

ENDEMICITE DANS LE MODELE D'EPIDEMIE LOGISTIQUE A TEMPS DISCRET

Claude LEFEVRE

**Université Libre de Bruxelles
Institut de Statistique, C.P. 210
Boulevard du Triomphe
1050 Bruxelles
Belgique**

ABSTRACT

This paper is concerned with the problem of endemicity in the deterministic version of the discrete time logistic epidemic model. Conditions for endemicity are first derived, explicit bounds for the endemic level are then constructed, and the effects of small perturbations on some control parameters are finally analyzed.

1. Introduction

Le modèle à temps discret d'épidémie logistique concerne une population fermée de N individus, homogène et constamment brassée, et subdivisée en deux classes : les susceptibles, individus susceptibles de contracter la maladie, et les infectés, individus porteurs du germe infectieux et qui le transmettent. L'état de la population est observé aux instants $t = 0, 1, 2, \dots$. Notons $i(t)$ et $s(t)$ respectivement les nombres d'infectés et de susceptibles à l'instant t . Comme la population est fermée, $s(t) + i(t) = N$ pour tout t . Supposons qu'il y ait des infectés présents dans la population à l'instant initial, c'est-à-dire, $0 < i(0) \leq N$. L'évolution de l'épidémie pendant l'intervalle de temps $(t, t+1]$ est régie par les deux processus suivants.

- a) Chacun des $i(t)$ infectés a la probabilité g de guérir et redevenir alors susceptible à l'instant $t+1$. Nous supposons $0 < g \leq 1$.
- b) Chacun des $s(t)$ susceptibles devient infecté à l'instant $t+1$ s'il a au moins un contact infectieux pendant l'intervalle $(t, t+1]$. Le calcul de la probabilité d'infection d'un susceptible est présenté à la section 2.

Dans ce travail, nous nous intéressons uniquement à la version déterministe du modèle. Nous construisons cette version à la section 3. Dans la section 4, nous déterminons les conditions conduisant à une situation endémique, et nous dérivons ensuite des bornes explicites pour le niveau endémique. Enfin, nous étudions dans la section 5 les effets de variations locales des paramètres de contrôle sur le niveau endémique.

2. Le processus de propagation de l'infection

Pour décrire la manière dont l'infection se propage, nous suivons une suggestion de Dietz et Schenzle [3] en tenant compte explicitement de la distribution du nombre de contacts entre individus. Soit R la variable aléatoire représentant le nombre de rencontres que peut faire un susceptible donné pen-

dant une unité de temps. La variable R est supposée indépendante du nombre d'infectés présents. Nous notons $G(z)$, $0 \leq z \leq 1$, la fonction génératrice de R , et nous faisons l'hypothèse, peu restrictive en pratique, $0 < E(R^2) < \infty$.

Plaçons-nous à l'instant t ; il y a alors $i(t)$ infectés dans la population. Pour simplifier l'écriture, nous omettons l'argument t dans cette section. Soit $y = i/N$ la proportion d'infectés présents. Nous supposons que lors d'un contact avec un susceptible, un infecté transmet le germe infectieux avec la probabilité φ , $0 < \varphi \leq 1$. Par conséquent, un susceptible qui rencontre un individu de la population deviendra infecté suite à ce contact avec la probabilité φy .

Notons C la variable aléatoire représentant le nombre total de contacts infectieux faits par un susceptible donné pendant une unité de temps. Pour l'intervalle $(t, t+1]$, on a

$$C = \sum_{j=1}^R x_j$$

où les x_j sont des variables aléatoires indépendantes et distribuées suivant la loi de Bernoulli de paramètre φy . Dès lors, la fonction génératrice conditionnelle de $C|y$ est donnée par

$$E(z^C|y) = G(1 - \varphi y + \varphi y z), \quad 0 \leq z \leq 1. \quad (1)$$

Remarque. Supposons que R ait une distribution $\mathcal{P}(\theta)$ dépendant d'un paramètre $\theta \in \Theta$, et soit $G(z; \theta)$ sa fonction génératrice. Suivant la définition de Berg [1], la famille de distributions $\{\mathcal{P}(\theta), \theta \in \Theta\}$ est dite fermée binomialement si pour tous $\theta \in \Theta$ et $\gamma \in [0, 1]$, il existe un $\tilde{\theta}(\theta, \gamma) \in \Theta$ tel que

$$G(1 - \gamma + \gamma z; \theta) = G[z; \tilde{\theta}(\theta, \gamma)], \quad 0 \leq z \leq 1.$$

Si c'est le cas, nous déduisons de (1) que

$$E(z^C|y) = G[z; \tilde{\theta}(\theta, \varphi y)], \quad 0 \leq z \leq 1,$$

c'est-à-dire que $C|y$ a comme distribution $\mathcal{P}[\tilde{\theta}(\theta, \varphi y)]$. Ainsi par exemple, les familles de distributions suivantes sont binomialement fermées : {Poisson (λ), $\lambda > 0$ }, {Binomiale (M, p), $0 < p < 1$ }, {Binomiale négative (M, p), $0 < p < 1$ },

et on trouve alors que

$$\left[\begin{array}{l} \text{si } R \sim \text{Poisson } (\lambda), \text{ alors } C|y \sim \text{Poisson } (\lambda\varphi y) , \\ \text{si } R \sim \text{Binomiale } (M,p), \text{ alors } C|y \sim \text{Binomiale } (M, p\varphi y) , \\ \text{si } R \sim \text{Binomiale négative } (M,p), \text{ alors } C|y \sim \text{Binomiale négative} \\ (M, p/[p + (1-p)\varphi y]) . \end{array} \right.$$

Finalement, faisons l'hypothèse habituelle qu'un susceptible devient infecté s'il a au moins un contact infectieux. De (1), nous obtenons que la probabilité qu'il contracte la maladie pendant $(t, t+1]$ est égale à

$$\begin{aligned} P_1(y) &= P(C \geq 1|y) \\ &= 1 - G(1 - \varphi y) . \end{aligned} \quad (2)$$

3. Le modèle d'épidémie logistique

Comme expliqué à la section 1, le modèle d'épidémie logistique tient compte de deux processus, la guérison d'infectés et l'infection de susceptibles. Dans la version déterministe du modèle, le nombre $i(t+1)$ d'infectés en $t+1$ est défini par la relation de récurrence

$$\begin{aligned} i(t+1) &= (1-g) i(t) + P_1[y(t)][N - i(t)] \\ &= (1-g) i(t) + \{1 - G[1 - \varphi y(t)]\}[N - i(t)] . \end{aligned} \quad (3)$$

Divisons (3) par N . Nous obtenons que $y(t) = i(t)/N$ est solution de l'équation aux différences du premier ordre

$$y(t+1) = f[y(t)] , \quad (4a)$$

où

$$f[y(t)] = (1-g) y(t) + \{1 - G[1 - \varphi y(t)]\}[1 - y(t)] . \quad (4b)$$

4. Le phénomène d'endémicité

Nous commençons par déterminer les conditions conduisant à une situation endémique au sein de la population. En adaptant la méthode de Cooke, Calef et Level [2], on peut démontrer le théorème 1 ci-dessous. Notons $m_1 = E(R)$.

Théorème 1. Si $m_1 \varphi \leq g$, alors $f(y)$ a un seul point fixe, 0. Si $m_1 \varphi > g$, alors $f(y)$ a deux points fixes, 0 et y^* , ce dernier étant la racine positive de l'équation

$$y = (1/g)\{1 - G[1 - \varphi y]\}(1-y) ; \quad (5)$$

l'état 0 est instable tandis que l'état y^* est globalement stable.

Dans le contexte épidémiologique, ce théorème montre que si $m_1 \varphi \leq g$, l'épidémie finira par s'éteindre tandis que si $m_1 \varphi > g$, l'épidémie deviendra endémique : c'est le phénomène de seuil. La condition $m_1 \varphi \leq g$ est intuitive et consiste à comparer les nombres moyens de contacts infectieux et de guérisons pendant une unité de temps où la proportion d'infectés présents est infiniment petite.

Envisageons la situation où l'épidémie devient endémique, c'est-à-dire, supposons $m_1 \varphi > g$. Le niveau endémique y^* est alors la racine positive de (5). Le plus souvent, y^* ne peut être calculé explicitement et il est donc intéressant de construire des bornes simples pour y^* . Le théorème 2 ci-dessous fournit des bornes explicites pour y^* qui reposent sur la seule connaissance de quelques paramètres importants de la distribution de R.

Théorème 2.

. Notons $m_2 = E[R(R-1)]$ et définissons

$$\begin{cases} k = \text{partie entière de } (m_1 + m_2)/m_1 , \\ c = 2 m_1/(k+1) - m_2/k(k+1) . \end{cases} \quad (6a)$$

Alors une borne inférieure pour y^* est $y_{\text{inf.}}$ donnée par

$$y_{\text{inf.}} = (2/\varphi)\{1 - [(c + g + m_1(1-\varphi))/(c + m_1)]^{1/(k+1)}\} . \quad (6b)$$

. Notons $p_0 = P(R = 0)$ et définissons

$$\begin{cases} \lambda = \text{partie entière de } m_1/(1 - p_0) , \\ \eta = m_1 - \lambda(1 - p_0) . \end{cases} \quad (7a)$$

Alors une borne supérieure pour y^* est $y_{\text{sup.}}$ donnée par

$$y_{\text{sup.}} = 1 - g/[(1-p_0+g) - (1-p_0-\eta)(1-\varphi)^\lambda - \eta(1-\varphi)^{\lambda+1}] . \quad (7b)$$

La démonstration de ce théorème est assez longue et n'est pas reprise ici; une version détaillée peut être obtenue auprès de l'auteur. Il convient de souligner que y_{inf} dépend uniquement des moments m_1 et m_2 , et que y_{sup} dépend uniquement de la moyenne m_1 et de la probabilité p_0 .

5. Effets de variations locales de paramètres de contrôle

Plaçons-nous dans le cas où l'épidémie a atteint un niveau d'endémicité $y^* > 0$. Les deux politiques de santé publique usuelles consistent d'une part à améliorer la qualité des soins apportés aux malades, et d'autre part à renforcer les mesures préventives pour les personnes en bonne santé. Dans le modèle d'épidémie logistique, elles correspondent, respectivement, à augmenter g , la probabilité qu'un infecté guérisse pendant une unité de temps, et à augmenter $1-\varphi$, la probabilité que lors d'un contact avec un infecté, un susceptible ne reçoive pas le germe infectieux et reste en bonne santé.

Il est intuitif, et on le démontre facilement, que si g ou $1-\varphi$ augmentent, alors y^* diminue. En pratique, les modifications qui peuvent être apportées à ces paramètres sont généralement, à court et moyen terme, de très faible amplitude. De plus, il arrive souvent que pour des raisons médicales ou matérielles, une seule de ces deux politiques puisse être mise en oeuvre. Il convient alors de déterminer la "meilleure stratégie locale", c'est-à-dire, celle qui, par une légère variation du paramètre, diminue le plus sensiblement le niveau d'endémicité y^* .

Une augmentation locale de g sera préférable à une augmentation locale de $1-\varphi$ lorsque

$$|\partial y^*/\partial g| \geq |\partial y^*/\partial(1-\varphi)| \quad (8)$$

De (5), nous obtenons que (8) s'écrit encore

$$1 \geq (1-y^*) G'(1 - \varphi y^*) \quad (9)$$

Il est clair que si $m_1 \leq 1$, alors l'inégalité (9) est toujours satisfaite. En d'autres termes, si le nombre moyen de rencontres par unité de temps ne dépasse

pas 1, la meilleure des deux politiques est d'augmenter localement g ; ce résultat n'est pas surprenant. Si, au contraire, $m_1 > 1$, alors (9) n'est plus nécessairement satisfait, et il peut être préférable d'augmenter localement $1-\varphi$.

A titre d'illustration, nous continuons la discussion de ce problème dans les cas particuliers où $R \sim$ Géométrique (p) et $R \sim$ Poisson (λ), avec $m_1 \varphi > g$. On peut montrer qu'augmenter localement $g[1-\varphi]$ est préférable si $1-\varphi$ est inférieur [supérieur] à une valeur critique $1-\varphi(g)$, où $\varphi(g)$ est définie pour la distribution géométrique par

$$\varphi(g) = [1/2(1-p)] \{-p + [p^2 + 4 p(1-p)g(g+1)]^{1/2}\}, \quad (10)$$

et pour la distribution de Poisson par

$$\varphi(g) = [(g+1)/(\lambda-1)] \ln[(g\lambda + 1)/(g+1)]. \quad (11)$$

Dans (10) et (11), $\varphi(g)$ est une fonction croissante, concave et telle que $\varphi(0) = 0$, $\varphi(1) < 1$. Ce résultat nous apprend donc que la politique optimale consiste à augmenter localement $g[1-\varphi]$ si g et $1-\varphi$ sont suffisamment petits [grands]. En gros, il convient de traiter les infectés ou les susceptibles selon que la maladie est dure ou bénigne.

BIBLIOGRAPHIE

- [1] Berg, M., Stochastic Models for Spread of Motivating Information, Naval Res. Log. Quart., 28, 1981, nr. 1, pp.133-145.
- [2] Cooke, K.L., Calef, D.F. and Level, E.V., Stability or Chaos in Discrete Epidemic Models, in Nonlinear Systems and Applications - An International Conference, 1977, Academic, New York, pp.75-93.
- [3] Dietz, K. and Schenzle, D., Mathematical Models for Infectious Disease Statistics, in A.C. Atkinson and S.E. Fienberg (eds.), A Celebration of Statistics, 1985, Springer, New York, pp.167-204.