
TROIS PETITS PAPIERS EN QUÊTE D'AUTEUR

Luigi PIRANDELLO (*)

(*) Insee, Direction de la méthodologie et de la coordination statistique et internationale

luigi.pirandello@insee.fr

Mots-clés : taux de contamination, Covid, récurrence, chaîne de MARKOV

Domaine concerné : modélisation, impact de la Covid

Résumé

Papier n°1 : modélisation de l'évolution d'une épidémie

La pandémie de Covid-19 a frappé le monde et la France en particulier depuis le début de l'année 2020 avec des évolutions temporelles très marquées (identification de plusieurs « vagues » de contaminations entrecoupées de périodes de régression).

Ce papier a pour but de construire deux modèles simples simulant la propagation d'une épidémie contagieuse.

Modèle déterministe

Il repose sur deux paramètres :

- le *taux de contamination* ρ entre deux instants (par exemple : jours) : un individu malade et contagieux contamine en moyenne ρ autres personnes entre deux instants consécutifs
- le *délai de guérison* k d'une personne infectée, au bout duquel elle n'est plus malade ni contagieuse (on suppose cependant qu'elle peut être recontaminée ultérieurement).

La population de référence est supposée infinie : il y a toujours des individus à contaminer. Deux individus malades différents contaminent nécessairement des individus différents.

On peut alors décrire les évolutions au cours du temps (discrétisé) des cardinaux suivants :

C_n : nombre de contaminés à l'instant n (plus précisément au cours de l'intervalle $]n-1, n]$)

M_n : nombre total de malades à l'instant n .

Si l'on suppose ρ et k constants (ce qui est peut être vrai sur une période donnée), on peut obtenir une formule générale décrivant la dépendance de ces effectifs nombres en fonction de n , partant d'une condition initiale donnée.

Inversement, la donnée d'observations relatives au nombre de malades journaliers et au nombre de *nouvelles* contaminations permettrait d'estimer ces paramètres.

On pourrait bien sûr compliquer le modèle en supposant qu'une proportion α de nouveaux contaminés meurent au bout de m jours ($m < k$).

La difficulté relative à l'utilisation de ces modèles, soit à des fins d'estimation, soit à celles de projections, est que les paramètres considérés *varient au cours du temps*, comme l'observation de la cyclicité de la pandémie et les actions destinées à la contrecarrer l'ont montré.

Modélisation stochastique

On peut modéliser l'évolution de manière stochastique à l'aide de chaînes de MARKOV, en s'inspirant du problème des lampes .

Soient n lampes.

- à l'instant 0, elles sont toutes éteintes
- à l'instant 1, elles s'allument avec une probabilité p , indépendamment les unes des autres
- une lampe allumée en t reste allumée en $t + 1, \dots, t + K - 1$ et s'éteint en $t + K$ ($K \geq 2$) .
- à un instant quelconque, les lampes non allumées peuvent s'allumer avec une probabilité p , indépendamment les unes des autres.
- on peut introduire un état de panne définitive : une lampe qui s'allume en t tombe en panne définitivement à l'instant $t + m$ avec une probabilité μ .

L'interprétation est alors la suivante :

Lampe allumée = malade atteint de la Covid.

Un malade contaminé en t reste malade jusque $t + K - 1$ et guérit à $t + K$ avec la probabilité $1 - \mu$ ou meurt à $t + m$ avec la probabilité μ .

On peut supposer que la probabilité d'être contaminé à un instant donné est proportionnelle au nombre de malades à cet instant pour caractériser la diffusion de la maladie (plus il y a de malades à un instant donné, plus la probabilité qu'apparaisse un nouveau malade est grande). Dans ce cas, la chaîne de MARKOV n'est pas stationnaire, ce qui complique l'analyse de ses propriétés.

Ces petits papiers cherchent un (co-)auteur pour mettre en application sur des données réelles les méthodes exposées, tester leur pertinence et apporter tout complément utile....

Bibliographie non exhaustive (à compléter)

Article du Monde 13 octobre 2021

Guillaume ROZIER