

Mémoire de Master de Mathématiques Fondamentales opéré au sein
de l'université de Cergy-Pontoise

Modèles mathématiques en épidémiologie et démographie

Alexis Auvray

sous la direction de

Élisabeth Logak

2013

Table des matières

Introduction	5
1 Mathématiques pour l'épidémiologie	6
1.1 Approche probabiliste	6
1.1.1 Croissance initiale	6
1.1.2 Utilisation des probabilités en épidémiologie	6
1.1.3 Exemple	9
1.2 Approche déterministe	11
1.2.1 L'équation de taille finale	11
1.2.2 Taille finale d'une épidémie dans une population fermée	12
1.2.3 Taille finale d'une épidémie sur plusieurs générations	13
1.3 Conclusion	18
2 Modèle démographique avec âge continu	19
2.1 Existence et unicité	19
2.2 Comportement asymptotique	24
2.3 Conclusion	25
Bibliographie	26

Introduction

Ce mémoire se décompose en deux parties : une première sur les modèles épidémiologiques et la seconde sur une étude qualitative des modèles de dynamiques des populations.

La première partie se déroule dans le cadre d'un modèle épidémiologique particulier : le modèle *SIR*. Celui-ci divise la population en plusieurs compartiments au cours d'une épidémie ; *S* : individus susceptibles de contracter la maladie (on parlera par la suite de susceptibles), *I* : individus infectés, *R* : individus ayant succombé à la maladie ou s'y étant immunisée.

Dans cette approche la quantité seuil R_0 aura une importance particulière, il s'agit du nombre moyen de seconds cas produits lorsqu'un seul individu infecté est introduit dans une population de susceptibles. On parle de seuil car dans beaucoup de modèles, on considère qu'une infection ne devient une épidémie que si $R_0 > 1$.

Les interactions entre les différents compartiments *SIR* seront étudiées, dans un premier temps de façon probabiliste puis dans un second de façon déterministe – à l'aide d'équations différentielles et de suites. L'approche probabiliste se concentre sur la probabilité que l'infection disparaisse ou non et notamment à quelles conditions sur la quantité seuil R_0 . Un exemple est alors donné à l'aide de la loi de Poisson pour modéliser les probabilités de contacts entre deux individus amenant à une contamination. L'approche déterministe a pour objectif d'obtenir ce que l'on nomme *équation de taille finale*, laquelle donne la fraction de la population ayant été infectée au cours de l'épidémie, et ce, dans divers cas : population fermée / ouverte, maladie létale / non létale...

Une remarque intéressante est que ce modèle n'est pas seulement applicable à l'épidémiologie mais à la transmission d'informations en général telles que des rumeurs ou des savoirs. Le lecteur est donc invité à aussi interpréter les résultats et raisonnements sous cette approche.

La seconde partie traite d'un modèle d'évolution de la densité d'une population en fonction de l'âge et du temps. Ce modèle est basé sur une équation aux dérivées partielles de type transport ; l'existence et l'unicité de la solution est démontrée grâce à la méthode des caractéristiques puis le comportement asymptotique de la solution est étudié.

Chapitre 1

Mathématiques pour l'épidémiologie

1.1 Approche probabiliste

1.1.1 Croissance initiale

Durant la phase initiale d'une épidémie, il y a très peu d'individus infectés parmi une multitude d'individus susceptibles de l'être. On peut donc supposer que tous les contacts d'un infecté se font avec des susceptibles lors de cette phase. Si on considère qu'il y a un temps d'incubation T_1 et que après un temps T_2 l'individu est soit guéri et immunisé, soit mort, alors la probabilité qu'un contact conduise à une transmission au temps t est :

$$\begin{cases} 0 & \text{si } t < T_1, \\ p & \text{si } T_1 \leq t \leq T_2, \\ 0 & \text{si } t > T_2. \end{cases}$$

Définition 1.1. On définit le **nombre de reproduction de base** R_0 comme étant le nombre moyen d'individus qu'une personne infectieuse pourra infecter tant qu'elle sera contagieuse.

Proposition 1.1. On note c la fréquence des contacts d'un infecté avec des susceptibles par unité de temps, p_t la probabilité de transmission de la maladie lors d'un contact. On a

$$R_0 = p_t c (T_2 - T_1). \quad (1.1)$$

1.1.2 Utilisation des probabilités en épidémiologie

On note q_k la probabilité qu'un individu infecte k susceptibles ; on a par conséquent $\sum_{k=0}^{+\infty} q_k = 1$.

Comme R_0 est l'espérance du nombre de seconds cas on en déduit la proposition suivante.

Proposition 1.2. On a

$$R_0 = \sum_{k=0}^{+\infty} k q_k. \quad (1.2)$$

Définition 1.2. On définit g la fonction génératrice sur $[0, 1]$ par :

$$g(z) = \sum_{k=0}^{+\infty} q_k z^k. \quad (1.3)$$

Lemme 1.1. La fonction g vérifie les propriétés suivantes :

1. $g(0) = q_0$;
2. $g(1) = 1$;
3. $g'(1) = R_0$;
4. $\forall z \in [0; 1], g'(z) > 0$;
5. $\forall z \in [0; 1], g''(z) > 0$.

Démonstration. Par (1.3), 1. et 2. sont évidents. Pour 3. et 4., il suffit de remarquer que g est définie par une série entière, comme pour tout $k \in \mathbb{N}$ on a $q_k \in [0, 1]$, le rayon de convergence de la série est plus grand que 1. On peut donc dériver terme à terme sur le disque de convergence :

$$\forall z \in [0, 1], \quad g'(z) = \sum_{k=1}^{\infty} k q_k z^{k-1}.$$

3. et 4. sont les conséquences directes de cette formule, en réitérant le procédé ci-dessus on obtient 5.. □

On suppose maintenant $q_0 > 0$, i.e. qu'il est possible qu'un individu n'engendre aucun second cas ; il s'agit aussi de la probabilité que l'infection disparaisse après une génération de malades.

Définition 1.3. On définit alors z_n la probabilité que l'infection disparaisse après au plus n générations de malades.

Remarque : on a $z_1 = q_0$. En effet, la probabilité que la maladie s'éteigne dès la première génération correspond à celle que le premier malade n'infecte personne.

Supposons qu'à la première génération il y est k individus infectés, la probabilité qu'une des lignes de transmission issue de ces k individus disparaisse en au plus $n - 1$ générations est z_{n-1} . Par indépendance, la probabilité que toutes les lignes de transmission s'éteignent est $(z_{n-1})^k$; si on note I_k le nombre d'infectés à la k -ième génération avec $I_0 = 1$ (I_0 pouvant symboliser le patient zéro ou la génération zéro), alors on a

$$\mathbb{P}(I_n = 0 | I_1 = k) = (z_{n-1})^k.$$

On remarquera que $I_0 = 1$ implique que $\mathbb{P}(I_1 = k) = q_k$; en effet, q_k est la probabilité qu'un individu en infecte k autres, s'il y a un infecté à la génération zéro, la probabilité qu'il en ait k à la une est donc q_k . La formule des probabilités totales nous donne alors :

$$\begin{aligned} z_n &= \sum_{k=0}^{+\infty} \mathbb{P}(I_n = 0 | I_1 = k) \mathbb{P}(I_1 = k) \\ &= \sum_{k=0}^{+\infty} (z_{n-1})^k q_k \\ &= g(z_{n-1}). \end{aligned}$$

On vient donc de démontrer la relation de récurrence :

$$z_n = g(z_{n-1}). \quad (1.4)$$

D'après le lemme (1.1) 4., g est croissante, par conséquent (z_n) est monotone et comme il s'agit d'une probabilité on en déduit qu'il existe $z_\infty \in [0; 1]$ tel que :

$$z_\infty = \lim_{n \rightarrow +\infty} z_n.$$

Remarque : par définition z_∞ est la probabilité que l'infection disparaisse.

Lemme 1.2. z_∞ est la plus petite racine de l'équation

$$g(z) = z \quad (1.5)$$

dans $[0; 1]$.

Démonstration. Le fait que z_∞ soit une racine de (1.5) est la conséquence de la continuité de g et de (1.4).

Soit z^* une racine de (1.5) dans $[0; 1]$, alors comme g est croissante, on a par le lemme 1.1 1. : $z^* \geq q_0 = z_1$. Par récurrence sur n on obtient que $z^* \geq g(z_{n-1}) = z_n$, et donc, en passant à la limite $z^* \geq z_\infty$. \square

Proposition 1.3. Si $R_0 \leq 1$ alors $z_\infty = 1$, sinon $0 < z_\infty < 1$.

Démonstration. On pose $f(z) = z - g(z)$. Comme $f''(z) = -g''(z) < 0$, f est donc concave et n'a pas plus de deux zéros (sinon f'' en posséderait au moins un). De plus par les lemmes 1.1 2. et 1.2, on obtient que z_∞ et 1 sont deux zéros de f .

$R_0 < 1$: d'après le lemme 1.1 on a que $g'(1) = R_0 < 1$ par 3., et, que g' est croissante par 5. ; donc $g'(z) < g'(1) < 1$. On en déduit que $f'(z) = 1 - g'(z) > 0$ et que f croît strictement sur $[0; 1]$. Comme elle est continue, elle est donc bijective de $[0; 1]$ dans $f([0; 1])$. Par conséquent, $f(1) = 0 = f(z_\infty)$ implique $z_\infty = 1$.

$R_0 = 1$: on a alors $f'(1) = 1 - g'(1) = 1 - R_0 = 0$ d'après le lemme 1.1 3.. Comme f' est strictement décroissante, on en déduit que $f'(z) > 0$ sur $[0; 1[$, nulle en 1. f est alors strictement croissante sur $[0; 1]$, donc injective et – puisque 1 et z_∞ sont zéros de f – on en déduit que $z_\infty = 1$.

$R_0 > 1$: cela implique que $f'(1) = 1 - R_0 < 0$. Puisque f' est décroissante et continue, elle sera strictement négative dans un voisinage 1. Ainsi f sera aussi strictement décroissante dans ce voisinage de 1. Comme $f(1) = 0$, on en déduit que f est positive dans ce voisinage. En remarquant que $f(0) = -q_0 < 0$, la continuité de f nous donne l'existence d'un zéro dans $]0; 1[$. Le lemme 1.2 implique alors que $z_\infty \in]0; 1[$.

\square

Remarque : la proposition ci-dessus traduit par le fait que si $R_0 \leq 1$, l'infection est certaine de disparaître alors que si $R_0 > 1$, celle-ci perdurera. Il en va de même pour une information qui, si elle est suffisamment transmise, ne sera jamais oubliée.

1.1.3 Exemple

Au cours d'une infection, on suppose que durant un temps t , les contacts entre infectés et susceptibles suivent une loi de Poisson de paramètre $\lambda = ct$; notons C le nombre de contacts durant un temps t alors

$$\mathbb{P}(C = k) = \frac{(ct)^k}{k!} e^{-ct}.$$

Si p_t est la probabilité d'un contact avec transmission réussie alors la variable aléatoire donnant le nombre de contacts avec transmission réussie suit encore une loi de Poisson mais de paramètre $p_t ct$. En effet, si on note N le nombre d'infectés durant un temps t , sur un total de k individus, la probabilité que m soient infectés est de

$$\mathbb{P}(N = m | C = k) = \binom{k}{m} p_t^m (1 - p_t)^{k-m}.$$

En utilisant de nouveau la formule des probabilités totales on obtient alors

$$\begin{aligned} \mathbb{P}(N = m) &= \sum_{k=m}^{+\infty} \binom{k}{m} p_t^m (1 - p_t)^{k-m} \frac{(ct)^k}{k!} e^{-ct} \\ &= \frac{p_t^m}{m!} (ct)^m e^{-ct} \sum_{k=m}^{+\infty} \frac{(1 - p_t)^{k-m}}{(k - m)!} (ct)^{k-m} \\ &= \frac{p_t^m}{m!} (ct)^m e^{-ct} \sum_{k=0}^{+\infty} \frac{[ct(1 - p_t)]^k}{k!} \\ &= \frac{p_t^m}{m!} (ct)^m e^{-ct} e^{(1-p_t)ct} \\ &= \frac{(p_t ct)^m}{m!} e^{-p_t ct}. \end{aligned}$$

N suit donc bien une loi de Poisson de paramètre $p_t ct$.

Supposons maintenant que le temps T au cours duquel l'infection peut être transmise ait une distribution exponentielle de paramètre α . Alors la probabilité qu'un individu en infecte m autres est :

$$q_m = \int_0^{+\infty} \mathbb{P}(T = t) \times \mathbb{P}(N = m) dt = \int_0^{+\infty} \alpha e^{-\alpha t} \frac{(p_t ct)^m}{m!} e^{-p_t ct} dt.$$

Et donc par (1.3),

$$\begin{aligned}
 g(z) &= \sum_{m=0}^{+\infty} q_m z^m \\
 &= \sum_{m=0}^{+\infty} z^m \int_0^{+\infty} \alpha e^{-\alpha t} \frac{(p_t c t)^m}{m!} e^{-p_t c t} dt \\
 &= \int_0^{+\infty} \alpha e^{-(\alpha+p_t c)t} \sum_{m=0}^{+\infty} \frac{(z p_t c t)^m}{m!} dt \\
 &= \int_0^{+\infty} \alpha e^{-(\alpha+p_t c)t} e^{z p_t c t} dt \\
 &= \int_0^{+\infty} \alpha e^{(p_t c(z-1)-\alpha)t} dt \\
 &= \frac{\alpha}{\alpha - p_t c(z-1)}.
 \end{aligned}$$

On remarquera que l'interversion de la somme et de l'intégrale est justifiée par le théorème de Fubini-Tonelli, l'intégrande étant positive.

Finalement pour trouver z_∞ , il suffit de résoudre $g(z) = z$, ce qui est équivalent à résoudre

$$-p_t c z^2 + (\alpha + p_t c)z - \alpha = 0.$$

On trouve deux solutions : 1 et $\frac{\alpha}{p_t c}$.

D'après le lemme 1.1 3. on a $g'(1) = R_0$. Ici

$$g'(z) = \frac{\alpha p_t c}{(\alpha - p_t c(z-1))^2},$$

donc

$$R_0 = \frac{p_t c}{\alpha}.$$

Il y a deux possibilités.

Si $p_t c > \alpha$: on a $R_0 > 1$ donc $\frac{\alpha}{p_t c} = \frac{1}{R_0} < 1$. D'après le lemme 1.2, z_∞ est la plus petite racine de $g(z) = z$, i.e.

$$z_\infty = \frac{1}{R_0}.$$

Il y a alors une possibilité que l'infection ne disparaisse pas.

Si $p_t c < \alpha$: on a $R_0 < 1$ donc $\frac{\alpha}{p_t c} = \frac{1}{R_0} > 1$. Et donc le lemme 1.2 implique

$$z_\infty = 1.$$

Autrement dit, on est sûr que l'infection disparaît.

1.2 Approche déterministe

1.2.1 L'équation de taille finale

Notons $s(t) = \frac{S'(t)}{N}$ la proportion de susceptibles dans une population de N individus.

Définition 1.4. On note $s_\infty = s(+\infty)$ la proportion finale de susceptibles ; $1 - s_\infty$ est appelée *taille finale de l'épidémie* et représente la fraction de la population qui a été infectée au cours de l'épidémie.

Proposition 1.4. s_∞ est la racine de l'équation de taille finale :

$$\ln(s_\infty) = R_0(s_\infty - 1). \quad (1.6)$$

Avant de démontrer ce résultat, nous allons énoncer une proposition similaire à la proposition 1.3, leurs preuves étant identiques, nous ne prouverons pas cette dernière.

Proposition 1.5. Si $R_0 \leq 1$, alors $s_\infty = 1$; sinon il existe un unique s_∞ tel que $0 < s_\infty < 1$.

Démonstration. Pour démontrer (1.6) nous nous plaçons sur un intervalle de temps $[T_1; T_2]$ et nous admettons deux résultats (voir [3]) :

$$i(t) = s(t)p_t c \int_{T_1}^{T_2} i(t - \tau) d\tau, \quad (1.7)$$

où $i(t) = \frac{I(t)}{N}$; et

$$i(t) = -S'(t). \quad (1.8)$$

Par ailleurs, en notant $A(\tau) = p_t \chi_{[T_1; T_2]}(\tau)$ on a grâce à (1.1)

$$R_0 = c \int_0^{+\infty} A(\tau) d\tau ; \quad (1.9)$$

il s'agit de l'infectiosité.

En utilisant (1.8) dans (1.7) et en divisant de chaque côté par N , on trouve

$$s'(t) = s(t)c \int_0^{+\infty} A(\tau)s'(t - \tau) d\tau.$$

Puis en divisant de chaque côté par $s(t)$ et en intégrant de $-\infty$ (avant l'épidémie) à $+\infty$ (après l'épidémie) on obtient

$$\begin{aligned} \ln(s(+\infty)) - \ln(s(-\infty)) &= c \int_{-\infty}^{+\infty} \int_0^{\infty} A(\tau)s'(t - \tau) d\tau dt \\ &= c \int_0^{+\infty} A(\tau) \int_{-\infty}^{+\infty} s'(t - \tau) dt d\tau \\ &= [s(+\infty) - s(-\infty)] c \int_0^{+\infty} A(\tau) d\tau \\ &= [s(+\infty) - s(-\infty)] R_0. \end{aligned}$$

Remarque : l'inversion des intégrales est ici encore justifiée par le fait que l'intégrande est positive.

Il suffit maintenant de remarquer que $s(-\infty) = 1$, en effet, avant l'épidémie la population entière est susceptible, on obtient alors (1.6). \square

1.2.2 Taille finale d'une épidémie dans une population fermée

Nous nous plaçons à présent dans le cas d'une épidémie sévissant dans un troupeau. Nous supposons que la diminution de taille du groupe (par la mort d'individus) n'entraîne pas de baisse de la fréquence des contacts. En effet, le groupe occupant moins d'espace, il est raisonnable de penser que la densité reste constante.

Notre but va maintenant être de montrer que l'équation de taille finale devient

$$n_\infty - s_\infty = p_s(1 - s_\infty), \quad (1.10)$$

où p_s est la probabilité de survivre et n_∞ la fraction finale de la population ayant survécu à l'infection.

Une seconde relation entre ces quantités est

$$n_\infty = s_\infty^{\frac{1-p_s}{R_0}}. \quad (1.11)$$

De plus en passant au logarithme dans (1.11) et en utilisant (1.10) pour substituer le n_∞ , on arrive à une troisième égalité ; celle-ci faisant écho à (1.6) :

$$\ln(s_\infty) = \frac{R_0}{1-p_s} \ln(p_s + (1-p_s)s_\infty). \quad (1.12)$$

Une démonstration analogue à celle de la partie précédente est possible (voir [3]), de même que la preuve que nous allons donner peut être adaptée à la section précédente. On admet que l'évolution de l'épidémie est donnée par le système d'équations différentielles suivant (voir [3]) :

$$\begin{cases} S' &= -\gamma \frac{SI}{N}, \\ I' &= -S' - \alpha I, \\ N' &= -(1-p_s)\alpha I, \end{cases} \quad (1.13)$$

où α est la probabilité de transmission lors d'un contact entre un infecté et un susceptible et $\gamma = R_0\alpha$.

En utilisant (1.13)_{1,3} on trouve

$$\frac{S'}{S} = -\gamma \frac{I}{N} = \frac{\gamma}{(1-p_s)\alpha} \frac{N'}{N} = \frac{R_0}{(1-p_s)} \frac{N'}{N}.$$

En intégrant de $-\infty$ à $+\infty$, on obtient

$$\ln \left(\frac{S(+\infty)}{S(-\infty)} \right) = \frac{R_0}{1-p_s} \ln \left(\frac{N(+\infty)}{N(-\infty)} \right).$$

Comme $\frac{S(+\infty)}{S(-\infty)} = s_\infty$ et $\frac{N(+\infty)}{N(-\infty)} = n_\infty$, il suffit de passer à l'exponentielle pour avoir (1.11).

En intégrant (1.13)₂ et (1.13)₃ de $-\infty$ à $+\infty$, on a

$$I(+\infty) - I(-\infty) = -S(+\infty) + S(-\infty) - \alpha \int_{-\infty}^{+\infty} I(t) dt$$

et

$$N(+\infty) - N(-\infty) = -(1 - p_s)\alpha \int_{-\infty}^{+\infty} I(t) dt.$$

En remarquant que $I(+\infty) = I(-\infty) = 0$ puisque le nombre d'infectés avant et après l'épidémie est nul (les infectés sont soit morts, soit immunisés à la fin de l'épidémie), on obtient

$$N(+\infty) - N(-\infty) = (1 - p_s)(S(+\infty) - S(-\infty)).$$

Comme avant l'épidémie tous les individus sont susceptibles on a $N(-\infty) = S(-\infty)$ et donc en divisant l'égalité par $N(-\infty)$, on trouve (1.10).

1.2.3 Taille finale d'une épidémie sur plusieurs générations

Cas d'une infection létale

Supposons S_0 le nombre initial de susceptibles et I_0 le nombre initial d'infectés de la première génération. Comme avant, A est l'infectiosité, c la fréquence de contacts, de plus en admettant que la maladie est non létale, N est constante.

Nous avons l'EDO suivante (voir [3]) :

$$\begin{cases} S'(t) = -cA(t)I_0 \frac{S(t)}{N}, \\ S(0) = S_0, \end{cases}$$

où t désigne l'âge de l'infection entre deux générations.

En divisant de chaque côté par $S(t)$ puis en intégrant on trouve

$$S(t) = S_0 \exp\left(-\frac{c}{N}I_0 \int_0^t A(\tau) d\tau\right).$$

Par définition,

$$R_0 = c \int_0^{+\infty} A(\tau) d\tau,$$

donc, en utilisant ceci, le passage à la limite nous donne

$$S(+\infty) = S_0 \exp\left(-R_0 \frac{I_0}{N}\right).$$

Par conséquent le nombre de nouveaux cas apparus dans cette génération est

$$S_0 \left(1 - e^{-R_0 \frac{I_0}{N}}\right).$$

Par récurrence immédiate on en déduit que, pour chaque génération k ,

$$\begin{cases} S_{k+1} = S_k e^{-R_0 \frac{I_k}{N}}, \\ I_{k+1} = S_k \left(1 - e^{-R_0 \frac{I_k}{N}}\right). \end{cases} \quad (1.14)$$

Lemme 1.3. *La suite de terme général $I_k + S_k - \frac{N}{R_0} \ln S_k$ est constante.*

Démonstration.

$$\begin{aligned} I_{k+1} + S_{k+1} - \frac{N}{R_0} \ln S_{k+1} &= S_k \left(1 - e^{-R_0 \frac{I_k}{N}}\right) + S_k e^{-R_0 \frac{I_k}{N}} - \frac{N}{R_0} \left(\ln S_k - \frac{R_0}{N} I_k\right) \\ &= I_k + S_k - \frac{N}{R_0} \ln S_k. \end{aligned}$$

□

On a donc la relation

$$I_k + S_k - \frac{N}{R_0} \ln S_k = I_l + S_l - \frac{N}{R_0} \ln S_l.$$

Par passage à la limite $l \rightarrow -\infty$, $k \rightarrow +\infty$; en usant du fait que $I_{+\infty} = I_{-\infty} = 0$ et $S_{-\infty} = N$,

$$S_{+\infty} - \frac{N}{R_0} \ln S_{+\infty} = N - \frac{N}{R_0} \ln N.$$

En multipliant l'égalité par $R_0 N^{-1}$, on retrouve (1.6).

Cas d'une infection létale

Passons maintenant au cadre d'une maladie létale; dans ce cas la population n'est plus constante et nous introduisons donc la suite N_k représentant son évolution de génération en génération. Considérons le système

$$\begin{cases} S'(t) = -ca(t) \frac{S(t)}{N(t)} I(t), \\ I'(t) = -d(t) I(t), \\ N'(t) = -d(t) I(t), \end{cases} \quad (1.15)$$

où a est une fonction mesurant la sortie d'agent infectieux et d est le taux de mortalité. De plus, on admet les relations suivantes :

$$\begin{aligned} p_s &= \exp\left(-\int_0^{+\infty} d(\tau) d\tau\right), \\ q &= c \frac{1 - p_s}{R_0}, \end{aligned}$$

et

$$d(t) = qa(t).$$

Remarque : Ici nous n'avons pas $N = S + I$ mais $N = S + I + R$ où R désigne le nombre de personne ayant acquis une immunité à l'infection. Sinon nous aurions eu $N' = S' + I'$, ce qui impliquait par (1.15)_{2,3} que $S' = 0$ et contredisait (1.15)₁.

En intégrant (1.15)₂ sur $[0; t]$ on obtient

$$I(t) = I_0 \exp \left(- \int_0^t d(\tau) \, d\tau \right),$$

on en déduit par passage à la limite

$$I(+\infty) = I_0 p_s.$$

De même, (1.15)₃ nous donne

$$N(t) - N_0 = - \int_0^t d(\tau) I(\tau) \, d\tau = \int_0^t I'(\tau) \, d\tau = I(t) - I_0.$$

Par passage à la limite on obtient

$$N(+\infty) - N_0 = I(+\infty) - I_0 = I_0(p_s - 1)$$

et par récurrence immédiate on en déduit que

$$N_{k+1} = N_k - I_k(1 - p_s).$$

Par (1.15)₁ on a

$$\begin{aligned} \ln \left(\frac{S(t)}{S_0} \right) &= -c \int_0^t a(\tau) \frac{I(\tau)}{N(\tau)} \, d\tau \\ &= \frac{c}{q} \int_0^t d(\tau) \frac{I(\tau)}{N(\tau)} \, d\tau \\ &= -\frac{R_0}{1 - p_s} \int_0^t \frac{N'(\tau)}{N(\tau)} \, d\tau \\ &= \frac{R_0}{1 - p_s} \ln \left(\frac{N(t)}{N_0} \right), \end{aligned}$$

d'où

$$\frac{S(t)}{S_0} = \left(\frac{N(t)}{N_0} \right)^{\frac{R_0}{1 - p_s}}.$$

Finalement

$$\frac{S(+\infty)}{S_0} = \left(\frac{N(+\infty)}{N_0} \right)^{\frac{R_0}{1 - p_s}} = \left(1 - (1 - p_s) \frac{I_0}{N_0} \right)^{\frac{R_0}{1 - p_s}}$$

et par récurrence immédiate

$$S_{k+1} = S_k \left(1 - (1 - p_s) \frac{I_k}{N_k} \right)^{\frac{R_0}{1-p_s}}.$$

Comme par définition $I_{k+1} = S_k - S_{k+1}$, nous avons donc le système de récurrence suivant :

$$\begin{cases} S_{k+1} &= S_k \left(1 - (1 - p_s) \frac{I_k}{N_k} \right)^{\frac{R_0}{1-p_s}}, \\ I_{k+1} &= S_k - S_{k+1}, \\ N_{k+1} &= N_k - I_k(1 - p_s). \end{cases} \quad (1.16)$$

En utilisant (1.16)₃ dans (1.16)₁ on trouve

$$\frac{S_{k+1}}{S_k} = \left(\frac{N_{k+1}}{N_k} \right)^{\frac{R_0}{1-p_s}},$$

d'où

$$\frac{S_{k+1}}{N_{k+1}^{\frac{R_0}{1-p_s}}} = \frac{S_k}{N_k^{\frac{R_0}{1-p_s}}}.$$

Autrement dit, la suite de terme général $\frac{S_k}{N_k^{\frac{R_0}{1-p_s}}}$ est constante donc

$$\frac{S_k}{S_0} = \left(\frac{N_k}{N_0} \right)^{\frac{R_0}{1-p_s}},$$

et par passage à la limite on trouve (1.11).

Nous introduisons à présent une nouvelle variable R_k qui symbolise le nombre d'immunisés à la k -ième génération et est définie par

$$\begin{cases} R_0 &= 0, \\ R_{k+1} &= R_k + p_s I_k. \end{cases} \quad (1.17)$$

Remarque : Attention, ici R_0 ne désigne pas la quantité seuil habituelle mais le nombre d'individus immunisés à la première génération.

Lemme 1.4. Pour tout $k \in \mathbb{N}$,

1. $N_k = S_k + I_k + R_k$,
2. $R_{k+1} = p_s(N_0 - S_k)$.

Démonstration. 1. La formule est vérifiée au rang 0 puisque $R_0 = 0$ et $N_0 = S_0 + I_0$.
Supposons qu'elle est vraie au rang k , alors en utilisant (1.16)₂ et (1.17)

$$\begin{aligned} S_{k+1} + I_{k+1} + R_{k+1} &= S_{k+1} + R_k + S_k - S_{k+1} + p_s I_k \\ &= N_k - I_k + p_s I_k \\ &= N_k - I_k(1 - p_s) \\ &= N_{k+1}. \end{aligned}$$

2. En utilisant le résultat ci-dessus dans (1.17), on a l'initialisation. Si on suppose la formule au rang k , on a par (1.16)₂

$$\begin{aligned} R_{k+2} &= R_{k+1} + p_s I_{k+1} \\ &= p_s(N_0 - S_k) + p_s I_{k+1} \\ &= p_s N_0 + p_s(I_{k+1} - S_k) \\ &= p_s(N_0 - S_{k+1}). \end{aligned}$$

□

On en déduit, en passant à la limite, que

$$N_\infty = S_\infty + I_\infty + R_\infty.$$

En utilisant le lemme ci-dessus et le fait $I_\infty = 0$, on trouve :

$$N_\infty - S_\infty = p_s(N_0 - S_\infty).$$

En divisant cette dernière égalité par N_0 , on obtient (1.10).

Remarque 1 : Si on passe à la limite $p_s \rightarrow 1$ dans le système (1.16), on retrouve le système (1.14). En effet, par (1.16)₃, on aurait que (N_k) est constante et (1.16)₁ nous donne

$$\begin{aligned} S_{k+1} &= S_k \left(1 - (1 - p_s) \frac{I_k}{N_k} \right)^{\frac{R_0}{1-p_s}} \\ &= S_k \exp \left(\frac{R_0}{1-p_s} \ln \left(1 - (1 - p_s) \frac{I_k}{N_k} \right) \right) \\ &= S_k \exp \left(\frac{R_0 I_k}{N_k} \frac{\ln \left(1 - (1 - p_s) \frac{I_k}{N_k} \right)}{-\frac{(1-p_s)I_k}{N_k}} \right) \\ &\rightarrow S_k e^{-\frac{R_0 I_k}{N_k}}. \end{aligned}$$

Remarque 2 : Il est intéressant de noter que les équations de tailles semblent se conserver au cours des générations, cependant il faut aussi noter que l'étude de ce dernier paragraphe n'est pas très réaliste. En effet, dans la nature les différentes générations sont amenées à se chevaucher alors que nous supposons ici qu'elles sont séparées.

1.3 Conclusion

L'approche probabiliste s'est concentrée sur la probabilité de disparition de la maladie après plusieurs générations de malade. Passant par l'utilisation de fonctions génératrices, elle a permis de montrer que la maladie était conduite à perdurer si le nombre de second cas moyen que produit un individu infecté R_0 est supérieur à 1 tandis qu'elle est vouée à disparaître si R_0 est inférieur à 1 ; le R_0 s'exprimant directement en fonction des probabilités de contact, de transmission et du temps d'exposition entre un individu sain et un infecté.

L'approche déterministe – non sans lien avec la probabiliste – s'est effectuée sur la base du modèle SIR et donc d'équations différentielles couplant les diverses variables S susceptible d'être infecté, I infecté et R immunisé ou mort. L'analyse de ce modèle s'est faite sur plusieurs cas (population fermée, multiples générations de malades, maladie létale) et a essentiellement consisté à déterminer *l'équation de taille finale*, laquelle donne les proportions d'individus encore présents – et notamment de susceptibles – au sein de la population à la fin de l'épidémie.

Notons que malgré la présence d'équations différentielles, l'étude comporte une part de discrétisation entre les différentes générations de malades. Il s'agit là d'une approche pouvant être pertinente sur le long terme mais moins sur le court terme sur lequel une approche purement continue (éventuellement à l'aide d'équations aux dérivées partielles) s'avérerait sûrement plus intéressante.

Chapitre 2

Modèle démographique avec âge continu

Dans cette section on étudie l'évolution de la densité de population ρ au temps t et à l'âge a . Pour cela on fera intervenir le taux de fertilité f et de mortalité d , lesquels seront des fonctions continues bornées de $\mathbb{R}^+ \times \mathbb{R}^+$ dans \mathbb{R}^+ .

L'évolution de la densité de population est donnée par l'EDP suivante (voir [6])

$$\begin{cases} \partial_a \rho(a; t) + \partial_t \rho(a; t) + d(a; t) \rho(a; t) = 0, \\ \rho(a; 0) = \phi(a), \\ \rho(0; t) = \int_0^{+\infty} f(a; t) \rho(a; t) da. \end{cases} \quad (2.1)$$

On prendra $\phi \in L^1(\mathbb{R}^+)$ positive; $\rho(\cdot; t) \in L^1(\mathbb{R}^+)$. On notera respectivement $|\cdot|_1$, $|\cdot|_2$ et $|\cdot|_T$ les normes L^1 , L^2 sur \mathbb{R}^+ et $\sup_{[0; T]}$.

Définition 2.1. On définit $P(t)$ et $B(t)$, la population totale et le taux natalité à l'instant t par :

$$P(t) = \int_0^{+\infty} \rho(a; t) da$$

et

$$B(t) = \int_0^{+\infty} f(a; t) \rho(a; t) da.$$

2.1 Existence et unicité

On remarquera qu'une condition de continuité à ρ est que $\phi(0^+) = B(0^+)$. Cherchons maintenant les solutions de (2.1) par la méthodes des caractéristiques.

$a > t$: On pose $a = t + k$, $k > 0$, on a par (2.1)₁

$$\frac{d}{dt} \rho(t + k; t) = \partial_a \rho(t + k; t) + \partial_t \rho(t + k; t) = -d(t + k; t) \rho(t + k; t),$$

d'où

$$\rho(t+k;t) = \rho(k;0) \exp\left(-\int_0^t d(s+k;s) \, ds\right).$$

Donc,

$$\begin{aligned} \rho(a;t) &= \phi(a-t) \exp\left(-\int_0^t d(s+a-t;s) \, ds\right) \\ &= \phi(a-t) \exp\left(-\int_{a-t}^a d(s;s+a-t) \, ds\right). \end{aligned}$$

$a \leq t$: On pose maintenant $t = a + k$, $k \geq 0$, de la même façon que ci-dessus on a :

$$\rho(a;a+k) = \rho(0;k) \exp\left(-\int_0^a d(s;s+k) \, ds\right).$$

D'où

$$\rho(a;t) = B(t-a) \exp\left(-\int_0^a d(s;s+t-a) \, ds\right).$$

Donc la solution du système (2.1) est donnée par :

$$\rho(a;t) = \begin{cases} \phi(a-t) \exp\left(-\int_{a-t}^a d(s;s+t-a) \, ds\right) & \text{si } a > t, \\ B(t-a) \exp\left(-\int_0^a d(s;s+t-a) \, ds\right) & \text{si } a \leq t. \end{cases} \quad (2.2)$$

En utilisant les définitions de P et de B avec (2.2) on obtient :

$$P(t) = \int_0^t B(t-a)K(a;t) \, da + \int_t^{+\infty} \phi(a-t)L(a;t) \, da, \quad (2.3)$$

$$B(t) = \int_0^t B(t-a)K(a;t) f(a;t) \, da + g(t), \quad (2.4)$$

avec

$$K(a;t) = \exp\left(-\int_0^a d(s;s+t-a) \, ds\right),$$

$$L(a;t) = \exp\left(-\int_{a-t}^a d(s;s+t-a) \, ds\right)$$

et

$$g(t) = \int_t^{+\infty} \phi(a-t)L(a;t) f(a;t) \, da.$$

L'équation (2.4) est appelée équation de renouvellement. Le théorème suivant donne une équivalence entre l'existence de solutions pour (2.1) et celles de (2.3) et (2.4).

Théorème 2.1. *Soit ρ une solution de (2.1) sur $[0;T]$ avec $T > 0$, alors P et B satisfont (2.3) et (2.4) sur $[0;T]$. Réciproquement si P et B sont des fonctions continues sur $[0;T]$ satisfaisant (2.3) et (2.4), alors ρ définie par (2.2) est solution de (2.1) sur $\mathbb{R}^+ \times [0;T]$.*

Démonstration. La première implication a déjà été démontrée. Soient maintenant P et B satisfaisant les hypothèses du théorème et soit ρ définie par (2.2). On remarquera que les hypothèses sur f , d , B et ϕ utilisées avec (2.2) implique que $\rho(\cdot; t) \in L^1(\mathbb{R}^+)$.

— En utilisant (2.2)₁ il est évident que $\rho(a; 0) = \phi(a)$, donc (2.1)₂ est vérifié.

— Grâce à (2.2)₂ et (2.4) on a :

$$\begin{aligned} \rho(0; t) &= B(t) \\ &= \int_0^t B(t-a)K(a; t)f(a; t) da + \int_t^{+\infty} \phi(t-a)L(a; t)f(a; t) da \\ &= \int_0^t \rho(a; t)\chi_{(a \leq t)}f(a; t) da + \int_t^{+\infty} \rho(a; t)\chi_{(a > t)}f(a; t) da \quad \text{par (2.2)} \\ &= \int_0^{+\infty} \rho(a; t)f(a; t) da. \end{aligned}$$

Donc (2.1)₃ est bien vérifié.

— Pour démontrer que l'on a (2.1)₁, on va calculer la différentielle de ρ :

$$D_\rho(a; t) = \lim_{h \rightarrow 0} \frac{\rho(a+h; t+h) - \rho(a; t)}{h}.$$

Si $a > t$: on a

$$\begin{aligned} \rho(a+h; t+h) - \rho(a; t) &= \phi(a-t) \left[\exp \left(- \int_{a-t}^{a+h} d(s; s+t-a) ds \right) \right. \\ &\quad \left. - \exp \left(- \int_{a-t}^a d(s; s+t-a) ds \right) \right] \\ &= \rho(a; t) \left[\exp \left(- \int_a^{a+h} d(s; s+t-a) ds \right) - 1 \right] \quad \text{par (2.2)}_1. \end{aligned}$$

D'où $D_\rho(a; t) = -d(a; t)\rho(a; t)$.

Si $a \leq t$:

$$\begin{aligned} \rho(a+h; t+h) - \rho(a; t) &= B(a-t) \left[\exp \left(- \int_0^{a+h} d(s; s+t-a) ds \right) \right. \\ &\quad \left. - \exp \left(- \int_0^a d(s; s+t-a) ds \right) \right] \\ &= \rho(a; t) \left[\exp \left(- \int_0^h d(s; s+t-a) ds \right) - 1 \right] \quad \text{par (2.2)}_2. \end{aligned}$$

Et là encore on a $D_\rho(a; t) = -d(a; t)\rho(a; t)$ donc (2.1)₁ est bien vérifié.

□

Comme $\phi \in L^1(\mathbb{R}^+)$, la seconde intégrale définissant P est finie puisque $L(a; t) \leq 1$ (car d positive) donc l'existence de P dépend de celle de B . Le théorème ci-dessus donne donc l'équivalence entre l'existence d'une solution au problème de densité de population et à l'équation de renouvellement.

Théorème 2.2. *Soit $T > 0$ arbitraire, alors (2.4) admet une unique solution sur $[0; T]$.*

Afin de prouver le théorème ci-dessus, nous aurons besoin du lemme suivant :

Lemme 2.1. *g est continue sur \mathbb{R}^+ .*

Démonstration. Soit $t_0 \geq 0$, pour des raisons pratiques on supposera $t > t_0$,

$$\begin{aligned} |g(t) - g(t_0)| &= \left| \int_t^{+\infty} \phi(a-t)L(a;t)f(a;t) da - \int_{t_0}^{+\infty} \phi(a-t_0)L(a;t_0)f(a;t_0) da \right| \\ &\leq \left| \int_{t_0}^t \phi(a-t)L(a;t)f(a;t) da \right| \\ &\quad + \left| \int_{t_0}^{+\infty} \phi(a-t)L(a;t)f(a;t) - \phi(a-t_0)L(a;t_0)f(a;t_0) da \right| \\ &= I_1 + I_2. \end{aligned}$$

Comme $\phi \in L^1(\mathbb{R}^+)$, on a :

$$I_1 \leq |f|_\infty \int_{t_0}^t |\phi(a-t)| da \rightarrow 0 \quad \text{lorsque } t \rightarrow t_0.$$

Par ailleurs,

$$\begin{aligned} I_2 &\leq \int_{t_0}^{+\infty} L(a;t_0) |\phi(a-t)f(a;t) - \phi(a-t_0)f(a;t_0)| da \\ &\quad + \int_{t_0}^{+\infty} \phi(a-t)f(a;t) |L(a;t) - L(a;t_0)| da \\ &= II_1 + II_2. \end{aligned}$$

En utilisant le fait que f soit bornée, $\phi \in L^1(\mathbb{R}^+)$, L continue et $L(a; t) \leq 1, \forall(a; t) \in \mathbb{R}^+ \times \mathbb{R}^+$, le théorème de convergence dominée nous donne :

$$II_1, II_2 \rightarrow 0 \quad \text{lorsque } t \rightarrow t_0,$$

et donc g est continue. □

Nous pouvons maintenant passer à la preuve du théorème.

Démonstration. Posons $C_T = C([0; T], \mathbb{R})$ que l'on munira de la norme :

$$\|w\|_T = \sup_{[0; T]} e^{-kt} |w(t)|,$$

avec $k \geq 0$ à déterminer.

Définissons à présent l'opérateur $Q : C_T \rightarrow C_T$ tel que, $\forall t \in [0; T]$,

$$Q[w](t) = \int_0^t K(a; t) f(a; t) w(t-a) da + g(t).$$

Notre but va être de montrer que Q admet un unique point fixe. Mais tout d'abord, vérifions que Q ainsi défini est bien à valeurs dans C_T .

D'après le lemme précédent g est continue, il suffit donc de prouver que, $\forall w \in C_T$,

$$t \mapsto \int_0^t K(a; t) f(a; t) w(t-a) da$$

est continue.

Hormis le fait qu'il n'est pas nécessaire d'utiliser la convergence dominée, puisque l'intégrale est finie, la démonstration identique à celle du lemme 2.1.

En utilisant le fait que $|g|_\infty \leq |f|_\infty \phi_1$ on peut définir :

$$B_T = \{w \in C_T : \|w\|_T \leq 2|g|_\infty\}.$$

1. Montrons que $Q(B_T) \subset B_T$.

Soit $w \in B_T$, en remarquant que $K(a; t) \leq 1, \forall (a; t) \in \mathbb{R}^+ \times \mathbb{R}^+$,

$$\begin{aligned} |Q[w](t)| &\leq |f|_\infty \int_0^t |w(t-a)| da + |g|_\infty \\ &\leq |f|_\infty \int_0^t e^{k(t-a)} e^{-k(t-a)} |w(t-a)| da + |g|_\infty \\ &\leq |f|_\infty \|w\|_T e^{kt} \int_0^t e^{-ka} da + |g|_\infty \\ &\leq \frac{1}{k} |f|_\infty \|w\|_T e^{kt} + |g|_\infty. \end{aligned}$$

Et donc on a :

$$\begin{aligned} e^{-kt} |Q[w](t)| &\leq \frac{1}{k} |f|_\infty \|w\|_T + |g|_\infty \\ &\leq 2|g|_\infty, \text{ si } k \geq 2|f|_\infty. \end{aligned}$$

D'où $\|Q[w]\|_T \leq 2|g|_\infty$, et donc $Q(B_T) \subset B_T$.

2. Montrons que Q est contractante.

Soient $w_1, w_2 \in C_T$, de la même façon on obtient que :

$$|P[w_1](t) - P[w_2](t)| \leq \frac{1}{k} |f|_\infty \|w_1 - w_2\|_T e^{kt},$$

et donc

$$\|P[w_1] - P[w_2]\|_T \leq \frac{1}{2} \|w_1 - w_2\|_T.$$

D'après le théorème du point fixe, $\exists! B \in C_T$ tel que (2.4) soit vérifiée. \square

Remarque : comme T arbitraire, la solution est en fait globale en temps.

Proposition 2.1. *Le problème (2.1) admet au plus une unique solution.*

Démonstration. Soient ρ_1 et ρ_2 deux solutions de (2.1), par le théorème 2.1 on a l'existence de B_1 et B_2 solutions de (2.4). Or d'après le théorème 2.2, on a $B_1 \equiv B_2$, et $\rho = \rho_1 - \rho_2$ est solution du système :

$$\begin{cases} \partial_a \rho(a; t) + \partial_t \rho(a; t) + d(a; t) \rho(a; t) = 0, \\ \rho(a; 0) = 0, \\ \rho(0; t) = 0. \end{cases} \quad (2.5)$$

En multipliant (2.5)₁ par ρ et en intégrant sur $[0; +\infty[$, on obtient :

$$\frac{1}{2} \int_0^{+\infty} \partial_a \rho^2 da + \frac{1}{2} \int_0^{+\infty} \partial_t \rho^2 da + \int_0^{+\infty} d \rho^2 da = 0.$$

En utilisant le fait que $\rho(\cdot; t) \in L^1(\mathbb{R}^+)$, on en déduit :

$$\begin{aligned} \partial_t \int_0^{+\infty} \rho^2 &= \underbrace{\rho^2(0; t)}_{=0} - 2 \int_0^{+\infty} d \rho^2 \\ &\leq 2|d|_\infty |\rho|_2^2. \end{aligned}$$

Par l'inégalité de Grönwall, on a

$$|\rho|_2^2 \leq |\rho(\cdot; 0)|_2^2 e^{2|d|_\infty t} = 0.$$

D'où $\rho \equiv 0$ et l'unicité. \square

2.2 Comportement asymptotique

Notre but va maintenant être de mettre en parallèle les comportements asymptotiques de ρ et de B . Notons

$$\underline{d} = \inf_{[0; T]} d.$$

Théorème 2.3. *Soit ρ une solution de (2.1) sur $[0; T]$. Alors*

$$B(t) \leq |\phi|_1 |f|_\infty e^{t|f|_\infty} \quad (2.6)$$

et

$$\rho(a; t) \leq |\phi|_T e^{-\underline{d}t} \quad \forall a > t, \quad \rho(a; t) \leq |\phi|_1 |f|_\infty e^{\underline{d}(t-a)} \quad \forall a \leq t. \quad (2.7)$$

Démonstration. On remarquera que

$$K(a; t) \leq e^{-da} \quad \text{et} \quad L(a; t) \leq e^{-dt}.$$

En utilisant (2.4) et Grönwall, on a :

$$\begin{aligned} B(t) &\leq |f|_\infty \int_0^t B(a) e^{d(a-t)} da + |f|_\infty |\phi|_1 e^{-dt} \\ &\leq |f|_\infty \int_0^t B(a) da + |f|_\infty |\phi|_1 \\ &\leq |\phi|_1 |f|_\infty e^{t|f|_\infty}. \end{aligned}$$

Finalement (2.7) est la conséquence directe d'une majoration de (2.2) couplée avec l'utilisation de (2.6). \square

Remarque : Dans (2.7)₁, $|\phi|_T$ n'est pas nécessairement fini. On remarquera aussi que lorsque $a > t$, ρ est uniformément majoré en a et converge vers 0 en t ; alors que, quand $a \leq t$, on sait juste que ρ , à l'instar de B , ne peut pas croître plus vite qu'exponentiellement.

2.3 Conclusion

Nous avons dans cette section étudié un modèle d'évolution de la densité d'une population en fonction de l'âge et du temps à l'aide d'une équation aux dérivées partielles s'apparentant à une équation de transport ayant pour paramètres les taux de fertilité et de mortalité.

L'existence de solutions à cette équation aux dérivées partielles a pu être prouvée grâce à la méthode des caractéristiques, exhibant ainsi une solution particulière. L'unicité de la solution a ensuite été démontrée, nous confirmant qu'il n'existe pas d'autre solution que celle trouvée grâce à la méthode des caractéristiques.

Enfin, une étude du comportement asymptotique en fonction des variables âge et temps – ainsi que des divers paramètres – a été effectuée. Celle-ci affiche deux résultats bien distincts, en effet si la variable d'âge est plus grande que celle de temps, la densité de population devrait tendre vers 0 en temps tandis que dans le cas opposé la seule information que l'on est que la densité de population ne peut pas croître plus vite qu'exponentiellement.

Bibliographie

- [1] M. Chipot, *A Remark on the Equations of Age-Dependent Population Dynamics*, 1983.
- [2] M. Chipot, *On the Equations of Age-Dependent Population Dynamics*, 1982.
- [3] O. Diekmann & J.A.P. Heesterbeek, *Mathematical Epidemiology of Infectious Diseases*, Model Building, Analysis and Interpretation (chap.1), 2000. 11, 12, 13
- [4] M.E. Gurtin & R.C. MacCamy, *Non-Linear Age-Dependent Population Dynamics*, 1974.
- [5] P. Gwiazda & B. Perthame, *Invariants and Exponential Rate of Convergence to Steady State in the Renewal Equation*, 2005.
- [6] H.W. Hethcote, *The Mathematics of Infectious Diseases*, 2000. 19
- [7] P. Michel, S. Mischler & B. Perthame, *General Relative Entropy Inequality : an Illustration on Growth Models*, 2005.
- [8] J.D. Murray, *Mathematical Biology I*, an Introduction (chap.1), 2007.