

MODÈLES MATHÉMATIQUES ET CONFINEMENT

MICHEL RIGO

En cette période de confinement dû à la crise sanitaire provoquée par le SARS-CoV-2 mieux connu comme Coronavirus, le virus responsable du COVID-19, je voulais comprendre les modèles utilisés par les virologues et épidémiologistes du monde entier. Par la même occasion, je m'en vais vous expliquer ces courbes que l'on trouve à longueur de journée dans les média et que l'on souhaite "aplatir". Habitué à la vulgarisation mathématique, je ne suis pourtant pas un spécialiste des mathématiques appliquées et de la modélisation. Cet article est largement inspiré de *The SIR Model for Spread of Disease* par Smith et Moore [12]. Il ne nécessite *a priori* que très peu de connaissances mathématiques : un peu de bon sens et la manipulation des proportions.

1. INTRODUCTION

Au sortir de la première guerre mondiale, on estime que la pandémie de grippe espagnole fit près de 40 millions de morts à travers le monde entre janvier 1918 et décembre 1920. Elle contamina 500 millions de personnes, à savoir près d'un quart de la population mondiale de l'époque. Même des tribus inuits largement isolées ont été décimées par cette maladie.

En outre, le COVID-19 pèsera probablement sur la campagne présidentielle américaine (difficile de prédire comment). Le président Trump devrait dès lors essayer de comprendre l'évolution de la situation. Rien n'est moins sûr.

En période d'épidémie ou de pandémie¹, pour avoir une image précise et globale de la situation, il est difficile, voire impossible, de tester tous les individus d'une population donnée. A l'échelle de la Belgique, il faudrait réaliser plus de 11 millions de tests. On voudrait néanmoins être en mesure d'estimer au mieux l'évolution au cours du temps du nombre de personnes infectieuses mais aussi le nombre de personnes

Date: Vendredi 10 avril 2020.

L'auteur est professeur au Département de Mathématique, Université de Liège.

1. Selon l'Organisation Mondiale de la Santé, on parle de *pandémie* en cas de propagation mondiale d'une nouvelle maladie.

qui ont été infectées et qui sont à présent guéries. On espère (cette hypothèse est toujours débattue pour le COVID-19) que ces dernières ont développé une immunité contre la maladie — dans les mois à venir, elles ne pourront pas retomber malades car leur système immunitaire dispose à présent des armes pour reconnaître et combattre la maladie.

Il est dès lors primordial pour nos décideurs politiques de prévoir l'évolution du nombre de malades au cours du temps. En effet, une fraction (considérée comme stable²) de ceux-ci nécessiteront une hospitalisation et des soins lourds dans le but d'éviter le pire. La question posée est donc de déterminer si les hôpitaux seront capables de gérer un afflux de malades. Si les prédictions montraient une augmentation importante du nombre de malades saturant les centres de soins (le personnel médical et le nombre de lits aux soins intensifs restent limités), des mesures sanitaires devraient alors être prises en amont pour endiguer la contagion.

Comment réaliser de telles prédictions? Les scientifiques ont depuis longtemps développé des modèles (physiques, météorologiques, climatologiques, biologiques, sociologiques, économiques, ...). Un des modèles les plus utilisés en épidémiologie date du début du siècle précédent. Il s'agit du modèle SIR présenté ci-dessous. En pratique, on utilise des modèles plus fins mais ce modèle simplifié nous permettra de comprendre d'en comprendre la mécanique. Un *modèle* est une expression mathématique qui tente de décrire la nature générale d'un comportement qui se produira au cours du temps (évolution d'une population, du cours de la bourse, d'un prix, de la température moyenne sur le globe, *etc.*). Il dépend de paramètres parfois nombreux qui influencent la forme exacte du comportement prédit. Aussi bien construit soit-il, un modèle n'est qu'une traduction approximative d'un phénomène réel dans un langage mathématique utilisable. Il faut donc être conscient que les modèles proposés peuvent parfois mal rendre compte de la complexité d'une situation. Ces derniers sont parfois trop simplistes et les paramètres dont ils dépendent peuvent rester mal compris. Il faut donc toujours garder ce fait en tête et ne pas se fier, sans esprit critique, à un modèle même s'il repose sur des équations mathématiques solides. En

2. Dans le cas du COVID-19, on l'estime par exemple à 5% dans la tranche [40, 50[ans, elle grimpe à 16% pour les plus de 60 ans et atteint 27% pour les plus de 80 ans [15]. Dans cette même étude, en se basant sur les données chinoises et italiennes, on estime que 30% des patients hospitalisés nécessiteront des soins intensifs (encore une fois, ce pourcentage varie avec l'âge) et que parmi ces derniers, 50% décéderont. Donc, pour une tranche d'âges donnée, on peut dire que la proportion de patients atteints qui se retrouveront aux soins intensifs peut être anticipée.

particulier, de bonnes bases en mathématique doivent nous permettre de mieux comprendre les implications d'une modélisation. Enfin, celui ou celle qui utilise un modèle doit s'assurer que les hypothèses sous lesquelles il s'applique sont bien réalisées.

Les élèves de 6^e année secondaire rencontrent dans leur cours la fonction exponentielle. Pour l'introduire, on présente souvent le temps de doublement d'une bactérie. On étudie alors la croissance du nombre de bactéries qui peut être *modélisée* par une exponentielle (on aime parler de cette fameuse croissance exponentielle). Par exemple, en laboratoire, dans un environnement aérobie riche en nutriments, la bactérie *Escherichia coli* se divise toutes les 20 minutes. Une fois cette information connue, on demande alors aux élèves d'estimer le nombre de bactéries après 1 heure, 2 heures, une journée, *etc.* Partant d'une unique bactérie, après 20 minutes, nous aurons 2 bactéries, puis 4 après 40 minutes (puisque chaque bactérie se dédouble toutes les 20 minutes) et ainsi de suite. En effectuant le calcul, après 1 heure, 8 bactéries, après 2 heures, $64 = 2^6 = 2^{2 \cdot 3}$ bactéries et, après une journée de 24 heures, on imagine atteindre $2^{72} = 2^{24 \cdot 3}$ bactéries (si les conditions restent bien évidemment optimales). Ainsi, on peut dire que l'on dispose d'un modèle, d'une formule "directe", pour déterminer la population d'*Escherichia coli* au cours du temps. Le professeur de mathématique, après cette introduction sur des intervalles de temps "discrets" de vingt minutes, devra alors expliquer comment on peut construire une fonction continue définie sur \mathbb{R} qui coïncide avec les valeurs prises aux entiers (et aux rationnels). La connaissance de la fonction exponentielle permettra alors d'étudier divers phénomènes régis par ce type de fonctions.

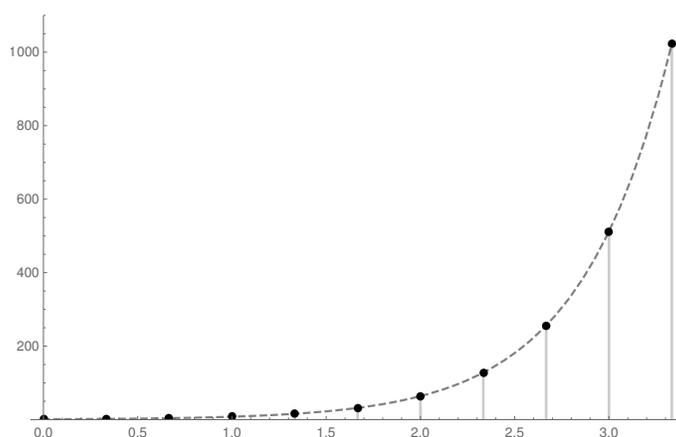


FIGURE 1. Nombre de bactéries *E. coli* par heure.

2. UN MODÈLE

Le modèle SIR de Kermack et McKendrick [9] a été proposé en 1927 pour expliquer la hausse et la baisse rapides du nombre de patients infectés observées lors d'épidémies telles que la peste (à Londres en 1665, à Bombay en 1906) ou le choléra (à Londres en 1865). Il a été remis à l'avant-plan à la fin des années 1970 par Anderson et May [1]. Dans ce modèle, on supposera que la période d'incubation est instantanée (on tombe malade directement), et la période pendant laquelle une personne est contagieuse coïncide avec celle pendant laquelle elle est malade. En particulier, dans la suite de ce texte, nous confondrons souvent personne malade, patient infecté et patient contagieux ou infectieux. Il faut donc être conscient des limitations de ce modèle qui peut ne pas coller à la réalité d'un virus particulier. Néanmoins, ce modèle simplifié nous permettra d'en comprendre les enjeux.

Revenons dès lors à la propagation d'un virus comme la grippe au sein d'une population de N individus supposée fixe (on ne tient pas compte des migrations éventuelles et des naissances). Celle-ci se divise donc en trois catégories et c'est de là que le modèle tire son nom :

- (S) les personnes *a priori* saines et susceptibles de tomber malades ;
- (I) les personnes infectieuses capables de transmettre la maladie ;
- (R) les personnes qui sont rétablies (à tout le moins, qui ne sont plus contagieuses).

Hélas, parmi les patients infectés, tous ne guériront pas. Ainsi, on placera également dans la troisième catégorie les personnes décédées et pas uniquement celles sur la voie de la guérison. Cette triste nouvelle va pourtant simplifier nos équations et, de toute façon, ce qui est vraiment important pour des prises de décision est d'évaluer le nombre de personnes infectées à un instant donné : c'est une fraction stable de celui-ci qui nécessitera des ressources lourdes. Dans tous les cas, il faut se souvenir que les sujets de la catégorie R seront considérés comme non contagieux.

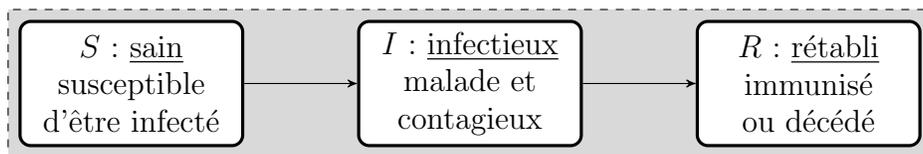


FIGURE 2. Les trois catégories au sein de la population.

Par contre, dans le cas de certains virus causant un simple rhume, on ne développe pas d'immunité (on peut attraper à plusieurs reprises le même virus durant l'hiver — voire des virus différents produisant

des symptômes comparables). Dans ce cas, le modèle à suivre (appelé SIS) sera différent. Il ne contient que deux catégories, sain ou infecté, et les personnes passent de l'une à l'autre.

Nous allons travailler avec un intervalle de temps d'une journée. Nous définissons trois quantités (*i.e.* trois fonctions) comptabilisant le nombre d'individus dans chacune des 3 classes : au jour t , $S(t)$ représente le nombre de personnes susceptibles de tomber malades, $I(t)$ le nombre de personnes infectieuses et $R(t)$ le nombre de personnes dans la dernière catégorie (rétablies ou décédées).

Le but étant de prédire l'évolution de ces trois populations, si K est une quelconque de ces trois classes (remplacez K par S , I ou R), nous souhaitons pouvoir estimer $K(t + 1) - K(t)$. C'est ce qu'on appelle la *différence première* de K , notée $\Delta K(t) = K(t+1) - K(t)$. En effet, si on connaît le nombre d'individus $K(t)$ à l'instant t et si le modèle permet de prédire la valeur de $\Delta K(t)$, on en déduit $K(t+1)$ qui est simplement $K(t) + \Delta K(t)$. Imaginez connaître $K(0)$ et $\Delta K(0), \Delta K(1), \Delta K(2), \dots$. On a $K(0) + \Delta K(0) = K(0) + K(1) - K(0) = K(1)$, $K(1) + \Delta K(1) = K(1) + K(2) - K(1) = K(2)$ et ainsi de suite. Si vous connaissez la hauteur des marches d'un escalier, vous pouvez en déduire la hauteur de l'escalier tout entier.

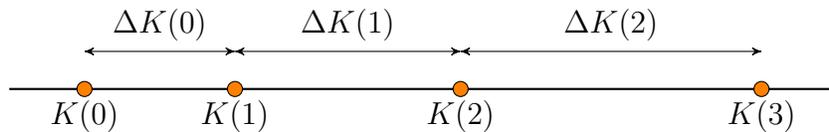


FIGURE 3. Une valeur $K(0)$ et les différences premières.

Remarquez que nous avons, à tout instant t , dans une population “en vase clos”

$$(1) \quad N = S(t) + I(t) + R(t).$$

Autrement dit, tout individu appartient toujours à une (et exactement une) des trois catégories. Il peut juste passer de la catégorie S à I , puis de I à R . Si on préfère parler de pourcentages (ou de proportions) plutôt que du nombre d'individus, on divise simplement les deux membres de (1) par l'effectif total N . Par exemple, dans une population de 200 personnes ($N = 200$), si 30 d'entre elles sont infectieuses ($I = 30$), alors la proportion est de $30/200 = 15\%$. On obtient

$$1 = \frac{S(t)}{N} + \frac{I(t)}{N} + \frac{R(t)}{N}.$$

Pour simplifier l'écriture, on va dès lors définir les fonctions

$$s(t) = \frac{S(t)}{N}, \quad i(t) = \frac{I(t)}{N}, \quad r(t) = \frac{R(t)}{N}$$

qui représentent, à l'instant t , la fraction de la population respectivement saine (ou susceptible³), infectieuse et rétablie. D'un point de vue "calligraphique", nous obtiendrons les mêmes équations que cela soit avec des lettres majuscules ou avec des lettres minuscules. Les raisonnements sont rigoureusement identiques. Il suffit, à la dernière étape, de diviser ou multiplier par l'effectif total pour passer de l'un à l'autre. En particulier, on a

$$(2) \quad 1 = s(t) + i(t) + r(t).$$

Au moment t_0 d'écrire ces quelques lignes (dimanche 5 avril 2020), sur une population de 11,4 millions, la Belgique recensait 19691 malades du COVID-19 et 5198 patients dans la catégorie R (dont 1447 décès). Ainsi, on a naïvement $i(t_0) = 19691/11400000 \simeq 0,0017$ et $r(t_0) = 5198/11400000 \simeq 0,00046$. Ces résultats sont cependant très loin de la réalité! L'écrasante majorité des personnes porteuses du virus ne sont pas identifiées (car asymptomatiques ou légèrement atteintes) et ne se rendent pas à l'hôpital. On ne connaît donc pas les valeurs de $i(t)$ et $r(t)$ à un instant donné.

2.1. Evolution de S . Contrairement à ce qu'il se passe au moment où j'écris ces quelques pages, supposons qu'il n'y ait aucun confinement de la population. Les individus se déplacent librement. Ainsi, une personne saine peut très bien rencontrer des personnes saines mais aussi des personnes contagieuses ou d'anciens malades. Les trois types d'individus sont supposés répartis uniformément au sein de la population.

Nous avons dit que les modèles font intervenir des paramètres. Le modèle SIR en contient deux. Voici le premier d'entre eux. Notons β le *taux de transmission de la maladie*. Au cours d'une journée, une personne infectieuse a un nombre moyen m de contacts au sein de la population. On parle de nombre *moyen* car on se place au niveau de la population et pas au niveau d'un unique individu. Bien sûr, un écolier dans une classe aura des contacts bien plus nombreux qu'une personne

3. Comme me l'a fait remarquer P. Lambert, l'adjectif *sain* n'est peut-être pas adéquat. On pourrait en effet implicitement supposer que les individus des autres catégories sont dès lors "malsains" alors qu'ils peuvent très bien être guéris et considérés comme immunisés dans le modèle SIR. Je m'autoriserai cependant fréquemment ce raccourci.

isolée restant chez elle toute la journée. Il est dès lors important de se placer à un niveau global de santé publique.

Chacun de ces contacts rapprochés (poignées de mains, embrassades, postillons, . . .) va permettre à la maladie de se propager. Ces contacts ne transmettent pas nécessairement la maladie : une personne saine a une probabilité p de contracter la maladie suite à un contact avec une personne infectieuse. Le taux β s'exprime comme le produit $m.p$. Pour fixer les idées, imaginez que le nombre moyen de contacts vaille 8 et que la probabilité de tomber malade suite à un contact soit de 50%. Alors, le taux de transmission sera égal à 4. Pour modifier la valeur de β et espérer la rendre plus petite, on peut donc agir sur deux fronts : m diminue en limitant les déplacements, en interdisant certains événements de masse ou en imposant le confinement. D'autre part, des règles d'hygiène, le port du masque et la distanciation sociale pourront influencer sur la valeur de p . Face à un porteur du virus, vous diminuez votre risque de tomber malade en respectant les précautions d'usage.

Une personne contagieuse rencontre au cours de la journée aussi bien des personnes saines que des personnes déjà infectées ou rétablies (nous avons supposé la population bien mélangée). Dès lors, un individu infectieux va contaminer en moyenne $\beta.s(t)$ individus sains au cours de la journée t . En effet, imaginez que $\beta = 4$ et qu'à l'instant considéré, 75% de la population soit susceptible d'être infectée ($s = 0,75$). Par ses contacts quotidiens, une personne infectieuse a le pouvoir de contaminer en moyenne 4 autres personnes. Si la population est uniformément répartie, sur ces 4 victimes potentielles, 3 d'entre-elles sont dans S et susceptibles de tomber malade. Donc les trois quarts de ces 4 contacts mènent à de nouvelles contaminations. Si par contre, à un autre instant, 50% de la population est susceptible d'être infectée ($s = 0,5$), toujours avec $\beta = 4$, des 4 contacts incriminés, 2 concernent des personnes susceptibles d'être infectées (la moitié de ces 4 contacts). Donc la moitié de ces 4 contacts mène à de nouvelles contaminations.

Enfin, si la population susceptible d'être infectée est suffisamment grande et la population contagieuse relativement petite, on se simplifie la vie en supposant qu'une personne saine ne rencontrera pas deux personnes contagieuses différentes. Ne pas faire cette supposition ne ferait que compliquer nos calculs et autres comptages qui devraient alors intégrer des contacts multiples.

Comment déterminer le nombre de personnes susceptibles d'être infectées au jour $t + 1$ à partir des données disponibles au jour t ? Nous avons $S(t)$ personnes saines. Hélas, certaines d'entre elles

vont être contaminées durant la journée t . Mais combien exactement ? Comme nous venons de l'expliquer, une personne contagieuse va en moyenne contaminer $\beta.s(t)$ personnes saines. A titre indicatif, notons qu'elle va par ailleurs (en moyenne) rencontrer $m.i(t)$ personnes infectieuses et $m.r(t)$ personnes rétablies qui ne pourront pas être à nouveau contaminées. En effet, le nombre moyen m de contacts se répartit selon les 3 catégories, vu (2),

$$m.1 = m.(s(t) + i(t) + r(t)) = m.s(t) + m.i(t) + m.r(t).$$

Puisque nous avons $I(t)$ personnes infectieuses et que chacune va en contaminer $\beta.s(t)$, le nombre total escompté de personnes contaminées le jour t vaut dès lors $\beta.s(t).I(t)$, autrement dit, le nombre moyen de personnes saines contaminées par une personne infectieuse multiplié par le nombre total de personnes infectées. Ainsi, on obtient l'équation

$$(3) \quad S(t+1) = S(t) - \beta.s(t).I(t).$$

On soustrait de l'ensemble des personnes saines, le nombre attendu de personnes qui viennent d'être infectées durant la journée écoulée. Encore une fois, si on divise les deux membres par N , on passe aux proportions

$$\frac{S(t+1)}{N} = \frac{S(t)}{N} - \beta.s(t).\frac{I(t)}{N}$$

ce qui se réécrit

$$(4) \quad s(t+1) - s(t) = -\beta.s(t).i(t).$$

Ainsi, si on dispose de β et des valeurs de $S(t)$ et $I(t)$, on peut alors calculer la valeur de $S(t+1)$. De façon équivalente, avec β , $s(t)$ et $i(t)$, on obtiendra $s(t+1)$.

2.2. Evolution de R . Voici à présent un second paramètre, que nous noterons γ , et qui va gouverner l'évolution du nombre d'individus au sein de la population des personnes rétablies. En effet, quand une personne est contaminée, elle ne reste pas éternellement malade. Par exemple, s'il faut en moyenne 10 jours pour récupérer (et donc passer dans la troisième catégorie), alors en moyenne, un dixième des personnes contaminées et contagieuses va, le jour t , basculer dans la dernière catégorie. En effet, parmi les malades, certains le sont depuis plusieurs jours voire plus d'une semaine. Tous ne sont pas nouvellement contaminés. Imaginez une file au guichet de la poste où dix personnes attendent leur tour. Quand la première aura été servie, tout le monde avancera d'une place. Un nouvel arrivant dans la file devra encore attendre dix tours avant d'être servi. Ainsi, les personnes dans la file ont

des temps d'attente différents même s'ils sont tous, à un moment donné, dans la file. A chaque fois que le guichetier aura servi le client face à lui, un dixième des membres de la file quitte cette file. C'est la même chose avec la maladie, les patients malades depuis plus longtemps guériront avant les autres.

Notons γ la proportion de personnes contaminées qui sont rétablies durant une journée (sur notre exemple, $\gamma = 1/10$). Ainsi, pour la journée $t + 1$, on va comptabiliser le nombre de personnes déjà rétablies précédemment, à savoir $R(t)$, auquel s'ajoute le nombre personnes nouvellement rétablies : la fraction γ du total $I(t)$ des patients malades. Nous faisons ici une approximation commode. En effet, s'il faut exactement 10 jours pour être rétabli, les patients ajoutés à la classe R et tombés malades il y a 10 jours sont en nombre $\Delta I(t - 10)$. Nous remplaçons cette dernière valeur par l'approximation $\gamma \cdot I(t)$ dans le modèle. On obtient donc l'équation suivante

$$(5) \quad R(t + 1) = R(t) + \gamma \cdot I(t)$$

et, en divisant par N ,

$$(6) \quad r(t + 1) - r(t) = \gamma \cdot i(t).$$

Le lecteur aura remarqué la similarité des approches ayant permis d'obtenir les équations (3) et (5).

2.3. Le modèle complet. Il nous reste à étudier l'évolution de la classe intermédiaire $I(t)$. Rassurez-vous, nous avons déjà fait l'essentiel du travail dans les deux sections précédentes. Pour passer du jour t au jour $t + 1$, cette classe va "gagner" les patients nouvellement contaminés et "perdre" les patients nouvellement guéris. Si ce raisonnement vous suffit, cela vous amène directement à l'équation (8).

Effectuons à présent quelques manipulations algébriques élémentaires. L'effectif global N reste fixe, c'est l'appartenance d'un individu à une population qui varie au cours du temps. L'équation (1) est valide tant au jour t qu'au jour $t + 1$. On a donc

$$N = S(t + 1) + I(t + 1) + R(t + 1)$$

et aussi

$$N = S(t) + I(t) + R(t).$$

Si on soustrait membre à membre ces deux équations, on obtient

$$(7) \quad S(t + 1) - S(t) + I(t + 1) - I(t) + R(t + 1) - R(t) = 0.$$

Nous n'avons pas encore d'équation pour régir le comportement de $I(t)$. On va donc isoler $I(t+1) - I(t)$ dans un membre et diviser le tout par N pour obtenir des proportions. On trouve alors

$$i(t+1) - i(t) = -[s(t+1) - s(t)] - [r(t+1) - r(t)].$$

On utilise à présent les équations (4) et (6) pour obtenir

$$(8) \quad i(t+1) - i(t) = \beta \cdot s(t) \cdot i(t) - \gamma \cdot i(t).$$

La différence $i(t+1) - i(t)$ représente l'accroissement $\Delta i(t)$ de la proportion de personnes infectieuses quand on passe du jour t au jour $t+1$. Cette équation (8) nous donne donc l'évolution au cours du temps de la proportion de personnes infectieuses.

En résumé, on obtient le système d'équations repris ci-dessous

$$\begin{cases} \Delta s(t) = s(t+1) - s(t) = -\beta \cdot s(t) \cdot i(t) \\ \Delta i(t) = i(t+1) - i(t) = \beta \cdot s(t) \cdot i(t) - \gamma \cdot i(t) \\ \Delta r(t) = r(t+1) - r(t) = \gamma \cdot i(t) \end{cases}$$

dont la solution dépend de conditions initiales.

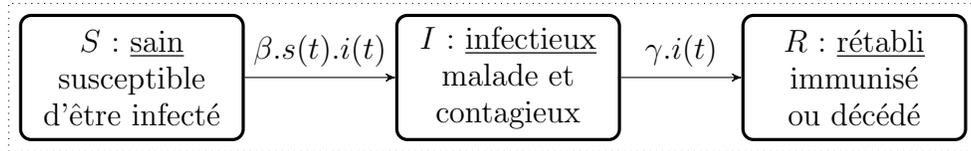


FIGURE 4. Gains et pertes dans les trois catégories.

Quelques remarques s'imposent. Les valeurs $s(t+1)$ et $i(t+1)$ dépendent toutes deux des valeurs de $s(t)$ et $i(t)$. Ces équations sont couplées. Il est aussi naturel de voir apparaître un signe “-” dans la première équation. En effet, la proportion de personnes susceptibles d'être infectées ne peut que décroître au cours du temps (une personne guérie ne bascule pas dans la catégorie S mais dans la catégorie R — dans la Figure 4, toutes les flèches sont orientées de la gauche vers la droite). Ces accroissements sont donc négatifs. Enfin, si vous additionnez membre à membre les trois équations, on trouve $\Delta s(t) + \Delta i(t) + \Delta r(t) = 0$ qui n'est autre que la constatation (7).

Notez enfin que dans ces équations, β est supposé constant au cours du temps. Dans le cas de mesure de confinement, la valeur de β ne sera plus constante. Ceci n'est pas pris en compte ici (*cf.* Figure 13 en page 22).

Faisons un simple exemple chiffré. Il suffit d'encoder le programme suivant (ici dans `Mathematica`, mais n'importe quel langage de programmation ferait l'affaire — une boucle et quelques affectations de variables). Nous supposons qu'une personne infectieuse est potentiellement la cause d'une contamination tous les deux jours ($\beta = 1/2$) et qu'il faut 7 jours pour être rétabli ($\gamma = 1/7$). Nous travaillons avec des proportions. Au départ, il faut au moins une personne contagieuse (sinon pas d'épidémie). Ici, un millionième de la population est supposée infectée au départ.

```
s[0] = 1 - 0.000001;
i[0] = 0.000001;
r[0] = 0;
beta = 1/2;
gamma = 1/7;
s[t_] := s[t] = s[t-1] - beta s[t-1] i[t-1];
i[t_] := i[t] = i[t-1] + beta s[t-1] i[t-1] - gamma i[t-1];
r[t_] := r[t] = r[t-1] + gamma i[t-1];
```

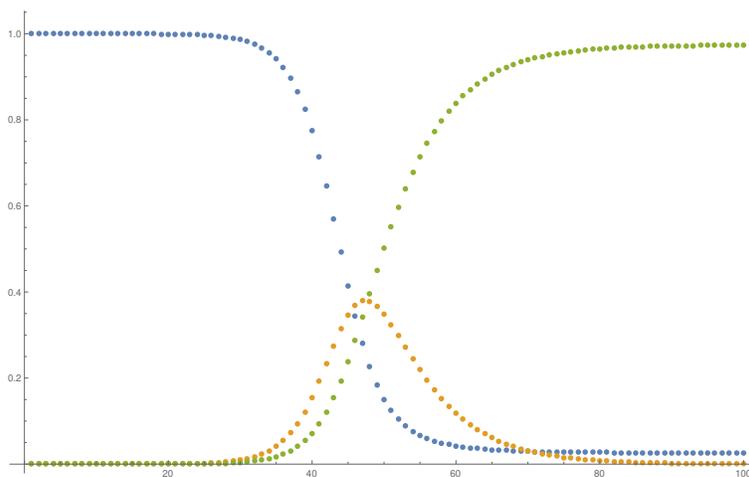


FIGURE 5. Les courbes s (bleu), i (orange) et r (vert) pour $\beta = 1/2$ et $\gamma = 1/7$.

Que nous dit ce graphique ? Si on regarde la courbe orange qui représente la fraction de personnes malades, au 47^e jour, on atteint un pic avec près de 38% de la population simultanément malade. Avec la courbe verte qui représente la portion de la population R , on voit aussi qu'après 100 jours, presque la totalité de la population aura été malade et sera rétablie (en tout cas, fera partie de la troisième catégorie). Bien sûr, à tout moment, $r(t) + i(t) + s(t) = 1$ car 100% de la population se trouve dans l'une des catégories (voir (2)).

t	$s(t)$	$i(t)$	$r(t)$
0	0.999	0.	0.
10	0.999	0.	0.
20	0.999	0.	0.
30	0.986	0.009	0.003
40	0.773	0.154	0.071
50	0.15	0.348	0.501
60	0.042	0.118	0.838
70	0.029	0.031	0.939
80	0.027	0.007	0.965
90	0.026	0.001	0.971
100	0.026	0.	0.973

TABLE 1. $\beta = 1/2$, $\gamma = 1/7$.

Si on connaît la pyramide des âges (et donc la répartition de la population suivant les différentes tranches d'âge) et si on suppose aussi que le virus se propage de manière uniforme indépendamment de l'âge, on peut alors estimer le nombre de personnes atteintes dans chaque tranche. On sait en outre que le COVID-19 nécessite souvent des soins d'autant plus lourds que les personnes sont âgées.

âge	< 40	[40, 50[[50, 60[[60, 80[≥ 80
répartition de la population belge	48,1%	13,2%	14%	19,6%	5,1%
patients infectés nécessitant une hospitalisation	1%	5%	10%	16%	27%

TABLE 2. Répartition de la population belge.

Il est facile, à l'aide d'une somme pondérée, de déterminer la fraction de la population infectée qui se retrouvera hospitalisée. En effet, pour simplifier, imaginons disposer des données reprises dans la Table 2. Elles collent assez bien à ce que l'on observe pour le COVID-19 [15], j'ai uniquement pris moins de tranches d'âge en regroupant certaines par rapport aux données disponibles. La première ligne de la Table 2 provient de statbel.fgov.be. Pour bien comprendre, prenez la deuxième colonne du tableau : la population belge compte 13,2% d'individus ayant entre 40 et 49 ans. Dans cette tranche d'âge, 5% des personnes souffrant du COVID-19 devront être hospitalisées.

Avec cette table, le calcul implacable donne

$$0,481.0,01 + 0,132.0,05 + 0,14.0,1 + 0,196.0,16 + 0,051.0,27 = 7\%.$$

Ainsi, 7% des patients infectés nécessiteront un passage par l'hôpital. Les décideurs politiques connaissent la capacité des hôpitaux, on sait donc quel pic ne doit pas être dépassé. Si le pic se produit au jour T , il faut que

$$0,07.I(T) < \text{capacité maximale.}$$

2.4. Les raisons du confinement. Quel rôle jouent les paramètres dans ce modèle? Pour le comprendre, continuons notre expérimentation numérique — les spécialistes disent qu'ils font "tourner le modèle". Gardons tout d'abord la même valeur $\gamma = 1/7$ que précédemment. Pour une maladie donnée, le temps moyen de guérison peut être établi en observant médicalement un échantillon de la population. De plus, pour la majorité des maladies infectieuses, le temps d'infection est approximativement le même pour tous les individus infectés par cette maladie. Dès lors, il n'y a pas moyen d'influer sur la valeur de γ qui, pour rappel, est l'inverse du nombre de jours pendant lesquels une personne est malade (et on a supposé qu'on restait contagieux tout au long de la maladie).

Par contre, β dépend fortement du nombre de contacts quotidiens (à la maison, au travail, à l'école, en faisant du sport, ses courses, en allant au cinéma, ...). Là, nos comportements peuvent modifier la valeur de β . Rappelons que β dépend aussi des mesures d'hygiène qui peuvent être prises. Appliquons notre programme informatique avec plusieurs valeurs de β égales respectivement à 0,5; 0,4; 0,3 et 0,2 traduisant des contacts entre personnes de moins en moins fréquents et/ou des règles d'hygiène plus strictes. Les différentes courbes obtenues sont représentées à la Figure 6. On retrouve tout d'abord la courbe avec le pic le plus à gauche à 38% pour $\beta = 1/2$. Plus β est petit, plus la courbe s'aplatit. Ainsi, pour $\beta = 0,2$, le maximum atteint n'est plus "que" de 4,5%. On comprend dès lors mieux le sens des mesures de confinement. Ce dernier a pour but de limiter les contacts entre personnes et donc de diminuer la valeur de β . D'ailleurs, dans un cas extrême (irréaliste en pratique), s'il n'y avait plus aucun contact entre individus, avec une valeur de β nulle, on trouverait $S(t + 1) = S(t)$, c'est-à-dire que le nombre de personnes saines resterait constant. Il suffirait alors d'attendre que les personnes contagieuses passent toutes dans la catégorie R . La maladie serait éradiquée.

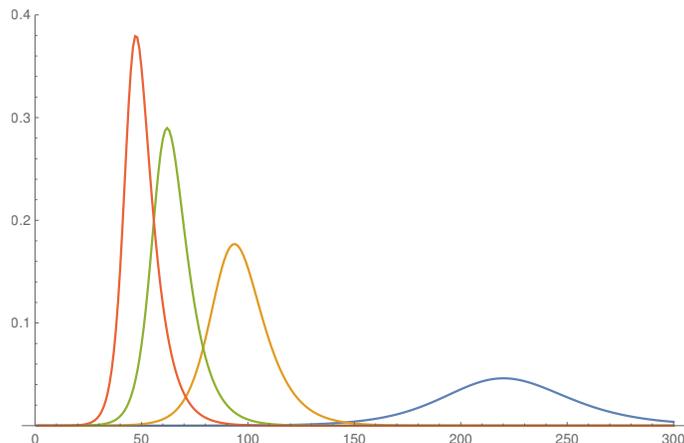


FIGURE 6. Les courbes $i(t)$ pour $\beta = 0, 5; 0, 4; 0, 3; 0, 2$.

3. COEFFICIENT DE REPRODUCTION

On étudie aussi le quotient β/γ appelé *coefficient de reproduction* — c'est même la grandeur la plus importante dans le cadre de maladies infectieuses [5]. On lui consacre souvent la notation R_0 (ce qui est maladroit car on pourrait alors le confondre avec la fonction R). Il représente *le nombre total d'individus qu'une unique personne infectieuse pourra contaminer pendant toute la période où celle-ci est contagieuse*. En effet, β est le taux de contamination en une journée et nous avons vu que $1/\gamma$ est en fait le nombre moyen de jours pendant lesquels une personne reste malade (et donc contagieuse). Par exemple, si une personne infectieuse est la cause d'une contamination potentielle tous les deux jours ($\beta = 1/2$) et qu'elle reste contagieuse pendant 7 jours, alors elle pourra contaminer en moyenne $7/2 = 3,5$ personnes sur l'étendue de sa période d'infection. Nous effectuons le même raisonnement qu'à la section 2.1 : une personne infectieuse va indistinctement rencontrer des individus des trois catégories. Cependant, elle ne peut infecter que des personnes saines et $s(t)$ donne le pourcentage de personnes saines dans la population. Ainsi, au jour t ,

$$\frac{\beta \cdot s(t)}{\gamma}$$

représente le nombre total de personnes saines qui auront été infectées par un contact avec une unique personne infectieuse (ce que l'on appelle les contaminations secondaires). Si cette quantité est supérieure à 1, toute personne nouvellement infectée va continuer à propager la maladie (en la donnant à au moins une nouvelle personne saine). Si

par contre, cette quantité est inférieure à 1, l'épidémie va se tarir. Une autre façon de le voir est de reprendre l'équation (8)

$$\Delta i(t) = \beta \cdot s(t) \cdot i(t) - \gamma \cdot i(t)$$

et de mettre en évidence $i(t)$ et γ dans le membre de droite,

$$(9) \quad \Delta i(t) = \left(\frac{\beta \cdot s(t)}{\gamma} - 1 \right) \cdot \gamma \cdot i(t).$$

Si le coefficient entre parenthèses est strictement positif (c'est-à-dire, si $\beta \cdot s(t) / \gamma > 1$), alors la proportion de personnes infectieuses continue d'augmenter. En effet, pour rappel, $\Delta i(t)$ montre l'évolution de i entre les temps t et $t + 1$. Autrement dit, $\Delta i(t) > 0$ signifie $i(t + 1) > i(t)$ et la proportion de personnes infectieuses au jour $t + 1$ est supérieure à celle au jour t . Par contre, si ce coefficient est négatif, cette proportion décroît.

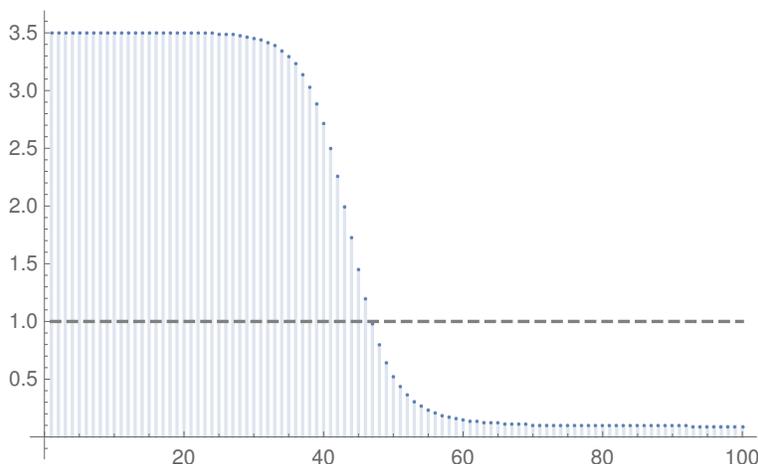


FIGURE 7. Evolution du coefficient $\beta \cdot s(t) / \gamma$ au cours du temps ($\beta = 1/2$ et $\gamma = 1/7$).

Nous avons constaté, dans notre premier exemple numérique, que le pic pour $i(t)$ était atteint après 47 jours. En reprenant les mêmes données numériques, on a calculé l'évolution de $\frac{\beta \cdot s(t)}{\gamma}$ pour un coefficient de reproduction égal à $3,5 = 7/2$ (pour rappel $\beta = 1/2$ et $\gamma = 1/7$). Vous constaterez à la Figure 7 et dans la table ci-dessous, que cette fonction de t passe sous la valeur 1 pour $t \geq 47$.

t	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50
$\frac{\beta \cdot s(t)}{\gamma}$	2.5	2.26	2	1.72	1.45	1.2	0.98	0.79	0.64	0.53

Dans une étude publiée le 16 mars dernier [15], en se basant sur les données récoltées à Wuhan, des chercheurs ont estimé le coefficient de reproduction du COVID-19 à 2,4. Avec une valeur $1/\gamma = 6,5$, on obtient le graphique de la Figure 8. Vous comprendrez l'analogie avec l'exemple fictif développé avec la Figure 5.

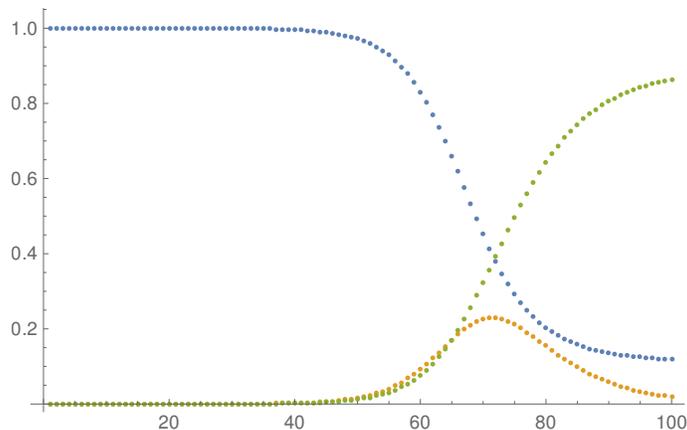


FIGURE 8. Estimation des courbes $r, i, s(t)$ à Wuhan (à β constant).

Vous avez maintenant bien compris l'importance de bien estimer les paramètres du modèle. Si on laisse varier le coefficient de reproduction entre 2 et 2,6, on trouve les courbes de la Figure 9 et la valeur du pic de l'infection varie du simple au double!

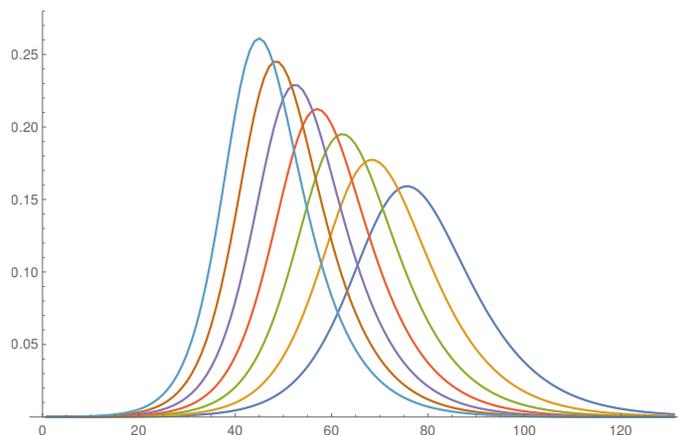


FIGURE 9. La courbe $i(t)$ quand β/γ varie entre 2 et 2,6.

4. SI VOUS CONNAISSEZ LES DÉRIVÉES

Vous pouvez passer cette section plus technique. Elle sert à raccrocher ce texte au programme du cours de mathématiques. Rappelez-vous votre cours de mathématique de 5e année où, pour définir la dérivée d'une fonction $f : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ en un réel t (on suppose la fonction f définie dans un voisinage de t), on calcule la limite suivante

$$\lim_{h \rightarrow 0} \frac{f(t+h) - f(t)}{h}.$$

Si cette limite existe, la fonction f est dite *dérivable* en t et on en note la valeur $f'(t)$. Cette valeur est le coefficient directeur de la tangente au graphique de la fonction au point $(t, f(t))$. Il traduit donc la variation de la fonction.

Supposons que h soit une fraction d'une journée (pensez à une valeur de $h < 1$). Ainsi, pour $h = 0,5$, il s'agit d'une demi-journée, pour $h = 1/24$, il s'agit d'une heure, pour $h = 1/(24.3600) \simeq 0,000012$, il s'agit d'une seconde, *etc.*. Alors l'équation (3) devient

$$S(t+h) = S(t) - \beta.h.s(t).I(t).$$

En effet, on peut supposer qu'en moyenne, durant la fraction h d'une journée, le taux de transmission de la maladie est de $\beta.h$. En effet, le nombre moyen de contacts d'une personne contagieuse sera de $m.h$ sur cet intervalle de temps. Autrement dit, si $\beta = 4$ (on suppose que la personne est dans les conditions pour potentiellement contaminer 4 personnes par 24 heures), sur une demi-journée, on admettra que la personne pourra en moyenne contaminer $\beta.0,5 = 2$ personnes, en 6 heures, elle en contaminera $\beta.0,25 = 1$, ou encore $4/24 = 1/6$ à l'heure, *etc.*. L'équation précédente se réécrit (en divisant les deux membres par h)

$$\frac{S(t+h) - S(t)}{h} = -\beta.s(t).I(t)$$

ou, en divisant à présent les deux membres par N ,

$$\frac{s(t+h) - s(t)}{h} = -\beta.s(t).i(t).$$

Le lecteur remarquera que le membre de gauche correspond exactement au quotient intervenant dans la définition de la dérivée de la fonction s en t . Le membre de droite ne dépend pas, quant à lui, de h . Si on considère la limite pour h tendant vers 0, on obtient alors

$$s'(t) = -\beta.s(t).i(t).$$

Les mathématiciens parlent d'*équations différentielles*⁴ car il s'agit d'équations faisant intervenir des fonctions comme $s(t)$ et $i(t)$ et leur dérivée $s'(t)$ ou $i'(t)$. Contrairement à la présentation adoptée ici (nous avons discuté essentiellement le cas d'un pas entier d'une journée), les modèles SIR sont souvent introduits par des systèmes (non linéaires) d'équations différentielles (ordinaires) mais cela ne change rien au raisonnement que nous avons effectué. Ainsi, si on considère les fonctions s, i, r non pas comme étant définies uniquement sur l'ensemble des entiers naturels mais comme des fonctions dérivables définies sur \mathbb{R} , on obtient le système d'équations

$$\begin{cases} s'(t) &= -\beta.s(t).i(t) \\ i'(t) &= \beta.s(t).i(t) - \gamma.i(t) \\ r'(t) &= \gamma.i(t) \end{cases}$$

Si on démarre avec ces équations et des conditions initiales fixées, un moyen classique pour en obtenir une solution approchée est dès lors de considérer la *méthode d'Euler* qui consiste justement à remplacer ce cadre continu par une situation discrète comme nous l'avons fait dans les sections précédentes [13]. Pour déterminer les solutions exactes de ce système, voir par exemple [8].

Souvenez-vous qu'à la section 2.2, nous avons estimé le nombre de personnes rétablies au jour t comme étant $\gamma.I(t)$. Si vous voulez connaître le nombre total de personnes dans la catégorie R , il suffit alors d'additionner les personnes rétablies chaque jour depuis le début de l'épidémie. Autrement dit,

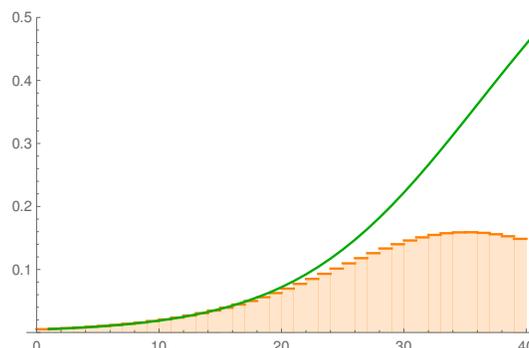
$$R(t+1) = \gamma.I(t) + \gamma.I(t-1) + \gamma.I(t-2) + \dots + \gamma.I(0).$$

Pour le voir, on peut aussi utiliser l'équation (5) et procéder de proche en proche. Divisons par N et supposons la fonction $\gamma.i$ continue. Lorsqu'on interprète l'intégrale de la fonction $\gamma.i(x)$ comme l'aire sous une courbe, l'expression

$$\gamma.i(t) + \gamma.i(t-1) + \gamma.i(t-2) + \dots + \gamma.i(0)$$

revient à considérer la somme des aires de rectangles (en orange à la Figure 10) de largeur 1 et de hauteur $\gamma.i(n)$ sur l'intervalle $[n, n+1[$. La somme obtenue jusqu'au point x considéré est symbolisée par la courbe verte (l'aire totale des rectangles de 0 à x). Si on fait tendre la

4. Voici une équation différentielle très simple. Connaissez-vous une fonction f non nulle qui est égale à sa dérivée c'est-à-dire vérifiant l'équation $f' = f$? L'exponentielle e^x répond à la question $(e^x)' = e^x$.

FIGURE 10. Aire sous la courbe $\gamma.i(t)$.

largeur des rectangles vers 0, donc en effectuant un passage à la limite, nous obtenons

$$r(t) = \int_0^t \gamma.i(x) dx.$$

Le lecteur assidu (en dernière année du secondaire) reconnaîtra le théorème fondamental du calcul intégral : la fonction r est une primitive de la fonction $\gamma.i$. Si vous reprenez à présent la troisième équation du système d'équations différentielles et que l'on voit la primitive comme l'opération "inverse" de la dérivée, c'est exactement ce que l'on obtient en primitivant les deux membres de l'équation. Avec cette explication complémentaire, vous regarderez peut-être sous un jour nouveau les Figures 5 et 8.

5. D'AUTRES MODÈLES ET LA VACCINATION

Il existe des variantes du modèle SIR permettant d'inclure d'autres variables et d'autres scénarios. Par exemple dans le modèle SEIR, on fait intervenir une quatrième classe d'individus. On peut concevoir qu'il existe une période d'incubation relativement longue pendant laquelle les individus ont été infectés mais ne sont pas encore eux-mêmes infectieux. Ainsi, en plus des catégories S , I et R , se trouve une catégorie E intermédiaire correspondant à la population déjà exposée mais pas encore infectieuse.

Lorsqu'un vaccin existe (et en supposant qu'il soit efficace à 100%), il permet de faire passer les personnes à qui on a inoculé le vaccin, directement de la catégorie saine S à la catégorie immunisée, c'est-à-dire R , sans passer par la situation problématique I . **Quelle couverture de vaccination doit être envisagée ?** Si le coefficient de reproduction β/γ est connu (ou suffisamment bien estimé), nous avons vu avec

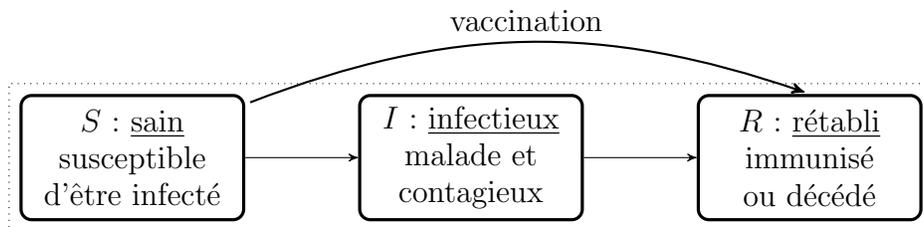


FIGURE 11. Les trois catégories au sein de la population.

l'équation (9) que pour que la maladie disparaisse, il fallait que

$$\frac{\beta \cdot s(t)}{\gamma} < 1.$$

Si on isole $s(t)$, cela revient à écrire

$$s(t) < \frac{\gamma}{\beta}.$$

Imaginons ne pas changer les habitudes de la population (pas de confinement) et donc que β/γ soit constant. Dans notre exemple chiffré, ce quotient vaut 3,5. Il faudrait donc avoir $s(t) < 1/3,5 \simeq 0,29$. Puisque la vaccination permet de faire passer les individus directement de la catégorie S à la catégorie R , il faut donc une couverture d'au moins $1 - \frac{\gamma}{\beta}$ qui pour l'exemple chiffré donne 71%. En effet, si 100% de la population était saine et si on souhaitait que ce taux passe sous les 29%, il serait nécessaire de vacciner au moins 71% de la population. Les personnes vaccinées quittent le groupe sain pour rejoindre le groupe R des immunisés. Dit autrement, si vous négligez la catégorie I , la population se découpe uniquement en R et en S . Si la proportion d'individus sains est $s(t)$, celle des individus immunisés dans R est alors de $r(t) = 1 - s(t)$. De là, pour un seuil fixé k , si $s(t) < k$, alors $r(t) > 1 - k$. Puisqu'on veut faire passer la population directement dans la catégorie R , cela donne le pourcentage d'individus à vacciner.

Dans le cas du COVID-19, avec un coefficient de reproduction estimé à 2,4, il faudrait une vaccination de la population à hauteur de $1 - 1/2,4 \simeq 58\%$. Pour une maladie très contagieuse comme la rougeole, entre 1912 et 1928, le coefficient de reproduction a été estimé à 12,8. Dès lors, avec un vaccin 100% efficace, il faut tout de même vacciner 92% de la population comme le montre la Figure 12 (graphique de la fonction $1 - \frac{1}{x}$ où l'on voit une branche d'hyperbole, pensez aux manipulations de graphiques vues en 4e année). Ce graphique nous montre encore que *plus une maladie est contagieuse, plus la couverture de vaccination doit être importante*.

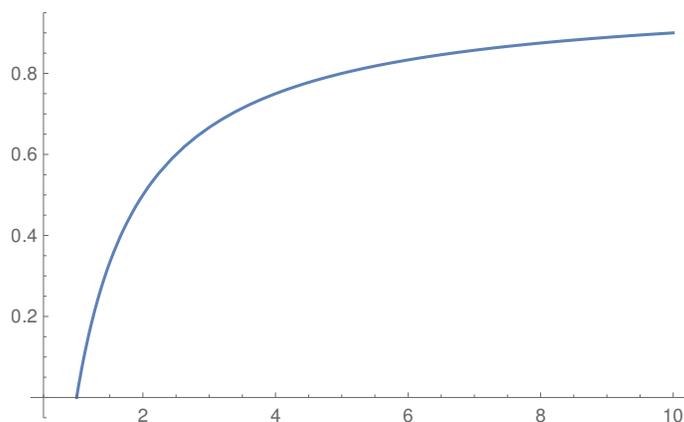


FIGURE 12. Evolution du taux de vaccination $1 - \gamma/\beta$ en fonction du coefficient de reproduction β/γ .

Si on en revient au confinement actuel, c'est parce que nous devons protéger les personnes les plus vulnérables et éviter la surcharge de nos hôpitaux qu'une grande partie du monde est actuellement en état de "lockdown". De façon paradoxale, ce confinement signifie que beaucoup d'entre nous vont rester dans la catégorie S de la population et donc pouvoir être plus tard infectés par le virus. Ainsi l'épidémie pourrait connaître une nouvelle flambée une fois les mesures de distanciation sociale levées.

Que devons-nous donc faire dans le pire des cas ? M. Freiburger [14] conclut qu'une option serait de rester enfermé jusqu'à ce qu'un vaccin soit disponible, mais cela pourrait prendre d'un an à 18 mois. Une autre solution consisterait à procéder à des verrouillages intermittents pour maintenir les pics successifs de l'épidémie en-dessous de la capacité critique des systèmes de soins de santé. Comme le démontre l'article [10], une seule période de confinement ne suffira pas à empêcher que les capacités de soins intensifs ne soient dépassées. Dans cette étude, le modèle SEIR a été utilisé. Les chercheurs ont aussi étudié l'impact des saisons (plus grand nombre de problèmes respiratoires à l'automne qu'au printemps).

En reprenant mes quelques lignes de code, j'ai imposé deux valeurs à β/γ avec une alternance, toutes les 3 semaines, entre $\beta = 2, 4$ (zones grisées) et $\beta = 0, 3$ simulant grossièrement des périodes successives de confinement et de relaxation. On obtient alors le graphique de la Figure 13. Par exemple, les épidémiologistes ont observé des fluctuations de $i(t)$ après un week-end lors d'épidémies de grippe hivernale [4].

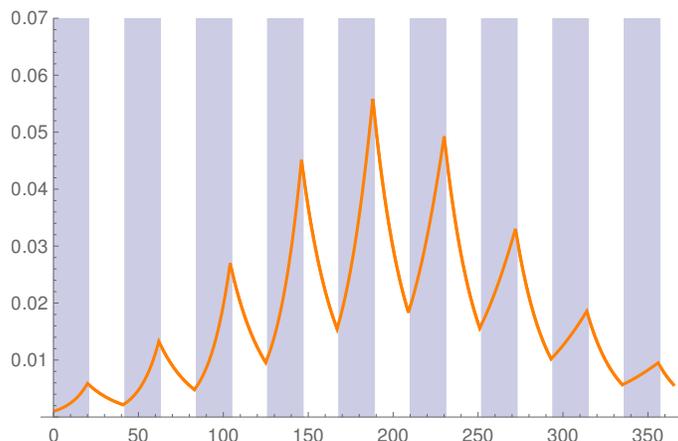


FIGURE 13. Evolution de $i(t)$ en alternant les périodes sans et avec confinement.

6. DES MATHÉMATICIENS UNISSENT LEURS EFFORTS

Vous aurez compris l'importance d'avoir un modèle qui décrit au mieux la propagation du virus. Ainsi, un modèle complexe doit prendre en compte d'autres éléments que ceux traités ici : temps d'incubation, période pendant laquelle une personne est contagieuse différente de la période pendant laquelle elle est malade, mode d'interactions des individus, confinement strict ou souple, distribution spatiale, etc.

On peut aussi imaginer qu'après un confinement drastique, si la proportion de sujets infectieux diminue suffisamment, disons lorsque $i(t)$ est inférieur à une grandeur k_0 , on assouplisse les mesures. Dès lors, on observera une recrudescence des cas et on ne réactiverait les mesures strictes que lorsqu'un certain seuil serait atteint, disons lorsque $i(t)$ dépasse une grandeur k_1 . Il faut alors déterminer les deux seuils k_0 et k_1 en question (quand la diminution est-elle suffisante et quand la recrudescence est-elle significative?) et ensuite, trouver le scénario optimal permettant de maintenir une vie économique et sociale tout en évitant une surcharge des hôpitaux. Voir, par exemple, le blog de Timothy Gowers [7].

Il est certes important de développer des modèles pour estimer au mieux la propagation du virus. Comme nous avons pu le voir, il faut non seulement un modèle efficace mais aussi des paramètres convenablement estimés (souvenez-vous de la Figure 9 où une variation de β/γ de quelques dixièmes pouvait diviser par 2 le pic de $i(t)$). Dès lors, des

données correctes doivent être utilisées, comme le titre le journal canadien *The Star* : “*Math modellers say lack of data makes curve flattening difficult to predict*”⁵ (24 mars 2020).

Après des discussions avec les groupes de recherche en mathématiques appliquées de l’Université de Californie UCLA, C. Strohmeier a proposé un projet collaboratif *Polymath*⁶ visant à regrouper dans un seul dépôt

- des ensembles de données publiques sur la pandémie COVID-19,
- des demandes pour de tels ensembles de données,
- des demandes de nettoyage de ces ensembles (en effet, les jeux de données peuvent être entachés d’erreurs : erreurs de mesure, d’encodage, de transcription, valeurs aberrantes, données manquantes, . . .), et
- des soumissions d’ensembles nettoyés.

Ces données correctement agencées permettront d’affiner au mieux les modèles et d’en estimer finement les paramètres.

REMERCIEMENTS

Grand merci à mon épouse Christelle, professeure de mathématique dans l’enseignement secondaire, pour ses relectures attentives (s’il reste des erreurs, j’en suis le seul responsable) et pour ses commentaires avisés. Plusieurs collègues m’ont également fait des retours bien utiles : Amandine, Martine, Pierre L., Pierre M., Thomas et Valérie. Enfin, mon collègue Philippe Lambert, spécialiste du sujet (il a par exemple appliqué ses méthodes à la propagation du virus Ebola [6]), m’a permis d’éviter de tomber dans certains pièges et d’améliorer certains passages de ce texte.

RÉFÉRENCES

- [1] R. M. Anderson, R. M. May, Population biology of infectious diseases : Part I, *Nature* **280**, 361–367, 1979.
- [2] D. Fanelli, F. Piazza, Analysis and forecast of COVID-19 spreading in China, Italy and France, *Chaos Solitons Fractals* **134** (2020), 109761.
- [3] J. Bair, D. Justens, Un nouveau projet Polymath sur le coronavirus, communication personnelle, à paraître.

5. Selon les mathématiciens spécialistes de la modélisation, le manque de données entraîne que l’aplatissement de la courbe est difficile à prévoir.

6. Le projet Polymath est une collaboration entre mathématiciens visant à résoudre des problèmes importants et difficiles en coordonnant les efforts de nombreux mathématiciens pour qu’ils communiquent entre eux dans le but de résoudre, pour le bien commun, ces problèmes. Un *polymathe*, au sens premier du terme, est un génie universel ayant une grande connaissance de nombreux sujets.

- [4] G. De Luca, K. Van Kerckhove, P. Coletti, C. Poletto, N. Bossuyt, N. Hens, V. Colizza, The impact of regular school closure on seasonal influenza epidemics : a data-driven spatial transmission model for Belgium, 2017.
- [5] O. Diekmann, J.A.P. Heesterbeek, M.G. Roberts, The construction of next-generation matrices for compartmental epidemic models, *J. R. Soc. Interface* **7** (47), 873–885, 2010.
- [6] G. Frasso, P. Lambert, Bayesian inference in an extended SEIR model with nonparametric disease transmission rate : an application to the Ebola epidemic in Sierra Leone, *Biostatistics* **17**, 779–792, 2016.
- [7] T. Gowers, How long should a lockdown-relaxation cycle last ?
gowers.wordpress.com
- [8] T. Harko, F. S. N. Lobo, M. K. Mak, Exact analytical solutions of the susceptible-infected-recovered (SIR) epidemic model and of the SIR model with equal death and birth rates, *Appl. Math. Comput.* **236**, 184–194, (2014).
- [9] W. O. Kermack, A. G. McKendrick, A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics, *Proc. Roy. Soc. Lond. A* **115**, 700–721, 1927.
- [10] S. Kissler, C. Tedijanto, M. Lipsitch, Y. Grad, Social distancing strategies for curbing the COVID-19 epidemic,
<http://nrs.harvard.edu/urn-3:HUL.InstRepos:42638988>
- [11] M. Martcheva, *An Introduction to Mathematical Epidemiology*, Springer, 2015.
- [12] D. Smith, L. Moore, The SIR Model for spread of disease, *Math. Assoc. America*, 2004.
- [13] S. Elaydi, *An Introduction to Difference Equations*, Springer, 2005.
- [14] M. Freiburger, Maths in a minute : “R nought” and herd immunity, *Plus magazine*, 2 avril 2020.
- [15] N. M. Ferguson *et al.*, Impact of non-pharmaceutical interventions (NPIs) to reduce COVID-19 mortality and healthcare demand, doi.org/10.25561/77482

DÉPARTEMENT DE MATHÉMATIQUE, UNIVERSITÉ DE LIÈGE, ALLÉE DE LA DÉCOUVERTE 12 (B37), M.Rigo@uliege.be