



HAL
open science

Sur le pic épidémique dans un modèle S-I-R

Nicolas Bacaër

► **To cite this version:**

| Nicolas Bacaër. Sur le pic épidémique dans un modèle S-I-R. 2020. hal-02518993v1

HAL Id: hal-02518993

<https://hal.science/hal-02518993v1>

Preprint submitted on 25 Mar 2020 (v1), last revised 9 Jan 2023 (v3)

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Sur le pic épidémique dans un modèle S-I-R

Nicolas Bacaër*

25 mars 2020

Résumé

On étudie le comportement asymptotique, lorsque la taille N de la population est grande, du temps T que met une épidémie modélisée par un système de type S-I-R pour atteindre son pic. On trouve que $T \sim (\log N)/(a - b)$, où a est le taux de contact effectif et b le taux auquel les personnes infectieuses cessent de l'être.

1 Le modèle S-I-R

Considérons comme dans [4, p. 75] le modèle classique pour une épidémie

$$\frac{dS}{dt} = -a\frac{SI}{N}, \quad \frac{dI}{dt} = a\frac{SI}{N} - bI, \quad \frac{dR}{dt} = bI,$$

où $S(t)$ est le nombre de personnes susceptibles d'être infectées, $I(t)$ le nombre de personnes infectées, $R(t)$ le nombre de personnes retirées de la transmission (par suite d'un confinement, d'une guérison ou d'un décès) et $N = S(t) + I(t) + R(t)$ la population totale supposée constante. Considérons les conditions initiales

$$S(0) = N - 1, \quad I(0) = 1, \quad R(0) = 0.$$

On supposera $a > b$.

Un exemple se trouve dans la figure 1. On a choisi $N = 65 \times 10^6$ (la population de la France), $a = 1/2$ par jour et $b = 1/4$ par jour. Ceci correspond à une durée moyenne d'infection $1/b$ de 4 jours et à une « reproductivité » $\mathcal{R}_0 = a/b = 2$ (le terme et la notation proviennent de [5, p. 102]). Sans prétendre être réaliste, il s'agit de valeurs du même ordre de grandeur que ce qu'on peut trouver pour le coronavirus dans le cas hypothétique où il n'y aurait aucune intervention pour réduire l'épidémie [3].

En combinant la première et la troisième équation, il est bien connu [4, p. 76] qu'on trouve une intégrale première du système différentiel :

$$\frac{1}{S} \frac{dS}{dt} = -a \frac{I}{N} = -\frac{a}{bN} \frac{dR}{dt},$$

*Institut de recherche pour le développement, Unité de modélisation mathématique et informatique des systèmes complexes, Les Cordeliers, Paris, France, nicolas.bacaer@ird.fr

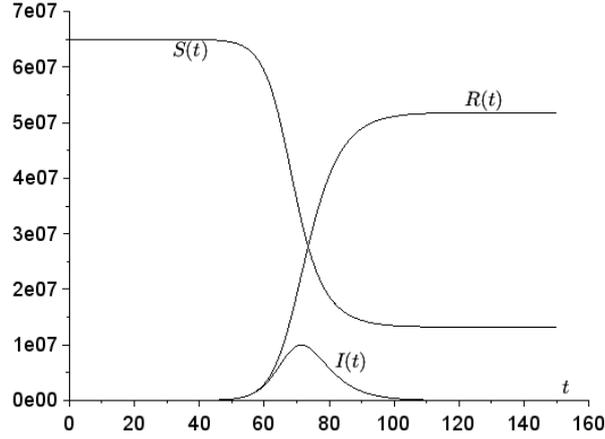


FIGURE 1 – Une simulation du modèle S-I-R.

d'où $\log[S(t)/S(0)] = -\frac{a}{bN}R(t)$. En reportant dans la première équation, on trouve

$$\frac{dS}{dt} = -a\frac{S}{N}(N - S - R) = -a\frac{S}{N}\left(N - S + \frac{bN}{a}\log[S(t)/S(0)]\right).$$

Le pic épidémique de la figure 1 correspond à $dI/dt = 0$, ce qui arrive d'après la deuxième équation quand $S(t) = Nb/a$. Notons que $S(t)$ est monotone décroissante. On en déduit que si T est l'instant du pic épidémique, c'est-à-dire si

$$I(T) = \max_{t>0} I(t),$$

alors

$$T = \int_0^T dt = \int_{S(0)}^{bN/a} \frac{dS}{-a\frac{S}{N}\left(N - S + \frac{bN}{a}\log[S/S(0)]\right)}.$$

Posons $s = S/N$. Alors

$$T = \frac{1}{a} \int_{b/a}^{1-1/N} \frac{ds}{s\left(1 - s + \frac{b}{a}\log[s/(1-1/N)]\right)}. \quad (1)$$

2 Le comportement asymptotique du pic épidémique

Cherchons une majoration de T . Pour $b/a < s < 1 - 1/N$, on remarque que

$$\frac{1}{s\left(1 - s + \frac{b}{a}\log[s/(1-1/N)]\right)} \leq \frac{1}{s\left(1 - s + \frac{b}{a}\log s\right)}.$$

Or au voisinage de $s = 1$, on a

$$\frac{1}{s(1-s + \frac{b}{a} \log s)} \sim \frac{1}{(1-s)(1-b/a)}.$$

L'intégrale $\int_{b/a}^1 \frac{ds}{1-s}$ est divergente. Lorsque $N \rightarrow +\infty$, on a donc

$$T \leq \frac{1}{a} \int_{b/a}^{1-1/N} \frac{ds}{s(1-s + \frac{b}{a} \log s)} \sim \frac{1}{a} \int_{b/a}^{1-1/N} \frac{ds}{(1-s)(1-b/a)} \sim \frac{\log N}{a-b}.$$

Cherchons maintenant une minoration de T . Pour tout $s > 0$, $\log s \leq s - 1$. On a par ailleurs $\log(1 - 1/N) \geq -2/N$ pour tout entier $N \geq 2$. On en déduit que pour tout $s \in]b/a, 1 - 1/N[$ et tout entier $N \geq 2$,

$$\begin{aligned} 1 - s + \frac{b}{a} \log[s/(1 - 1/N)] &= 1 - s + \frac{b}{a} \log s - \frac{b}{a} \log(1 - 1/N) \\ &\leq 1 - s + \frac{b}{a}(s - 1) + \frac{2b}{aN}. \end{aligned}$$

Donc

$$T \geq \frac{1}{a} \int_{b/a}^{1-1/N} \frac{ds}{s[1 - \frac{b}{a} + \frac{2b}{aN} - (1 - b/a)s]}.$$

On tombe sur une fraction rationnelle de la forme $\frac{1}{s(u-vs)}$ avec $u = 1 - \frac{b}{a} + \frac{2b}{aN}$ et $v = 1 - b/a$. Elle se décompose en éléments simples comme $\frac{1}{u}(\frac{1}{s} + \frac{v}{u-vs})$. Une primitive est donc $\frac{1}{u}[\log s - \log(u - vs)] = \frac{1}{u} \log \frac{s}{u-vs}$. Ainsi

$$\begin{aligned} T &\geq \frac{1}{a(1 - \frac{b}{a} + \frac{2b}{aN})} \log \left\{ \frac{1 - 1/N}{b/a} \frac{1 - \frac{b}{a} + \frac{2b}{aN} - (1 - b/a)b/a}{1 - \frac{b}{a} + \frac{2b}{aN} - (1 - b/a)(1 - 1/N)} \right\} \\ &= \frac{1}{a - b + 2b/N} \log \left\{ \frac{1 - 1/N}{b/a} \frac{(1 - b/a)^2 + \frac{2b}{aN}}{(1 + b/a)/N} \right\} \\ &= \frac{1}{a - b + 2b/N} \left[\log N + \log \left\{ \frac{1 - 1/N}{b/a} \frac{(1 - b/a)^2 + \frac{2b}{aN}}{(1 + b/a)} \right\} \right]. \end{aligned}$$

Le membre de droite est équivalent à $(\log N)/(a - b)$ quand $N \rightarrow +\infty$. Comme c'est le même équivalent que celui du majorant obtenu ci-dessus, on en conclut que $T \sim (\log N)/(a - b)$ quand $N \rightarrow +\infty$.

Dans l'exemple de la figure 1, on a $T \simeq 71,4$ jours tandis que $(\log N)/(a - b) \simeq 72,0$ jours. L'approximation semble assez bonne. Dans la figure 2, on fait varier la taille N de la population ainsi que le paramètre a , avec b fixé. On remarque que $(\log N)/(a - b)$ tantôt surestime, tantôt sous-estime T .

Notons que $a - b$ est le taux de croissance de l'épidémie à ses débuts puisqu'on a alors, pour N grand, $S(t) \simeq N$ et $dI/dt \simeq (a - b)I$. Ce taux peut

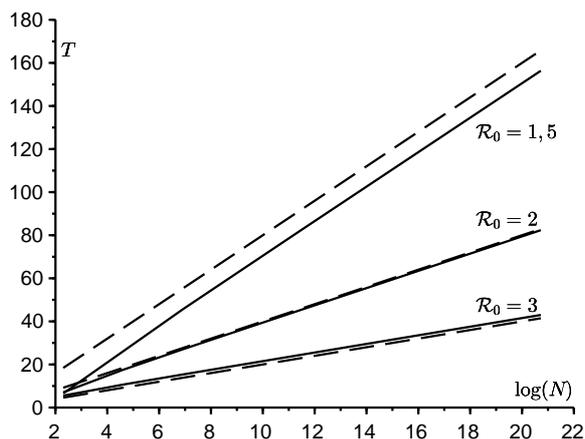


FIGURE 2 – Comparaison de la date T du pic de l'épidémie (ligne continue), calculée avec l'intégrale de la formule (1), avec l'équivalent $(\log N)/(a-b)$ (ligne en pointillé), en fonction de $\log N$, lorsque N varie de 10 à 10^8 pour trois valeurs du paramètre a telles que $\mathcal{R}_0 = a/b \in \{1,5 ; 2 ; 3\}$.

être estimé à partir des données épidémiologiques. Connaissant la population totale N , on peut donc prévoir la date du pic de l'épidémie. En pratique, l'hypothèse sous-jacente au modèle d'un mélange homogène de la population reste néanmoins douteuse à l'échelle d'un pays, un peu moins à l'échelle d'une ville.

Historiquement, Kermack et McKendrick avaient résolu de manière approchée le système S-I-R en supposant que la reproductivité \mathcal{R}_0 était proche de 1, ce qui conduit à une petite épidémie. En utilisant un développement limité du type $e^x \simeq 1 + x + x^2/2$, ils étaient parvenus à une équation de Riccati résoluble explicitement, de sorte que

$$I(t) \simeq \frac{X}{\text{ch}^2(Yt - Z)}, \quad (2)$$

où X , Y et Z s'expriment de manière particulièrement compliquée en fonction des paramètres N , a et b (voir par exemple [1]). Le pic épidémique a lieu en $T \simeq Z/Y$. Notons au passage qu'à notre connaissance l'approximation (2) n'a jamais été démontrée rigoureusement, ce pourquoi on utilise ci-dessus et ci-dessous le signe informel \simeq . Supposons maintenant en plus que $1/N$ soit petit devant $(\mathcal{R}_0 - 1)^2$. Dans ce cas,

$$Y \simeq \frac{a-b}{2}, \quad Z \simeq \frac{1}{2} \log[2N(b/a - 1)^2]$$

(voir par exemple [2]). Avec N qui tend vers l'infini, on a donc $Z \simeq \frac{\log N}{2}$ et

finale m ent $T \simeq \frac{\log N}{a-b}$. On retrouve bien le m \hat{e} me comportement asymptotique. Notre analyse bas \acute{e} e sur la formule (1) est valable cependant pour tout $\mathcal{R}_0 > 1$ et pas seulement pour \mathcal{R}_0 proche de 1.

Remerciements

On remercie Hisashi Inaba pour ses commentaires sur le texte.

R \acute{e} f \acute{e} rences

- [1] N. Baca \grave{e} r (2012) Le mod \grave{e} le de Kermack et McKendrick pour la peste \grave{a} Bombay et la reproductivit \acute{e} nette d'un type avec saisonnalit \acute{e} . *Journal of Mathematical Biology* 64 (2012) 403-422. <https://hal.archives-ouvertes.fr/hal-01340008>
- [2] N. Baca \grave{e} r (2019) Sur la taille finale des \acute{e} pid \acute{e} mies dans un environnement p \acute{e} riodique. *Comptes Rendus Biologies* 342 (2019) 119-123. <https://doi.org/10.1016/j.crvi.2019.07.001>
- [3] N. Baca \grave{e} r (2020) Un mod \grave{e} le math \acute{e} matique de l' \acute{e} pid \acute{e} mie de coronavirus en France. <https://hal.archives-ouvertes.fr/hal-02509142>
- [4] A. Hillion (1986) *Les Th \acute{e} ories math \acute{e} matiques des populations*. Presses Universitaires de France, Paris.
- [5] Lotka A.J. (1939) *Th \acute{e} orie analytique des associations biologiques*, 2 $^{\circ}$ partie. Hermann, Paris.