente dans la population). Ainsi le taux de reproduction de base r_0 est défini comme étant le rayon spectral de la matrice $FV^{-1}[1]$.

2.3.2 Période d'incubation

La période d'incubation est le délai entre la contamination et l'apparition des premiers symptômes d'une maladie. Le tableau (2.1), donne des périodes d'incubation de quelques maladies.

Maladie	Période d'incubation générale
Cellulite causée par Pasteurella multocida	entre 0 et 1 jour
Choléra	entre 0 et 3 jours
Coqueluche	entre 7 et 14 jours
Covid-19	entre 2 et 14 jours
ébola	entre 2 et 21 jours
Rhume	entre 1 et 3 jours
Rougeole	entre 9 et 12 jours
Grippe	entre 1 et 3 jours

TABLE 2.1 – Période d'incubation de quelques maladies

2.3.3 Temps de génération

Le temps de génération correspond à la durée nécessaire pour qu'une personne récemment infectée en infecte une autre. Il existe plusieurs points de vue sur sa définition, son utilité et les approches permettant de l'estimer. C'est un paramètre primordiale dans la dynamique d'une maladie transmissible, Le temps de génération peut être calculé par la formule suivante [5] :

$$T_g = (\text{période d'incubation} + \text{période de contagiosité}) / 2$$

2.3.4 Intervalle sériel

Généralement, la plupart des études épidémiologiques se réfèrent à l'intervalle sériel comme la durée entre l'apparition des premiers symptômes chez une personne infecté et l'apparition des

symptômes chez un cas secondaire infecté par ce premier cas. Certaines études de modélisation définissent l'intervalle sériel comme étant le temps de génération ; cependant, le temps de génération dépend d'événements non observables (c-à-d. la date du début de l'infectiosité et la capacité d'infecter les autres), mais pour la plupart des maladies infectieuses l'infectiosité peut commencer avant l'apparition des symptômes [5].

2.3.5 Taux de létalité

L'une des caractéristiques importantes des maladies infectieuses, en particulier des maladies infectieuses causées par de nouveaux agents pathogène. Le taux de létalité peut nous servir à mesurer la gravité de la maladie, à identifier les personnes à risque et à évaluer la qualité des soins de santé.

Deux indicateurs sont utilisés pour évaluer le pourcentage de personnes infectées qui meurent de la maladie. Le premier est le taux de létalité réel *IFR* (Infection fatality rate), qui est utilisé pour estimer la proportion de décès parmi toutes les personnes infectées. Le second est le taux de létalité apparent *CFR* (Case fatality rate), qui est utilisé pour estimer la proportion de décès parmi les cas confirmés. Afin de mesurer avec précision l'*IFR*, on doit avoir une compréhension globale du nombre d'infections et du nombre de décès dus à la maladie.

Calcul du ratio de létalité réel (*IFR*)

$$IFR = (\text{nombre de décès dus à la maladie} / \text{nombre des individus infectés}) \times 100.$$

Une méthode pour calculer le nombre réel de personnes infectées consiste à effectuer un contrôle sérologique sur un échantillon aléatoire représentatif de la population afin de détecter l'exposition à un agent pathogène. De nombreuses enquêtes sérologiques de ce type sont étaiées menées dans le monde [5].

Calcul du ratio de létalité apparent (*CFR*)

Le taux de létalité apparent *CFR* (Case fatality rate) est la proportion de personnes chez qui une maladie a été diagnostiquée positif.

$$CFR = (\text{nombre de décès dus à la maladie} / \text{nombre totale des cas détectés}) \times 100$$

Les taux de létalité apparents fiables susceptibles d'être utilisés dans le but d'évaluer la létalité d'une épidémie .

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

$$CFR = (\text{nombre de décès dus à la maladie} / (\text{nombre de décès dus à la maladie} + \text{nombre des individus rétablis})) \times 100$$

2.4 Le processus dynamique de l'infection

La dynamique de la maladie et les condition environnantes ont un impact important sur la diffusion de la maladie à large échelle. Un individu est atteint d'une maladie infectieuse lorsqu'il est mis en contact avec un foyer (appelé aussi agent pathogène) qui peut être de diverses natures (un individu infecté, un moustique, un puits, etc.). Le processus de contagion fait référence à un évènement de transfert de l'infection d'un agent pathogène à un autre.

La figure (2.1), illustre le contexte dans lequel cet évènement prend place [11].

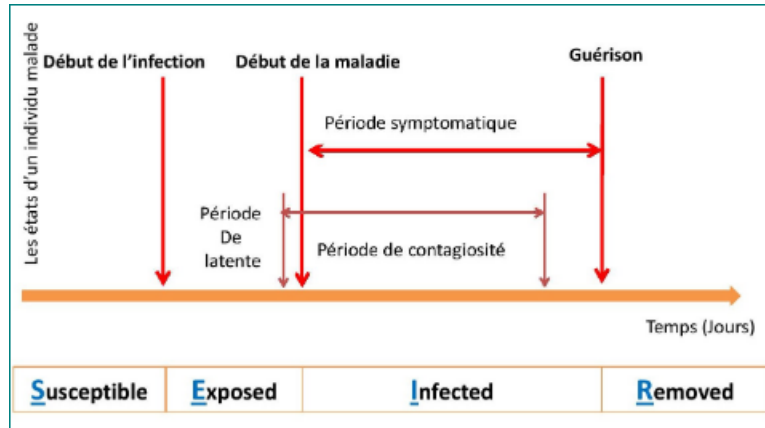


FIGURE 2.1 – Représentation du processus de contagion.

2.5 Quelques modèles mathématiques en épidémiologie

2.5.1 Modèle de Bernoulli

Daniel Bernoulli fut l'un des premiers mathématiciens qui a tenté de modéliser les effets de la maladie dans une population. Il a utilisé un modèle déterministe où il a proposé un modèle pour estimer les avantages de l'inoculation variolique dans le but de réduire le taux de mortalité dans la population Française. Pour construire son modèle, Bernoulli a adopté plusieurs hypothèses[4].

- Un individu infecté par la variole a une probabilité p de mourir et une probabilité $1 - p$ de survivre, sans prendre en considération le facteur de l'âge des individus.
- Un individu a une probabilité q d'être infecté dans l'année, et cela indépendamment de son âge (i.e. la probabilité qu'un individu soit infecté pendant le petit intervalle de temps dx entre l'âge x et l'âge $x + dx$ est $q \cdot dx$).
- Lorsqu'un individu survit après avoir été infecté par la variole, il est immunisé pour le reste de sa vie, (ils ont été immunisés).
- La probabilité qu'un individu meurt dans un petit intervalle de temps dx entre l'âge x et l'âge $x + dx$ est $m(x) dx$, où $m(x)$ est le taux de mortalité naturelle à l'âge x .

Considérant une population constituée de P_0 individus nés la même année, et soit :

- $S(x)$ le nombre d'individus qui sont encore en vie à l'âge x sans avoir été infecté par la variole.
- $R(x)$ le nombre d'individus qui sont encore en vie à l'âge x et immunisés contre la variole.
- $P(x) = S(x) + R(x)$ la population totale vivante à l'âge x

il a écrit alors qu'entre l'âge x et l'âge $x + dx$, chaque individu n'ayant jamais été infecté par la variole (susceptible), a une probabilité $q \cdot dx$ d'attraper la variole et une probabilité $m(x) dx$ de mourir d'une autre cause. Donc la variation par rapport au temps du nombre d'individus susceptibles est donnée comme suit :

$$\frac{dS}{dx} = -qS(x) - m(x)S(x). \quad (2.1)$$

Durant cette période, le nombre d'individus qui survivent en devenant immunisés est $(1 - p)qS(x) dx$. D'autre part, il y'a $m(x)S(x)$ individus qui sont déjà immunisés qui meurent naturellement, ce qui conduit à une seconde équation différentielle :

$$\frac{dR}{dx} = q(1 - p)S(x) - m(x)S(x). \quad (2.2)$$

En additionnant les deux équations précédentes, on obtient la variation de la population totale :

$$\frac{dP}{dx} = -qpS(x) - m(x)P(x). \quad (2.3)$$

On obtient que la fraction d'individus qui à l'âge x est encore susceptible d'attraper la variole parmi toute la population est :

$$\frac{S(x)}{P(x)} = \frac{1}{(1-p)\exp^{qx} + p}. \quad (2.4)$$

De (2.1) et (3.4), on aura

$$-m(x) = q + \frac{1}{S} \frac{dS}{dx} = pq \frac{S}{P} + \frac{1}{P} \frac{dP}{dx},$$

ce qui donne

$$\frac{ds}{sdx} - \frac{1}{p} \frac{dp}{dx} = pq \frac{s}{p} - q, \quad (2.5)$$

multiplier par $\frac{S}{p}$ on obtient

$$\frac{1}{P} \frac{dS}{dx} - \frac{S}{P^2} \frac{dP}{dx} = -q \frac{S}{P} + pq \left[\frac{S}{P} \right]^2. \quad (2.6)$$

On remarque que le membre de gauche est la dérivée de la fonction $f(x) = S(x)/P(x)$, donc :

$$\frac{df}{dx} = -qf + pqf^2. \quad (2.7)$$

Divisons cette équation par f^2 et posons $g(x) = \frac{1}{f(x)}$, on obtient que $\frac{dg}{dx} = qg - pq$ et $g(0) = \frac{1}{f(0)} = 1$. Soit $h(x) = g(x) - p$, on obtient $\frac{dh}{dx} = qh$, cette équation admettant comme solution $h(x) = h(0)\exp^{qx} = (1-p)\exp^{qx}$. Finalement on aura $g(x) = (1-p)\exp^{qx} + p$ et $f(x) = \frac{1}{g(x)}$ ce qui assure le résultat 2.4.

Bernoulli utilise la table de mortalité de Halley. Dans cette table Halley décrit le nombre de survivants au début de l'année $x(x = 1, 2, \dots)$ d'une cohorte d'individus. Les valeurs des paramètres choisis par Bernoulli dans son modèle sont :

- probabilité de mourir de la variole $p = \frac{1}{8}$.
- La probabilité annuelle d'attraper la variole $q = \frac{1}{8}$ Cette probabilité a été estimée de sorte que le nombre total des morts du à la variole représente $\frac{1}{13}$ de tous les morts, ce qui correspond à la proportion constatée dans plusieurs villes d'Europe.

Avec la formule (2.4) et les valeurs de $P(x)$ données dans le tableau de Halley, on peut calculer le nombre d'individus $S(x)$ encore vivants à l'âge x sans avoir été infectés. On détermine alors le nombre d'individus encore vivants à l'âge x qui ont eu la variole et qui ont survécu : $R(x) = P(x) - S(x)$. Enfin, on détermine pour chaque âge x le nombre de morts dus à la variole entre l'âge x et l'âge $x + 1$. Il s'agit de l'intégrale : $pq \int_x^{x+1} S(t)dt$ qui peut être estimée par la formule $\frac{pq(S(x) + S(x + 1))}{2}$ (formule du trapèze). Finalement, il en déduit que sur les 1300 nouveau-nés,

101 sont destinés à mourir de la variole, ce qui fait $\frac{1}{13}$ comme escompté.

Bernoulli, considère ensuite le cas où la variole serait inoculée de manière inoffensive à toute la population dès la naissance. La variole serait éradiquée et la question qui se pose est quel serait le gain en espérance de vie. Ainsi, partant du même nombre p_0 à la naissance et en notant $P^*(x)$ le nombre d'individus encore vivants à l'âge x en l'absence de variole (la variation du nombre d'individus dépend juste du taux de mortalité naturel), dans ce cas le nombre total d'individus vivants à l'âge x :

$$\frac{dP^*(x)}{dx} = -m(x)P^*(x). \quad (2.8)$$

Ainsi Bernoulli montre que :

$$P^*(x) = \frac{P(x)}{1 - p + p \exp^{qx}}. \quad (2.9)$$

En éliminant comme précédemment $m(x)$ entre les équations 3.4 et 2.8, Bernoulli a obtenu après réarrangement :

$$\frac{1}{P^*} \frac{dP}{dx} - \frac{P}{P^{*2}} \frac{dP^*}{dx} = -pq \frac{S}{P} \frac{P}{P^*}. \quad (2.10)$$

Posons $h(x) = \frac{P(x)}{P^*(x)}$, en utilisant la formule 2.4, en multipliant le numérateur et le dénominateur par \exp^{-pq} , on obtient :

$$\frac{1}{h} \frac{dh}{dx} = -pq \frac{\exp^{-qx}}{1 - p + p \exp^{-qx}}.$$

qui est équivalent à : $\frac{d}{dx} \log(1 - p + p \exp^{-qx})$ avec $h(0) = 1$ donc $h(x) = 1 - p + p \exp^{-qx}$ ce qui montre l'équation (2.9).

Pour comparer $P(x)$ et $P^*(x)$, Bernoulli utilise l'espérance moyen de vie à la naissance donné par la formule :

$$E(P) + \frac{1}{p_0} \int_0^\infty P(x)dx. \quad (2.11)$$

avec la variole, et la même expression avec $P^*(x)$ à la place de $P(x)$ en l'absence de variole. Il a trouvé finalement que l'espérance de vie E avec la variole est de 26 ans et 7 mois. Sans la variole, il obtient une espérance de vie E^* de 29 ans et 8 mois. Donc l'inoculation à la naissance permettrait de gagner plus de 3 ans d'espérance de vie.

2.5.2 Modèle logistique de Verhulst

En dynamique des populations, le modèle de Verhulst est un modèle de croissance proposé par Pierre François Verhulst en 1840. Le modèle est donné par l'équation différentielle suivante[4] :

$$\frac{dC}{dt} = rC \left(1 - \frac{C}{K}\right). \quad (2.12)$$

ou $C(t)$ désigne la population étudiée à l'instant t , r désigne le taux de croissance. Lorsque la population $C(t)$ est petite par rapport au paramètre K , on obtient l'équation approximative :

$$\frac{dC}{dt} \simeq rC. \quad (2.13)$$

dont la solution est $C(t) \simeq C(0)e^{rt}$. Le taux de croissance diminue à mesure que $C(t)$ se rapproche de K . Il deviendrait même négatif si $C(t)$ pouvait dépasser K . Pour obtenir l'expression exacte de la solution de l'équation 2.12, on procéderait comme Daniel Bernoulli pour l'équation 2.7. Divisons l'équation 2.12 par C^2 et posons $p = 1/C$, on obtient $dp/dt = -rp + r/K$. Avec $q = p - 1/K$, on obtient $dq/dt = -rq$ et $q(t) = q(0)e^{-rt} = (1/C(0) - 1/K)e^{-rt}$. On peut donc en déduire $p(t)$ et $C(t)$. Enfin nous obtenons après réarrangement :

$$C(t) = \frac{C(0)e^{rt}}{1 + C(0)(e^{rt} - 1)/K}$$

. La population totale augmente progressivement de $P(0)$ à l'instant $t = 0$ jusqu'à la limite K , qui n'est atteint que lorsque $t \rightarrow +\infty$. Sans donner les valeurs qu'il a utilisées pour les paramètres r et K , Verhulst a comparé son résultat avec des données concernant la population de la France entre 1817 et 1831, ainsi que d'autres pays en Europe, L'ajustement s'est avéré assez bon.

2.5.3 Les modèles compartimentaux déterministes

Les modèles déterministes sont des modèles dirigés par des lois mathématiques bien définis, on peut donc prévoir l'évolution du système étudié dans le temps. Dans la littérature mathématique, il existe une diversité de modèles déterministes, nous présentons dans ce qui suit les modèles les plus connus.

définissons d'abord les 4 catégories suivantes (qu'on appelle « compartiments » dans le langage de l'épidémiologie) :

- les individus « Susceptibles » ou « Sains » (S) : ceux qui n'ont jamais eu la maladie, et peuvent la contracter.
- les individus « Exposés » (E), comme « Exposed » en anglais) : les individus qui sont en contact avec une personne infectée et ils sont infectés, mais ne présente aucun symptôme évident et présente de faibles niveaux de l'agent pathogène qui ne sont pas suffisamment élevés pour maintenir une transmission à d'autres hôtes.
- les individus « Infectés » (I) : les malades, ce sont aussi les contagieux (c'est une hypothèse de ces modèles).
- les individus « Rétablis » (R), comme « Recovered » en anglais) : ceux qui ont déjà eu la maladie et sont désormais immunisés contre cette maladie. On inclut dans ce groupe les personnes décédées (puisque'elles ne peuvent plus contracter la maladie, et parce que c'est pratique).

Le modèle SI (Susceptibles, Infectives) de Hamer

En 1906 apparaît le premier modèle dynamique de W.H.Hamer [6]. C'est un modèle épidémique simple où l'on considère que la population étudiée N peut être décomposée en deux catégories :

- Les individus susceptibles d'être infectés (S).
- Les individus infectés (I).

Dans ce modèle l'infection se propage par contact entre les individus, mais au travers de laquelle, il n'y a pas de "rétabli" (morts, isolés). A la fin tous les individus susceptibles deviennent infectés. Ce genre de modèles s'applique pour certaines maladies où il n'y a pas de mort ou isolation. On suppose que la population est fermée, i.e : pour tout $t \in \mathbb{R}^+$: $S + I = N$ où N est constant et correspond à la taille de la population totale. Le modèle de Hamer est alors décrit par le système différentiel suivant :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta S \frac{I}{N}, \\ \frac{dI}{dt} = \beta S \frac{I}{N}. \end{cases} \quad (2.14)$$

Avec :

- N : Le nombre total de population.
- S : Le nombre des individus susceptibles.
- I : Le nombre des individus infectés.
- β : le nombre des contacts par unité de surface.

Pour ce modèle un individu susceptible entre dans le compartiment des infectés et il le demeure pour le restant de sa vie. C'est le cas par exemple pour le VIH. et on peut le traduire par ce chemin :

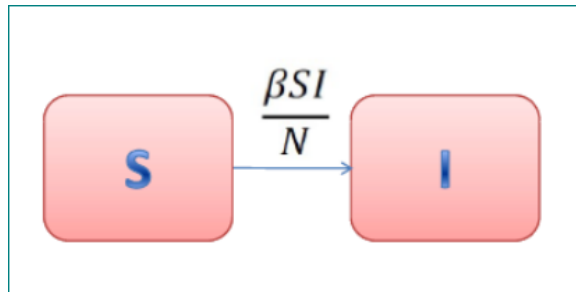


FIGURE 2.2 – Le schéma du modèle SI

$$N = S + I \Rightarrow \frac{dN}{dt} = \frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} = 0$$

Le nombre de la population N est constant, donc on peut écrire $S = N - I$, c.à.d : la dynamique des susceptibles dépend uniquement des infectés I , le système réduit est :

$$\frac{dI}{dt} = \beta (N - I) \frac{I}{N}.$$

Les points d'équilibre sont : $I_{dfe} = 0$ et $I_{ee} = N$.

ANALYSE DE STABILITÉ soit :

$$f(I) = \beta (N - I) \frac{I}{N}.$$

alors :

$$f'(I) = \beta - \frac{2\beta I}{N}.$$

- $f'(0) = \beta > 0 \Rightarrow I_{dfe}$ est stable.
- $f'(N) = -\beta < 0 \Rightarrow I_{ee}$ est asymptotiquement stable[6].

Le modèle SIS

Pour certaines maladies, la guérison est possible. Si à chaque unité de temps un individu infecté a une probabilité de guérir de la maladie et de redevenir susceptible comme la tuberculose [9]. Le modèle *SIS* alors décrit par le système différentiel suivant :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta S \frac{I}{N} + \gamma I, \\ \frac{dI}{dt} = \beta S \frac{I}{N} - \gamma I. \end{cases} \quad (2.15)$$

Avec :
 γ : est le taux de guérison.

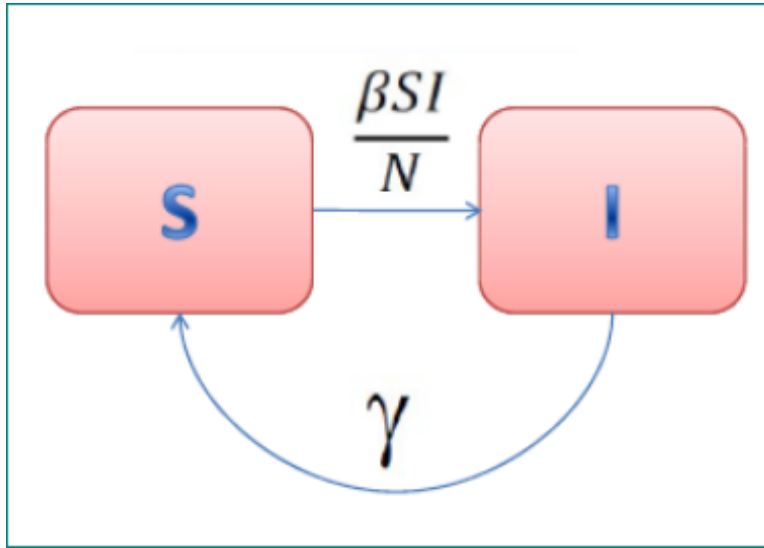


FIGURE 2.3 – Le chéma du modèle SIS

$$N = S + I \Rightarrow \frac{dN}{dt} = \frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} = 0.$$

Alors la population est constante.

$$r_0 = \frac{\beta}{\gamma},$$

on peut remplacer S par $(N - I)$, le système réduit est donné par :

$$\frac{dI}{dt} = \beta(N - I) \frac{I}{N} - \gamma I. \quad (2.16)$$

ANALYSE DE STABILITÉ

$$f(I) = I \left(\beta I \frac{\beta}{N} - \gamma \right).$$

$$f'(I) = \beta - \gamma - 2 \frac{I\beta}{N}.$$

Les points d'équilibres sont des solutions de l'équation $f(I) = 0$ d'ou : $I_{dfe} = 0$ et $I_{ee} = (\beta - \gamma) \frac{N}{\beta}$,
 I_{ee} exist ssi $\beta - \gamma > 0 \Rightarrow \beta > \gamma_0 > 1$
 $f'(0) = \beta - \gamma > 0$ ssi $r_0 > 1$ Alors I_{dfe} est asymptotiquement stable si $r_0 < 1$ et instable si $r_0 > 1$,
 $f'(I_{ee}) = -(\beta - \gamma) < 0$ ssi $r_0 > 1$ alors l'équilibre endémique est stable s'il existe.

Le modèle SIR (Susceptibles, Infectives, Removed)

En 1911, Sir Ronald Ross, considéré comme étant l'un des pères fondateurs de l'épidémiologie mathématique basée sur des modèles compartimentaux, expose le premier modèle de transmission du paludisme.

En 1927, William Ogilvy Kermack et Anderson Gray McKendrick appliquent les idées de Ross et étudient la transmission d'une maladie infectieuse chez les humains .

Ce modèle comporte trois compartiments :

1. Le compartiment S pour les individus sensibles au pathogène considéré,
2. Le compartiment I contenant les individus infectés (et infectieux, c'est-à-dire qui contribuent à la transmission du pathogène).
3. Le compartiment R pour les individus rétablis et maintenant immuns à la maladie considérée.

Ce modèle est typique d'une maladie avec mémoire immunitaire, comme par exemple la rougeole. En effet, une fois qu'un individu infecté guérit et entre dans la classe R il ne peut plus retourner dans les classes S ou I , il est immunisé contre la maladie. On note par :

- S : le compartiment qui représente les individus sensibles.
- I : le compartiment qui représente les individus infectés.
- R : le compartiment qui représente les individus rétablis.
- λ : le taux de natalité de la population.
- γ : le taux de guérison de la population.
- μ_1, μ_2 et μ_3 : sont, respectivement, les taux de mortalité de la population.
- β : le taux de transmission[10].

SIR : sans naissance et sans mort

On considère une population fermée, c'est à dire qu'il n'y a pas de naissance ni de mort et que le virus choisi ne possède pas de période d'incubation. On obtient trois équations différentielles :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta S \frac{I}{N}, \\ \frac{dI}{dt} = \beta S \frac{I}{N} - \gamma I, \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I. \end{cases} \quad (2.17)$$

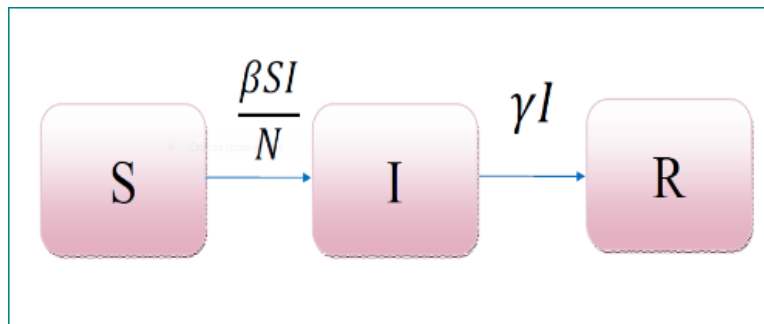


FIGURE 2.4 – Représentation schématique d'un modèle SIR sans naissance et sans mort

Dans ce cas si l'individu entre dans le compartiment des réfractaires il devient immunisé (pour toujours) contre la maladie.

$\frac{1}{\gamma}$: est la période d'infectiosité.

γ : est le taux de guérison.

$$N = S + I + R \Rightarrow \frac{dN}{dt} = \frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dR}{dt} = 0.$$

Alors la population est constante.

Le système réduit est :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta S \frac{I}{N}, \\ \frac{dI}{dt} = \beta S \frac{I}{N} - \gamma I. \end{cases} \quad (2.18)$$

et $r_0 = \frac{\beta}{\gamma}$

posons : $s = \frac{S}{N}$ et $i = \frac{I}{N}$, alors le système devient :

$$\begin{cases} \frac{ds}{dt} = -\beta si, \\ \frac{di}{dt} = \beta si - \gamma i. \end{cases} \quad (2.19)$$

Les points d'équilibres sont : $(\xi, 0), \forall \xi \in [0, 1]$.

ANALYSE DE LA STABILITÉ

La matrice jacobienne de système 2.19 est :

$$j(s, i) = \begin{pmatrix} -\beta i & -\beta s \\ \beta i & \beta s - \gamma \end{pmatrix}$$

La matrice jacobienne de système dans l'équilibres est :

$$j(\xi, 0) = \begin{pmatrix} -\beta i & -\beta \xi \\ \beta i & \beta \xi - \gamma \end{pmatrix}$$

les valeurs propres sont : $\lambda_1 = 0$ et $\lambda_2 = (\beta \xi - \gamma)$,

si $\beta \xi - \gamma > 0$ alors $\xi > \frac{\gamma}{\beta}$ alors $\xi > \frac{1}{r_0}$ ie $\lambda_2 > 0$ dans ce cas $(\xi, 0)$ est instable et si $\xi < \frac{1}{r_0}$ alors : le système prévoit des centres .

SIR : avec naissance et avec mort

On considère une population N divisée en classes des individus susceptibles, infectieux et guéris (ou rétablis), avec $S(t), I(t)$ et $R(t)$ leurs nombres au temps t , c'est-à-dire $N = S(t) + I(t) + R(t)$.

On suppose qu'il n'y a pas de transmission verticale, donc tous les nouveaux nés sont susceptibles.

On suppose aussi que la natalité compense les mortalités. Donc $\lambda = \mu_1 S + \mu_2 I + \mu_3 R$.

On note que, dans ce modèle, la maladie confère une immunité permanente. Sa représentation schématique est donnée dans la figure (2.5).

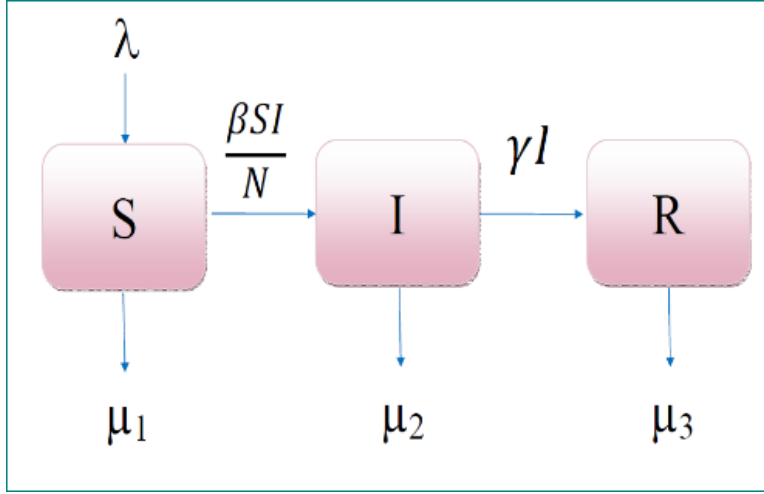


FIGURE 2.5 – Représentation schématique d'un modèle SIR (avec naissance et avec mort)

La dynamique de ce modèle est donnée par le système suivant :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \lambda - \frac{\beta SI}{N} - \mu_1 S, \\ \frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI}{N} - \mu_2 I - \gamma I, \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu_3 R. \end{cases} \quad (2.20)$$

Qui se réduit à :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\frac{\beta SI}{N} + \mu_2 I + \mu_3 R, \\ \frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI}{N} - \mu_2 I - \gamma I, \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu_3 R. \end{cases} \quad (2.21)$$

La taille de la population est constante, i.e : $S + I + R = N$, on peut donc omettre l'équation des guéris. On obtient donc le système plan :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\frac{\beta SI}{N} + \mu_2 I + \mu_3 (N - I - S), \\ \frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI}{N} - (\mu_2 + \gamma) I. \end{cases} \quad (2.22)$$

Par raison des simplicité on considère les prévalences, i.e. les proportions. Si on note $\frac{S}{N}, \frac{I}{N}$, les proportions de susceptibles et d'infectieux, encore par S et I. Alors système (2.21) se réduit à :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\mu_3 + (\mu_2 - \mu_3) I + \mu_3 S - \beta SI, \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI - (\mu_2 + \gamma) I. \end{cases} \quad (2.23)$$

On a $S > 0, I > 0$ et $S + I < 1$. $\rho = (S, I) : S \geq 0, I \geq 0, S + I \leq 1$. le nombre de reproduction de base est donné par : $r_0 = \frac{\beta}{\mu_2 + \gamma}$ et Le nombre de reproduction de base est donné par : $r_0 = \frac{\beta}{\mu_2 + \gamma}$.

STABILITÉ DE DFE (LE POINT D'ÉQUILIBRE SANS MALADIE)

Le système a un équilibre sans maladie qui est donné par : $(S, 0) = (1, 0)$.
Soit $V(S, I) = I$, la fonction de Lyapounov on a :

$$\begin{aligned} \frac{dV}{dt} &= \frac{dI}{dt} \\ &= \beta SI - (\mu_2 + \gamma) I \\ &= I(r_0 S - 1)(\mu_2 + \gamma) \\ &\leq 0 \end{aligned}$$

Alors le DFE (point d'équilibre sans maladie) est globalement asymptotiquement stable ssi $r_0 \leq 1$
STABILITÉ GLOBALE DE L'ÉQUILIBRE ENDÉMIQUE

L'équilibre du système qui est différent du DFE est donné par :
 (S^*, I^*) tel que,

$$S^* = \frac{\mu_2 + \gamma}{\beta} = \frac{1}{r_0}, \quad I^* = \frac{\mu_3}{\mu_3 + \gamma} \left(1 - \frac{1}{r_0}\right).$$

On vérifie si (S^*, I^*) dans l'ensemble $\delta S^* = \frac{\mu_2 + \gamma}{\beta} = \frac{1}{r_0} \geq 0$

$$I^* = \frac{\mu_3}{\mu_3 + \gamma} \left(1 - \frac{1}{r_0}\right) \geq 0 \text{ ssi } r_0 \geq 1.$$

$$S^* + I^* = \frac{\frac{\gamma}{r_0} + \mu_3}{\gamma + \mu_3} \leq 1 \Rightarrow r_0 \geq 1$$

Quand $r_0 = 1$, l'équilibre coïncide avec le DFE.

Modèle SEIR

Modèle SEIR (sans naissance, sans mort)

Une des limitations principales du modèle SIR est que l'on considère que la personne devient contagieuse immédiatement sans période d'incubation. Mais dans le cas de plusieurs infections, il y a une période de latence, ce n'est pas une hypothèse très réaliste.

En effet, la période d'incubation est un facteur important dans l'étude d'une épidémie car elle détermine la période d'observation d'un cas suspect. Pendant cette période, la population concernée a été exposée au virus mais ne peut encore le transmettre à une personne susceptible. Cette classe est notée E pour exposée. Le taux d'incubation est dénoté σ il correspond au taux moyen de passage de la classe E à la classe I. Si la population est de taille N , alors à chaque temps t , on a : $S(t) + E(t) + I(t) + R(t) = N$.

Le dynamique du système est représenté par [6] :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \beta \frac{SI}{N}, \\ \frac{dE}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \sigma E, \\ \frac{dI}{dt} = \sigma E - \gamma I, \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I. \end{cases} \quad (2.24)$$

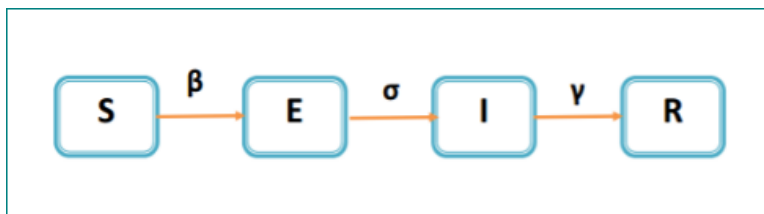


FIGURE 2.6 – Représentation schématique d'un modèle SEIR (sans naissance et sans mort)

Modèle SEIR (avec naissance et avec mort)

Comme pour le modèle SIR, une dynamique vitale (naissances et décès) peut soutenir une épidémie ou permettre à de nouvelles introductions de se propager car les nouvelles naissances fournissent des individus plus sensibles. Dans une population réaliste comme celle-ci, la dynamique de la maladie atteindra un état stable. Où Λ et μ représentent les taux de natalité et de mortalité, respectivement, et sont supposés être égaux pour maintenir une population constante.

Dans ce modèle, S , E , I , R et $N = S + E + I + R$ sont des nombres. La progression dans les compartiments. Les nouvelles infections dans le compartiment E sont dues à des contacts entre des personnes sensibles et infectées dans les compartiments S et I à un rythme βSI . Les individus passent du compartiment E au compartiment I à un rythme σ et développent une immunité à un rythme γ . En outre, la mortalité naturelle touche les individus à un rythme μ . Par souci de simplicité, le modèle suppose un recrutement constant Λ , d'individus sensibles. Si l'incidence βSI et β est constante, ce modèle est communément appelé modèle d'action de masse. Plus généralement, β peut être considéré comme une fonction de la population totale N . Le modèle SEIR habituel s'écrit comme suit :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \Lambda - \mu S - \beta SI, \\ \frac{dE}{dt} = \beta SI - (\mu + \sigma) E, \\ \frac{dI}{dt} = \sigma E - (\mu + \gamma) I, \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R. \end{cases} \quad (2.25)$$

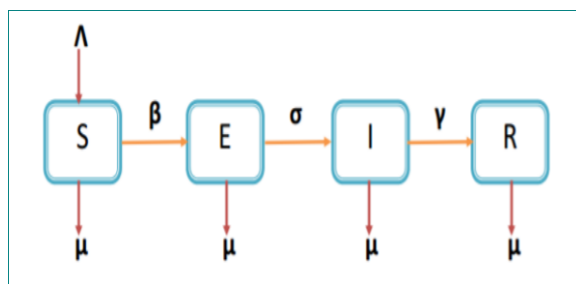


FIGURE 2.7 – Représentation schématique d'un modèle SEIR (sans naissance et sans mort)

Les compartiments infectés sont E et I , alors une solution d'équilibre avec $E = I = 0$ a la forme $x^* = (S_0, 0, 0, 0)$, où $S_0 = \frac{\Lambda}{\mu}$. Il s'agira d'un DFE. La progression de E à I et l'échec du traitement ne sont pas considérés comme de nouvelles infections, mais plutôt comme la progression d'un individu infecté à travers les différents compartiments. Par conséquent :

$$f = \begin{pmatrix} 0 \\ \beta SI \\ 0 \end{pmatrix},$$

$$v^+ = \begin{pmatrix} \Lambda \\ 0 \\ \sigma E \end{pmatrix},$$

$$v^- = \begin{pmatrix} \mu S - \beta SI \\ (\mu - \sigma)E \\ (\mu + \gamma)IE \end{pmatrix},$$

alors :

$$\mathbb{F} = \begin{pmatrix} \beta S_0 & 0 \\ 0 & 0 \end{pmatrix},$$

$$V = \begin{pmatrix} -(\mu + \sigma) & 0 \\ \sigma & -(\mu + \gamma) \end{pmatrix},$$

d'où

$$V^{-1} = \begin{pmatrix} -\frac{1}{(\mu + \sigma)} & 0 \\ -\frac{\sigma}{(\mu + \sigma)(\mu + \gamma)} & -\frac{1}{(\mu + \gamma)} \end{pmatrix},$$

on calcule $-FV^{-1}$

$$-FV^{-1} = \begin{pmatrix} \frac{\sigma\beta\Lambda}{\mu(\mu + \sigma)(\mu + \gamma)} & -\frac{\beta\sigma}{\mu(\mu + \gamma)} \\ 0 & 0 \end{pmatrix},$$

$$\text{rayon spectral de } (-FV^{-1}) = \frac{\sigma\beta\Lambda}{\mu(\mu + \sigma)(\mu + \gamma)}.$$

STABILITÉ DE L'ÉQUILIBRE DFE :

La jacobien du système modele autour de x^* est :

$$J(x^*) = \begin{pmatrix} -\mu & 0 & -\beta S_0 \\ 0 & -\mu - \sigma & \beta S_0 \\ 0 & \sigma & -\mu - \gamma \end{pmatrix}$$

Par conséquent, l'équation caractéristiques est :

$$p(\lambda) - (-\mu - \lambda)[(-\mu - \sigma - \lambda) - \beta\sigma' S_0] - 0.$$

Ici, les valeurs propres de $J(x^*)$ sont :

$$\begin{aligned}\lambda_1 &= 0, \\ \lambda_2 &= -\frac{2\mu + \gamma + \sigma}{2} + \frac{\sqrt{(2\mu + \gamma + \sigma)^2 + 4(\mu + \sigma)(\mu + \gamma)(r_0 - 1)}}{2}, \\ \lambda_3 &= -\frac{2\mu + \gamma + \sigma}{2} - \frac{\sqrt{(2\mu + \gamma + \sigma)^2 + 4(\mu + \sigma)(\mu + \gamma)(r_0 - 1)}}{2}.\end{aligned}$$

On note que si $r_0 > 1, \mu_2 > 0, \mu_3 < 0$ et $\lambda_1 = 0$. Le point d'équilibre x^* est donc instable. Tandis que si $r_0 < 1$ on a λ_2 et λ_3 sont négatives et $\lambda_1 = 0$. Le point x^* est donc asymptotiquement stable [6].

Autres extensions du modèle *SIR*

Le modèle *SIR* est la base de la plupart des modèles étudiant le phénomène de la diffusion de la grippe. Il est aujourd'hui régulièrement utilisé comme par exemple dans le cas de la grippe A en 2009. De plus, ce modèle a subi des changements par l'ajout des extensions au modèle standard. Ces extensions de modèle ont tous les mêmes principes de base énoncés précédemment mais comprennent des degrés de complexité variés. Nous présentons ci-dessous quelques extensions du modèle *SIR* avec leur interprétation :

- *SIRS* : Ils'agit du modèle *SIR* avec immunisation temporaire (les individus du compartiment *R* réintègrent après un certain délai le compartiment des susceptibles) ;
- *MSIR* : Modèle *SIR* avec immunité passive (un individu est né avec une immunité passive transféré naturellement par la mère) ;
- *MSEIR* / *MSEIRS* : Modèle avec immunité passive et période de latente (avec le facteur d'immunité passive, on ajoute la période de latence : *MSEIR* : immunité permanente, *MSEIRS* : immunité temporaire).

2.5.4 Modèles stochastiques

Ils sont probabilistes et étudient davantage les phénomènes à l'échelle « microscopique », ceux qui concernent l'individu en épidémiologie. Ils tiennent compte de la nature aléatoire de tout événement de transmission et de développement d'une infection [5].

Modèle classique de Reed-Frost

Le modèle Reed-Frost est le premier modèle stochastique à temps discret proposé en 1928 par Lowell Reed et Wade Hampton Frost. Le modèle s'appuie sur quelques hypothèses de base tel que tous les individus ont la même probabilité d'être infecté et l'infection se transmettre par un contact physique, l'individu contaminé devient infectieux après une unité de temps et l'individu infecté guéri après une unité de temps avec une immunité définitive.

Posons :

- S_n : Le nombre d'individus susceptibles à l'instant n .
- I_n : Le nombre d'individus infecté à l'instant n .
- R_n : Le nombre d'individus guéris à l'instant n .

Pour chaque instant on calcul le nombre d'individus infectieux de l'étape $n + 1$ en fonction du nombre d'individus infectieux à l'instant n . Un individu infectieux à l'étape $n + 1$ est donc un susceptible de l'instant n qui a rencontré un infectieux à l'instant n . Soit p la probabilité qu'un susceptible rencontre un individu infectieux, la probabilité pour un susceptible de ne pas rencontrer les I_n infectieux est donc le produit :

$$\overbrace{(1-p)(1-p)\cdots(1-p)}^{I_n \text{ facteurs}} = (1-p)^{I_n}.$$

La probabilité qu'un susceptible soit contaminé par un infectieux à l'instant n , et donc de devenir infectieux à l'instant $n + 1$ est $1 - (1-p)^{I_n}$. En multipliant cette proportion par le nombre des

individus susceptibles à l'instant n , on obtient la proportion des nouveaux infectés I_{n+1} :

$$(1 - (1 - p)^{I_n}) S_n.$$

Ainsi le nouveau nombre des susceptibles est égal au nombre des susceptibles à l'instant n moins le nouveau nombre des individus infectés. On obtient donc le système suivant représentant le nombre des cas à chaque instant :

$$\begin{cases} S_{n+1} = S_n - (1 - (1 - p)^{I_n}) S_n = (1 - p)^{I_n} S_n, \\ I_{n+1} = (1 - (1 - p)^{I_n}) S_n, \\ R_{n+1} = R_n + I_n. \end{cases}$$

Modèle SI Stochastique

S représente les susceptibles et I les infectieux, β le taux de contact entre les susceptibles et les infectieux et $P_S(t)$ la probabilité d'avoir S susceptibles à l'instant t . Le nombre de nouveau cas est proportionnel au nombre de contacts entre les individus susceptibles et ceux qui sont infectieux. La population totale est N , et on a donc : $I = N - S$. On introduit un individu contagieux dans la population, et la taille totale devient $N + 1$.

L'événement "avoir S susceptibles à l'instant $t + dt$ " peut se produire de deux façons : Soit qu'il y'a $S + 1$ personnes susceptibles à l'instant $t + dt$, ou bien qu'il y'a juste S personnes susceptibles en même instant [5]. Donc la probabilité $P_S(t)$ d'avoir S personnes susceptibles à l'instant $t + dt$ est donnée par :

$$P_{S(t+dt)} = (P_{(S+1)(t+dt)}\beta(S+1)(N-S) + P_{S(t+dt)}(1 - \beta(S+1)(N-S))) dt \quad (2.26)$$

2.6 Conclusion

Dans ce chapitre nous avons donné quelques notions sur la modélisation mathématique en épidémiologie. Nous avons aussi présenté quelques modèles mathématique de la propagation des épidémies.

Chapitre 3

Modélisation mathématique du Covid-19

3.1 Introduction

La maladie du coronavirus 2019 (COVID-19) est une maladie provoquée par un virus de la famille des coronavirus 2, le SARS-CoV-2. Cette maladie infectieuse est une zoonose, dont l'origine est encore débattue, qui a émergé en décembre 2019 dans la ville de Wuhan, dans la province du Hubei en Chine. Elle s'est rapidement propagée, d'abord dans toute la Chine, puis à l'étranger provoquant une épidémie mondiale. Depuis lors, c'est devenu une pandémie déclarée par l'organisation Mondiale de la Santé (OMS) le 11 mars 2020.

Dans ce chapitre, nous abordons l'épidémie du COVID-19 et nous donnons quelques modèles épidémiologiques utilisés pour étudier la dynamique de la transmission de cette épidémie. Par la suite, nous appliquons un des modèles les plus connus sur les données algériennes afin de prédire la propagation du covid-19 en Algérie.

3.2 Qu'est-ce que le COVID-19 ?

Le Covid-19 est une maladie respiratoire pouvant être mortelle chez les patients fragilisés par l'âge ou une autre maladie chronique. Elle se transmet par contact rapproché avec des personnes infectées. La maladie pourrait aussi être transmise par des patients asymptomatiques.

3.2.1 Les symptômes principaux de la maladie

sont la fièvre, la fatigue et une toux sèche. Certains patients ont aussi présenté des douleurs, une congestion et un écoulement nasal, des maux de gorge et une diarrhée. Ces symptômes sont généralement bénins. Mais environ une personne sur six présente des symptômes plus sévères, notamment la dyspnée. La pneumonie est la complication la plus fréquente du Covid-19. Il existe aussi des cas où les patients n'ont aucun symptôme apparent malgré la détection du virus.

3.2.2 Comment il se transmet

On considère que le virus se transmet principalement entre des personnes proches l'une de l'autre (moins de 2 mètres) via des gouttelettes respiratoires qui sont expulsées lorsqu'une personne infectée tousse, éternue ou parle. Ces gouttelettes peuvent pénétrer dans la bouche ou le nez des personnes alentour.

3.2.3 Personnes à risque élevé de maladie grave due au COVID-19

Une maladie chronique des poumons, des troubles cardiaques graves, Un système immunitaire affaibli, l'obésité sévère, diabète, une maladie rénale chronique, en particulier avec des dialyses et la maladie du foie.

3.2.4 Les actions appliquées pour empêcher la propagation du COVID-19

- Portez un couvre-visage ou un masque sur la bouche et le nez quand dehors.
- Ne pas assister à un rassemblement ou des événements publics.
- Nettoyer fréquemment les surfaces à la maison, au travail ou en transport.
- évitez les contacts rapprochés avec des malades.
- Lavez-vous souvent les mains à l'eau savonneuse pendant au moins 20 secondes.
- Ne vous touchez pas les yeux, le nez et la bouche avec des mains non lavées.

3.3 Modèles mathématiques appliqués au COVID-19

1. Ebraheem [5] est développé un modèle *SIR* pour montrer l'effet de l'incorporation de deux périodes la période d'incubation τ_1 et la période de guérison τ_2 de Covid-19 on obtient le système :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta S(t - \tau_1)I(t - \tau_1), \\ \frac{dI}{dt} = \beta S(t - \tau_1)I(t - \tau_1) - \gamma I(t - \tau_2) - \alpha I(t), \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I(t - \tau_2). \end{cases} \quad (3.1)$$

2. Yafia un mathématicien professeur a l'université Kenitra de maroc a présenté un modèle mathématique *SIR* pour étudier la dynamique de la propagation du COVID-19. Le système d'équations différentielles représentant le modèle est donné comme suit :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \Lambda - \beta S(1 - \alpha)I - \alpha S, \\ \frac{dI}{dt} = \beta IS(1 - \alpha)(1 - \delta) - \gamma I - \delta I, \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I + \alpha S + \delta I. \end{cases} \quad (3.2)$$

où Λ est le taux de naissance, α et δ sont respectivement le taux de confinement et d'isolation, β est le taux de transmission et γ désigne le taux de guérison. Dans ce travail l'auteur a pu déterminer le rôle du confinement des individus sains et l'isolement des personnes infectieux, en fonction du nombre de reproduction de base r_0 . Le modèle décrit précédemment a été utilisé pour effectuer des prévisions de la propagation du COVID-19 [6].

3. Le modèle *SEIR*[6] :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \Lambda - \mu S - \beta SI, \\ \frac{dE}{dt} = \beta SI - (\mu + \sigma) E, \\ \frac{dI}{dt} = \sigma E - (\mu + \gamma) I, \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R. \end{cases} \quad (3.3)$$

On apporte deux modifications sur le modèle *SEIR*, la première modification est illustrée dans le système (3.3), concerne la nature spécifique du COVID-19 et le fait que les personnes infectées

peuvent être contagieux avant de présenter des symptômes pendant la période d'incubation. Par conséquent, il est possible que les personnes susceptibles auraient été en contact avec les individus des catégories exposés et infectés. Ici, les chercheurs vont modéliser les deux chemins de S à E en utilisant deux valeurs de β , disons β_1 et β_2 . Ils supposèrent que $\beta_2 = \frac{\beta_1}{2}$ où l'effet de contacts avec des individus infectés est la moitié de l'effet de contacts avec des individus exposés. Le modèle modifié maintenant devient :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \Lambda - \mu S - \beta_1 SI - \beta_2 SE, \\ \frac{dE}{dt} = \beta_1 SI - (\mu + \sigma) E + \beta_2 SE, \\ \frac{dI}{dt} = \sigma E - (\mu + \gamma) I, \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R. \end{cases} \quad (3.4)$$

La deuxième modification elle concerne l'influence de deux paramètres importants facteurs sociologiques : comportement social et politique gouvernementale tel que :

- α : est la force de l'action du gouvernement.
- k : est la force de la réponse du public.
- D : est une nouvelle variable d'état qui représente la dynamique de comportement social.
- d : est la force de perception du risque par le public.
- $\frac{1}{\lambda}$: est la période moyenne de réponse du public.

On définit une fonction d'infection Γ comme suit :

$$\Gamma = (1 - \alpha)[\beta_1 SI(1 - D)^k + \beta_2 SE],$$

le modèle modifié devient :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \Lambda - \mu S - \Gamma, \\ \frac{dE}{dt} = \Gamma - (\mu + \sigma) E, \\ \frac{dI}{dt} = \sigma E - (\mu + \gamma) I, \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R, \\ \frac{dD}{dt} = d - \lambda D. \end{cases} \quad (3.5)$$

4. Le modèle SAIR [7]

Dans cette section, nous introduisons un modèle de transmission SAIR pour étudier le comportement dynamique de l'épidémie de pandémie COVID-19 par rapport à différents valeurs des paramètres, Pour décrire la progression de la dynamique de transmission du COVID-19 dans la population.

nous divisons la population $N(t)$ en cinq sous-classes à savoir :

$S(t)$: les personnes Susceptibles.

$A(t)$: les personnes asymptomatiques.

$Iu(t)$: les personnes infectée non détectée - les personnes dont nous ne savons pas qu'elles sont infectées.

$Ir(t)$: les personnes infectées détectées - les personnes dont on sait qu'elles sont infectées.

$R(t)$: les personnes récupérées.

tel que :

$$N(t) = S(t) + A(t) + Iu(t) + Ir(t) + R(t)$$

le modèle mathématique est représenté par les équations différentielles suivantes :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \Delta - \frac{\beta(v_1 Iu + v_2 Ir)}{N} S - \mu S \\ \frac{dA}{dt} = \frac{\beta(v_1 Iu + v_2 Ir)}{N} S - (\sigma + \mu) A \\ \frac{dIu}{dt} = \sigma(1 - \rho) A - (\mu + d_1 + \gamma_{Iu}) Iu \\ \frac{dIr}{dt} = \sigma \rho A - (\mu + d_2 + \gamma_{Ir}) Ir \\ \frac{dR}{dt} = \gamma_{Ir} Ir + \gamma_{Iu} Iu - \mu R \\ \frac{dD}{dt} = d_2 Ir + d_1 Iu \end{cases} \quad (3.6)$$

De plus, les conditions initiales suivantes sont prises en considération :

$$S(0) = S_0 \geq 0, A(0) = A_0 \geq 0, Iu(0) = Iu_0 \geq 0, Ir(0) = Ir_0 \geq 0, R(0) = R_0 \geq 0.$$

Dans ce modèle, nous constatons un afflux net de personnes sensibles dans la région à un taux d'à unité de temps. Cependant, les personnes sensibles diminuent après l'infection, en raison de l'interaction entre des personnes sensibles et des personnes infectées non détectées (Iu) ou des personnes infectées détectées (Ir). Une personne sensible nouvellement infectée du compartiment S devient asymptomatique (A) avec taux de contact $\frac{\beta(v_1 Iu + v_2 Ir)}{N}$ où v_1 et v_2 sont les taux de la transmission. Une fois cela fait, les personnes asymptomatiques progressent à travers les maladies infectieuses détectées et non détectées. Des compartiments infectieux avec un moyen σ , où une fraction ρ ($0 \leq \rho \leq 1$) des personnes asymptomatiques se déplacent vers un compartiment infectieux détectés (Ir), tandis qu'une fraction $(1 - \rho)$ des personnes asymptomatiques se déplacent vers le compartiment infectieux non détectés (Iu). Les paramètres d_1 et d_2 sont le taux de mortalité causée par la maladie pour le compartiment (Iu) et (Ir) respectivement. A Noter que la présence du virus a causé la mort d_1 en compartiment (Iu) Et parce qu'en Algérie, tous les morts sont testés COVID-19. Ainsi, même l'infecté non détecté peut savoir qu'il est mort du virus. Enfin μ est la mort naturelle dans tous les compartiments.

Enfin, les personnes infectieuses non détectées (Iu) et détectées (Ir) progressent vers le compartiment de récupération (R) à des taux γ_{Iu} et γ_{Ir} respectivement. On remarque à nouveau que la progression de la maladie d'une personne infectieuse non détectée au compartiment de récupération est due à une personne qui développe une auto-immunité pour le virus. La dernière équation du modèle indique le nombre total de décès dus au COVID-19. Pour simplifier, nous notons :

$$\lambda = \frac{\beta(v_1 Iu + v_2 Ir)}{N}$$

$$k_1 = (\sigma + \mu)$$

$$k_2 = (\mu + d_1 + \gamma_{Iu})$$

$$k_3 = (\mu + d_2 + \gamma_{Ir})$$

on obtient :

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \Delta - \lambda S - \mu S \\ \frac{dA}{dt} = \lambda S - k_1 A \\ \frac{dIu}{dt} = \sigma(1 - \rho) A - k_2 Iu \\ \frac{dIr}{dt} = \sigma \rho A - k_3 Ir \\ \frac{dR}{dt} = \gamma_{Ir} Ir + \gamma_{Iu} Iu - \mu R \end{cases} \quad (3.7)$$

3.4 Le COVID-19 en Algérie

En Algérie, la maladie coronavirus se propage à partir du 25 février 2020 lorsqu'un ressortissant italien est testé positif au SARS-CoV-2. À partir du 1^{er} mars 2020, un foyer de contagion se forme dans la wilaya de Blida, seize membres d'une même famille ont été contaminés par le coronavirus lors d'une fête de mariage à la suite de contacts avec des ressortissants algériens en France. Progressivement, l'épidémie se propage pour toucher toutes les wilayas algériennes. D'autres cas de Covid-19 sont ensuite détectés. Dans ce pays de 44 millions d'habitants il y a eu,

au 7 août 2021 selon les chiffres officiels, un total de 180 350 malades, et un total de 4 510 décès ; mais ces chiffres sont largement sous-estimés selon les experts[12] .

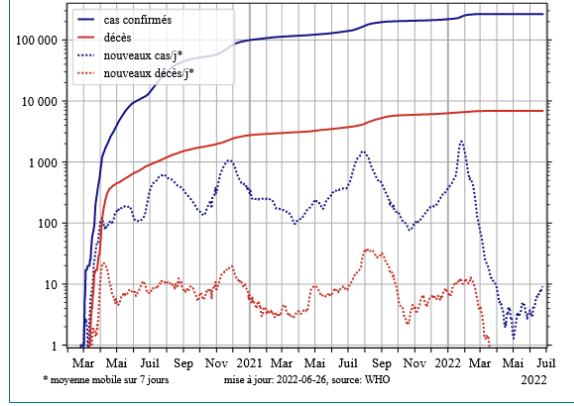


FIGURE 3.1 – COVID-19 en Algérie.

3.5 Application du modèle SIR sur les données algérienne

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

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

où β et γ correspondent au taux de transmission et de guérison respectivement.

Sachant que la taille de la population totale ($N = S + I + R$) est indépendant du temps. La population de l'Algérie est estimée à 45431667 habitants selon les rapports des Nations Unies (Worldmeter 2022) qui est la valeur N pour la modélisation SIR .

Initialement, en l'absence d'infection, nous avons $I + R = 0$ et $S \simeq N$. Nous obtenons l'équation suivante à partir de deuxième équation du système (3.6) :

$$\frac{dI}{dt} \simeq I(\beta - \gamma). \quad (3.9)$$

l'intégration de l'équation (3.7), donne l'équation

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

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

$$\beta - \gamma = C. \quad (3.10)$$

3.5.1 Estimation de β et γ

A partir de la troisième équation du système (3.6) et pour I constante $I(t) = I_0$, on obtient l'équation :

$$\frac{dR(t)}{dt} = \gamma I_0, \quad (3.11)$$

par l'intégration de l'équation (3.9), on trouve,

$$R(t) = \gamma t I_0. \quad (3.12)$$

Supposons que le temps de guérison est $t = T$ jours et $R(T) = I_0$, par substitution dans l'équation (3.10), on trouve,

$$\gamma \simeq \frac{1}{T}. \quad (3.13)$$

Supposons maintenant que le temps change et posons $dt = \alpha$, par substitution dans la troisième équation du système (3.6), on trouve,

$$\frac{R(t + \alpha)}{\alpha} = \gamma I(t), \quad (3.14)$$

d'où

$$\gamma = \frac{R(t + 1) - R(t)}{I(t)}. \quad (3.15)$$

3.5.2 Estimation de r_0

Le nombre de reproduction de base r_0 est défini comme le nombre moyen de personnes infectées par une personne. Mathématiquement, il représente le rapport de transmission sur le taux de guérison,

$$r_0 = \frac{\beta}{\gamma}. \quad (3.16)$$

3.5.3 Simulation

L'objectif de notre étude, est de prédire l'évolution temporelle de la pandémie Covid-19 en Algérie à partir du mois de Janvier 2021, en se basant sur des données qui représentent l'évolution du nombre quotidien de nouveaux cas confirmés et nouveaux décès par Covid-19 du 01 octobre 2021 au 14 janvier 2022 en Algérie. La figure (3.2), représente l'évolution du nombre quotidien de nouveaux cas confirmés, nouveaux cas guéris et des nouveaux décès dans la période allant du 1 octobre 2021 au 14 janvier 2022 en Algérie.

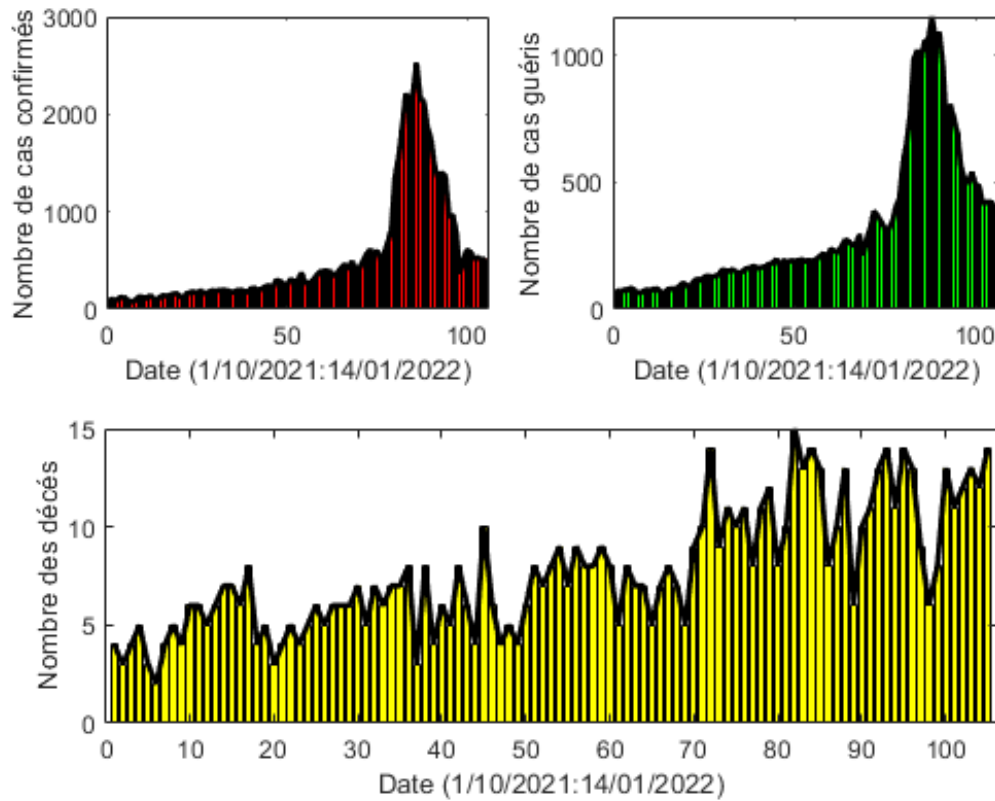


FIGURE 3.2 – Évolution de l'épidémie COVID-19 du 1 octobre 2021 au 14 janvier 2022 en Algérie.

La figure (3.3), donne l'évolution du nombre total quotidien de cas confirmés, cas guéris et décès par COVID-19 dans la période allant du 1 octobre 2021 au 14 janvier 2022 en Algérie.

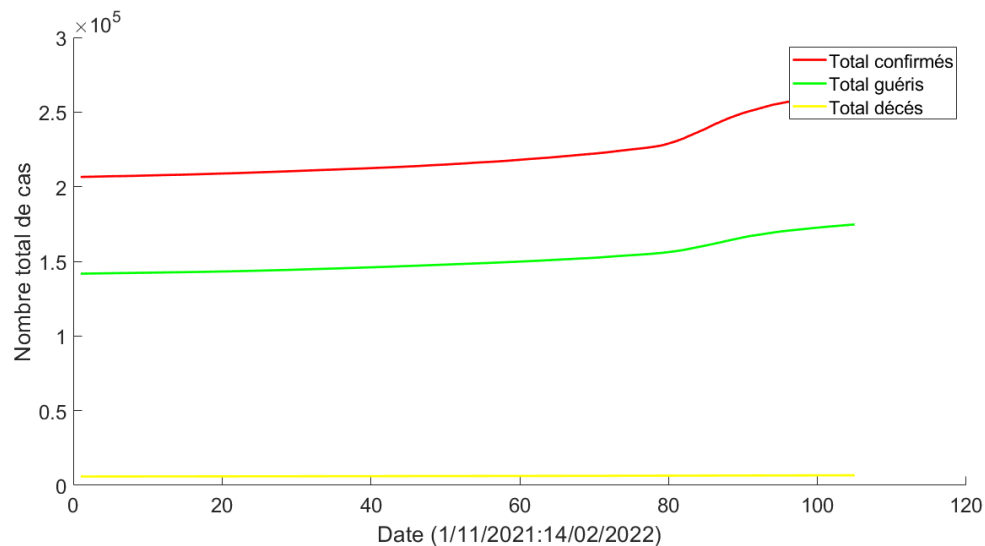


FIGURE 3.3 – Évolution du nombre total de cas entre le 1 octobre 2021 et le 14 janvier 2022 en Algérie.

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

L'estimation des valeurs de la quantité $C = \beta - \gamma$ donnée par l'équation (3.4). L'estimation du taux de guérison γ est illustré dans la figures (3.5). Il est à noter que pour l'estimation de ce paramètre, nous avons calculé la moyenne de son évolutions quotidienne entre le 60 ème et le 80 ème jours, date qui correspond à la période allant du 30/12/2021 au 19/01/2022.

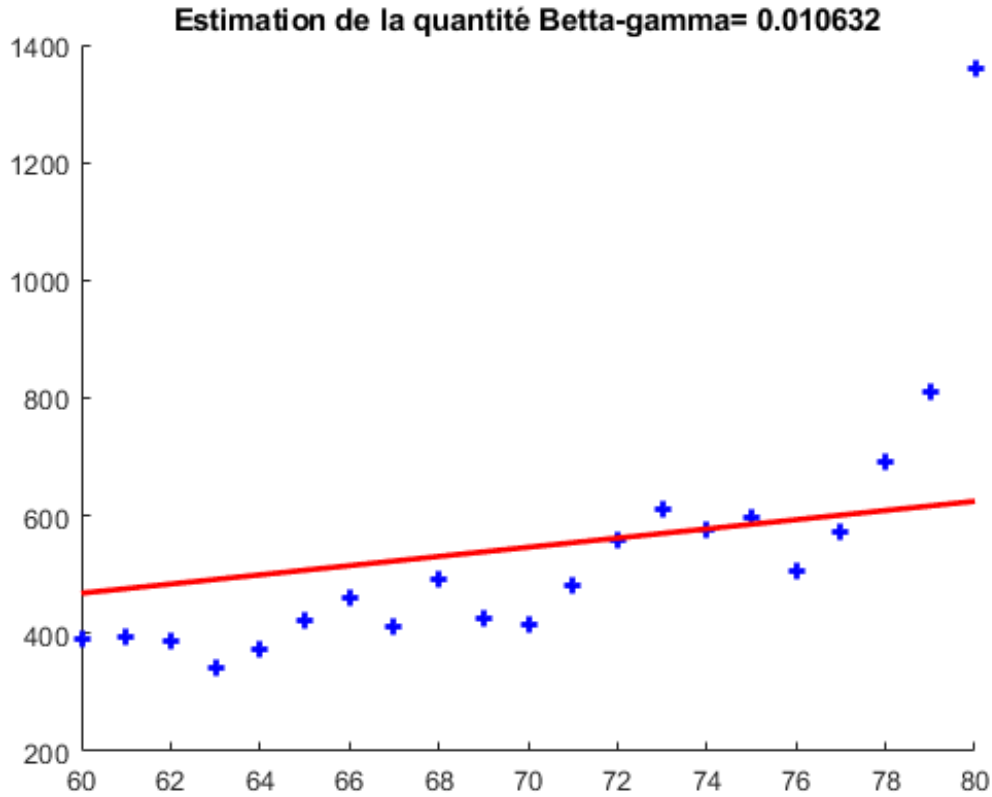


FIGURE 3.4 – Estimation de la valeur du quantité $\beta - \gamma$.

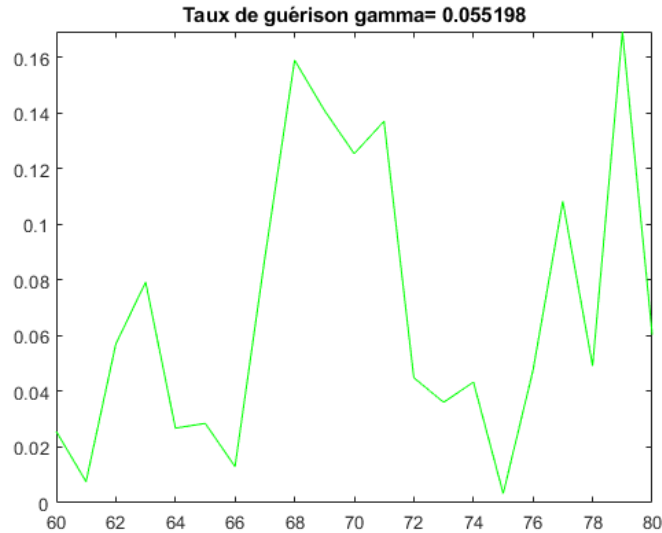


FIGURE 3.5 – Estimation du taux de guérison γ .

Pour la simulation et la mise en oeuvre pratique de notre application, nous supposons que le nombre de la population initiale est $N = 45431667$ ce qui correspond aux nombre de la population Algérienne. Nous supposons aussi que le nombres initial des indivudus infectés est $I_0 = 4504$ ce qui correspond au total de nombre des cas Covid-19 confirmés en Algérie entre le 01/12/2021 et le 15/12/2021. Il est à noter que cette période peut-être vue comme l'avant date du début de la troisième vague de Covid-19 en Algérie.

Pour un taux de guérison $\gamma = 0.055198$ et pour $C = 0.0100632$, on trouve à partir de la relation (3.7), $\beta = 0.06582990$. Le nombre de reproduction de base est donné par $r_0 = \frac{\beta}{\gamma} = 1.19261$, la simulation de l'évolution de l'épidémie par l'application du modèle *SIR* déterministe pour les 1000 prochains jours sont données dans les figure (3.6) et (3.7).

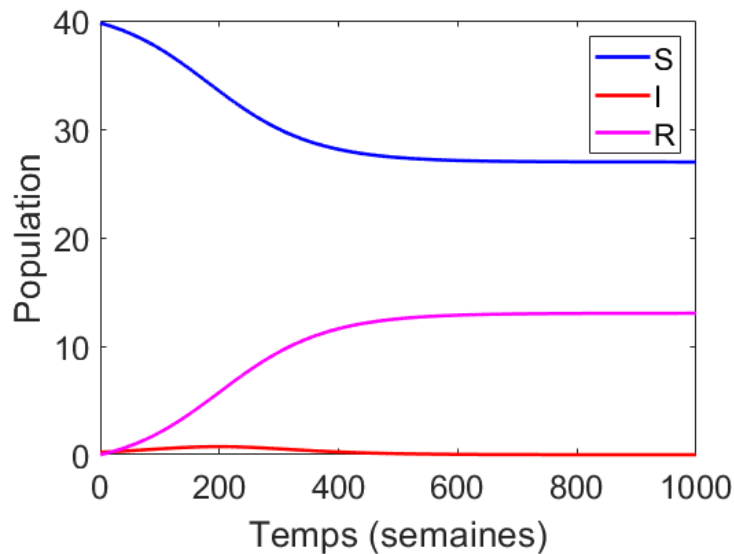


FIGURE 3.6 – Simulation du modèle *SIR* détermoniste.

Le modèle *SIR* a montré que le pic de l'épidémie peut-être atteint après une période de 209

jours à compter du début de l'épidémie. Le pic de cas infectés est de 743900 cas.

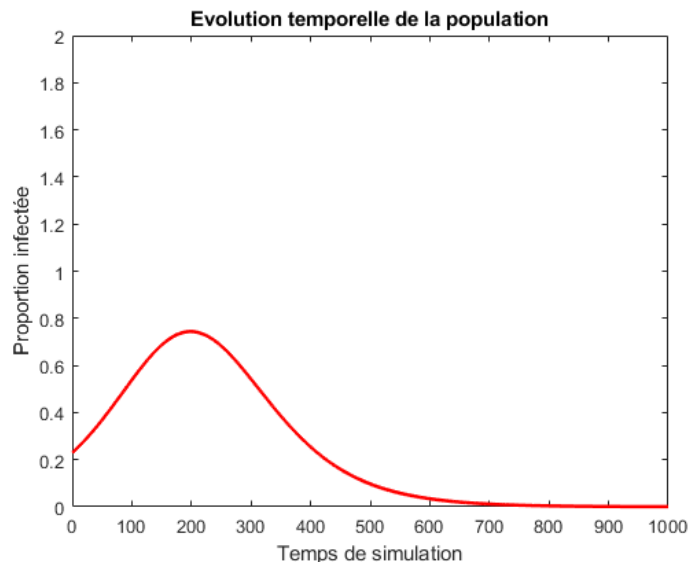


FIGURE 3.7 – Simulation du modèle *SIR*.

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

3.6 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons donné quelques définitions à propos de la pandémie de COVID-19. Par la suite, nous avons donné quelques modèles mathématiques appliqués pour la modélisation de la pandémie du COVID-19. Pour finir, nous avons appliqué le modèle *SIR* déterministe sur les données algérienne, afin de prédire le nombre de cas contaminés.

Conclusion

La modélisation mathématique est de plus en plus utilisée en épidémiologie comme un outil essentiel d'aide à la décision sanitaire. Dans ce travail nous avons donné quelques définitions sur les équations différentielles ordinaires aussi sur leurs stabilités et leurs méthodes de résolution numériques. Ensuite nous avons présenté quelques modèles mathématique utilisés dans l'épidémiologie. Finalement, nous avons abordé la pandémie COVID-19. À la lumière de cette étude, nous avons illustré l'utilité de la modélisation mathématiques et son rôle dans la prévision du comportement de la maladie dans le future.

Bibliographie

- [1] HEFFERNAN, M et SMITH, R. *Perspectives on the basic reproductive ratio*. Journal of the Royal Society Interface, 2(4) :281–293, 2005.
- [2] World Health Organization et al. *Estimating mortality from covid-19* : scientific brief, 4 august 2020. Technical report, World Health Organization, 2020.
- [3] YOUNSI, F *Mise en place d'un système d'information décisionnel pour le suivi et la prévention des épidémies*. thèse de doctorat.Université de Lyon, 2016.
- [4] Bacaër, N. *A short history of mathematical population dynamics*. Springer Science Business Media, 2011.
- [5] MEDOUAR, F.*Les mathématiques des épidémies et modélisation de la pandémie de COVID-19*. mémoire de master Science et Techniques (MST), université Sidi Mohamed Ben Abdellah, Algérie. 66 pages.
- [6] CHENNAF, B et KASSA, L.*étude de la dynamique de transmission du COVID-19 dans quelque pays : influence du confinement et de la vaccination pendant la pandémie*. mémoire de master en : Mathématique, université Abd Elhafid boussouf, Mila.90 pages.
- [7] F.SIDIYOUCFI.*Modélisation mathématique de transmission de la COVID-19*. mémoire de master en Mathématique, université Ahmed Draia, Adear. 58 pages.
- [8] Mamadou, N.*ON THE STUDY AND DEVELOPMENT OF HIGH-ORDER TIME INTEGRATION SCHEMES FOR ODES APPLIED TO ACOUSTIC AND ELECTROMAGNETIC WAVE PROPAGATION PROBLEMS*.these de doctorat en mathématique, université de pau et des pays de l'adour, Bordeaux, 2017.
- [9] A.FTAH. *modélisation et simulation de la propagation de maladies infectieuses dans une population par la théorie de la percolation par la théorie de la percolation et de la diffusion* . mémoire de magister en ELECTRONIQUE, université Abedlhamid Ibn Badis, Mostaganem, 2021. 223 pages.
- [10] FALCONET, H. *Modéliser la propagation d'une épidémie*. sous la direction d'Amandine Veber et Vincent Calvez. thèse, 2015.31pages.
- [11] LEDUC, H.*Estimation de paramètres dans des modèles d'épidémie*. memoire de master en mathématique. Université QUEBEC. 138 pages. 2016.
- [12] KETFI, A. CHABATI, O. CHEMALI, S. et al. *profile clinique, biologique et radiologique des patients algériens hospitalisées pour COVID-19 : données préliminaires*. The pan African Medical Journal, 2020, vol. 35, NO Suppl 2.
- [13] Alassane, M.*Modélisation et simulations numériques de l'épidémie du VIH-SIDA au Mali*. Diss.Lyon,INSA, 2012.
- [14] Tomé, T. Mário J. *Epidemic spreading*. Revista Brasileira de Ensino de Física 42, 2020.
- [15] GUEGAN, J. CHOISY, M. *Introduction à l'épidémiologie intégrative*. De Boeck Supérieur, 2008.

- [16] NAGA, B. *Méthodes numériques pour la résolution d'équations différentielles d'ordre non entier* mémoire de master en : Mathématique, université de LarbiBenM.hidi-OumElBouaghi. 70pages. 2021.

Résumé

Dans ce mémoire nous nous sommes intéressés à la modélisation mathématique de la propagation des maladies infectieuses. nous avons donné quelques définitions qui portent sur les équations différentielles ordinaires et comment trouver les points d'équilibres puis l'étude de leurs stabilité. Ensuite nous avons présenté quelques modèles épidémiologiques, finalement nous avons parlé de la pandémie COVID-19 en citant quelques modèles utilisés pour l'étude de transmission de cette pandémie.

Mots clés :

Modélisation, Simulation, Pandémie, COVID-19, Épidémiologie mathématique

Abstract

In this thesis we are interested in mathematical modeling of infectious diseases. we have given some definitions which relate to the ordinary differential equations and how reach the point of equilibrium then the study of their stability next, we presented some epidemiological models based on deterministic model.

Finally we talked about the COVID 19 pandemic quote models used for the study of transmission of their pandemic.

Keywords : Modiling, Simulation, Pandemic, COVID-19, Mathematical epidemiology.