

RÉPUBLIQUE ALGÉRIENNE DÉMOCRATIQUE ET POPULAIRE  
MINISTÈRE DE L'ENSEIGNEMENT SUPÉRIEURE DE LA RECHERCHE  
SCIENTIFIQUE

---

UNIVERSITÉ ABOU BEKR BELKAID TLEMCEM



Faculté des Sciences  
Département de Mathématiques

## MÉMOIRE DE MASTER

Option : Biomathématiques & Modélisation

présenté par

M. KHELKHAL KHALED

---

# Estimation du taux de transmission à partir d'un modèle SI : Application à la maladie du covid-19

---

Soutenu le /09/2021 devant le jury composé de :

M. BOUIZEM MOHAMMED	M.C.A	Université de Tlemcen	Président
Mme. MOKKEDEM FATIMA ZAHRA	M.C.A	Université de Tlemcen	Examinatrice
M. MOUSSAOUI ALI	Professeur	Université de Tlemcen	Encadreur

**Année Universitaire : 2020-2021**

# Remerciements

En préambule à ce mémoire, je remercie **ALLAH** de la patience et de la volonté qu'il m'a donné pour réaliser ce travail.

Tout d'abord, je souhaite adresser mes remerciements à mes chers parents **Boumediene** et **Nouria** pour leur amour, leur conseil ainsi que leur soutien inconditionnel, à la fois moral et matériel, qui m'ont permis de concrétiser mon rêve et réaliser les études que je voulais et par conséquent ce mémoire.

Je voudrais adresser toute ma gratitude et mes remerciements les plus sincères au directeur de ce mémoire **M. Ali Moussaoui** pour sa patience, sa disponibilité, sa gentillesse et surtout ses judicieux conseils, qui ont contribué à alimenter ma réflexion, et aussi pour les connaissances qu'il a su me transmettre pour bien avancer dans mon travail.

Je voudrais adresser mes sincères remerciements et ma grande gratitude à **M. Bouizem Mohammed** et à **Mme. Mokeddem Fatima Zahra** non seulement pour leur consentement d'examiner ce mémoire mais également pour leur soutien, conseil, et aussi pour leur confiance en moi.

Je tiens à saisir cette occasion et adresser mes remerciements et mes reconnaissances au corps professoral et administratif de l'université d'**Abou bekr Belkaid de Tlemcen** pour la richesse et la qualité de leurs enseignements et qui déploient de grands efforts pour assurer à leurs étudiants une formation forte et actualisée.

Aussi, je voudrais exprimer mes reconnaissances envers mes proches en particulier ma **sœur** et mon **frère** et mes deux amis **Hadjer** et **Abdelkarim** qui m'ont apporté leur soutien moral et intellectuel tout au long de ma démarche.

Finalement je voudrais remercier la personne qui m'a encouragé, conseillé, soutenu et aidé avec tout les moyens possibles, et qui ma accompagné durant la préparation de ce mémoire, mon cher ami **M. Abderrahim Sidi Mohammed**.

---

Ce mémoire détaille l'article [1] intitulé :  
SI epidemic model applied to COVID-19  
data in mainland China.

# Table des matières

<b>1</b>	<b>Introduction</b>	<b>4</b>
1.1	Cadre biologique . . . . .	4
1.2	Préliminaires . . . . .	7
1.2.1	Modèles compartimentaux en épidémiologie : . . . . .	7
1.2.2	Modèle $SI$ : . . . . .	7
1.2.3	Durée moyenne de la période infectieuse : . . . . .	7
1.2.4	Équation intégrale de Volterra : . . . . .	8
1.2.5	Équation logistique : . . . . .	8
1.3	Modélisation mathématique . . . . .	9
<b>2</b>	<b>Estimation de <math>\tau(t_0)</math> et <math>I_0</math> au stade précoce de l'épidémie</b>	<b>13</b>
2.1	Taux de transmission constant . . . . .	13
2.2	Taux de transmission dépendant du temps . . . . .	18
<b>3</b>	<b>Formule explicite pour <math>\tau(t)</math> et <math>I_0</math></b>	<b>20</b>
3.1	Équation de Bernoulli-Verhulst . . . . .	20
3.2	Taux de transmission journalier. . . . .	24
<b>4</b>	<b>Simulations numériques</b>	<b>27</b>
4.1	Algorithme 1 . . . . .	27
4.2	Algorithme 2 . . . . .	36
4.3	Nombre de reproduction de base $R_0(t)$ : . . . . .	40
<b>5</b>	<b>Discussion</b>	<b>44</b>
	<b>Bibliographie</b>	<b>47</b>

# Chapitre 1

## Introduction

### 1.1 Cadre biologique

Le COVID-19 ou la maladie à coronavirus 2019 est une maladie contagieuse causée par le Coronavirus 2 nommé aussi SARS-CoV-2 (syndrome respiratoire aigu sévère). Le premier cas connu a été découvert en Chine, exactement à Wuhan, à la fin de l'année 2019. La maladie s'est depuis propagée dans le monde entier, entraînant une pandémie mondiale en cours.

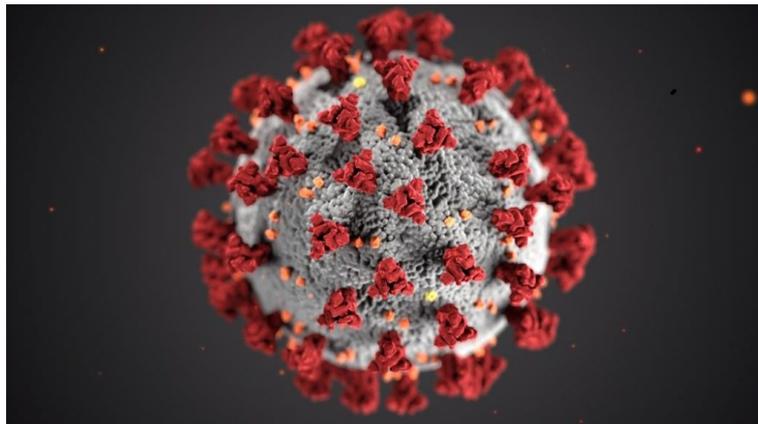


FIGURE 1.1 – SARS-CoV-2 3D.

### Transmission

Le virus peut se propager lorsque une personne infectée tousse, éternue, parle, chante ou respire profondément expulsant des particules de différentes tailles, allant de grandes gouttelettes respiratoires à des aérosols trop petits.

Donc les personnes qui sont plus exposées à la contamination sont celles qui sont en contact étroit les unes avec les autres, généralement à moins d'un mètre (à une faible distance). Aussi si elles se trouvent dans des espaces intérieurs mal ventilés car il y a des recherches qui montre que le virus reste en suspension dans l'air et se déplace sur de longues distances.

On peut aussi être infecté si on touche des surfaces contaminées, puis on porte les

mains aux yeux, à la bouche ou au nez avant de se les être lavées.

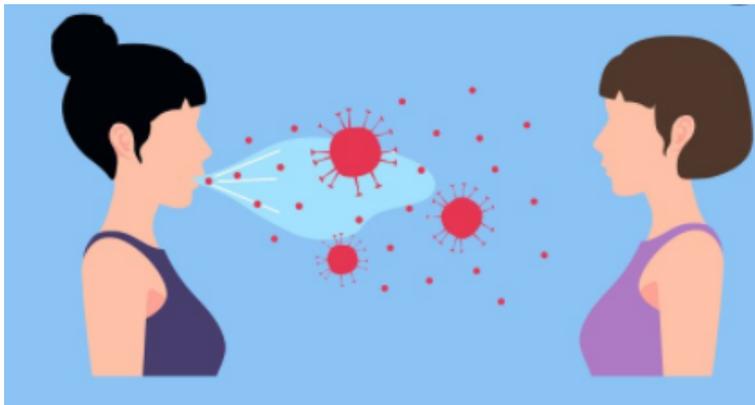


FIGURE 1.2 – Transmission du COVID-19.

## Symptômes

Le COVID-19 affecte les individus de différentes manières. Certaines personnes infectées développent une forme légère (faible) de la maladie et guérissent sans hospitalisation. D'autres montrent des symptômes fréquents comme la fièvre, la toux sèche et surtout la fatigue, certaines personnes finissent par avoir une difficulté respiratoire car le virus touche les poumons en premier.

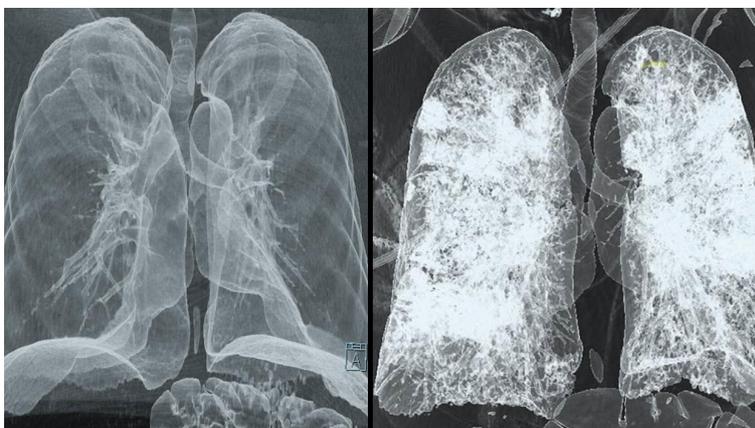


FIGURE 1.3 – Poumon sain vs Poumon infecté par le COVID-19.

## Dépistage du COVID-19

Les individus passent un test moléculaire permettant d'identifier ceux qui sont potentiellement infectés par le virus au moment du test. Ce test d'amplification en chaîne par polymérase (PCR) pour le COVID-19 recherche l'ARN viral dans un prélèvement du nez et de la gorge. Le virus peut aussi être dépister par les prélèvements sanguins.



FIGURE 1.4 – Test PCR et Sanguin

## Mesures d'atténuations des risques

- Décourager les personnes malades d'entrer dans les lieux publics.
- Garder une distance d'un ou deux mètres par rapport aux autres.
- Éviter les surfaces fréquemment touchées par d'autres personnes.
- Laver les mains régulièrement, surtout avant de toucher aux yeux, à la bouche ou le nez.
- En ce qui concerne le port de masque, on se réfère au travail de M.Ali Mousaoui [2] afin de montrer l'efficacité du port du masque pour diminuer le  $R_0$  (le nombre de cas générés directement par un cas dans une population saine sachant que les individus sont sensibles à une maladie transmissible).



FIGURE 1.5 – Mesures d'atténuations

## 1.2 Préliminaires

### 1.2.1 Modèles compartimentaux en épidémiologie :

Les modèles mathématiques de maladies infectieuses sont des outils purement théoriques utilisés pour faciliter les calculs de probabilité de contagion. Ces modèles divisent la population en classes épidémiologiques dites compartiments, par exemple les modèles  $SI$ ,  $SIR$ ,  $SEIR$ , etc.

### 1.2.2 Modèle $SI$ :

$$\begin{cases} S'(t) = -\beta S(t)I(t), \\ I'(t) = \beta S(t)I(t) - \nu I(t), \end{cases}$$

avec  $S(t)$  est le nombre de personnes susceptibles et  $I(t)$  est le nombre de personnes infectieuses au temps  $t$ . Ce système est complété par des données initiales

$$S(t_0) = S_0 \geq 0 \text{ et } I(t_0) = I_0 \geq 0.$$

Le paramètre  $\beta$  représente le taux de transmission de la maladie contagieuse, et  $\nu$  est le taux de mortalité ou de guérison (i.e le taux de personnes qui quittent le compartiment des infectés).

### 1.2.3 Durée moyenne de la période infectieuse :

On considère le modèle  $SI$ , et pour calculer la durée moyenne de la période infectieuse on utilise quelques outils de probabilité.

Soit  $X(w)$  une variable aléatoire continue, avec  $w$  représente les individus de la population infectée, et  $X(w)$  est la période infectieuse d'un individu  $w$ .

On essaye de répondre à la question suivante :

quelle est la probabilité que la période infectieuse de  $w$  soit supérieure ou égale à  $t$  ? (ie : la probabilité d'être toujours infecté à l'instant  $t$ ).

$$P(X(w) \geq t),$$

et on note  $P(t)$ , et on calcul la variation dans la probabilité la période infectieuse pendant un laps de temps  $h$ .

$$\frac{P(t+h) - P(t)}{h} = -\nu P(t),$$

puis on passe à la limite et on obtient le système suivant :

$$\begin{cases} P'(t) = -\nu P(t), \\ P(0) = 1, \end{cases}$$

la solution de ce système est :  $p(t) = e^{-\nu t}$ , maintenant on cherche la loi de notre variable aléatoire  $X$ .

$$P(X(w) \leq t) = 1 - P(X(w) \geq t),$$

la fonction de répartition est définie par cette formule.

$$F(t) = P(X(w) \leq t) = 1 - e^{-\nu t}.$$

On dérive  $F$  par rapport à  $t$  pour trouver la fonction de densité de  $X$ ,

$$f(t) = \nu e^{-\nu t},$$

donc la variable aléatoire  $X$  suit une loi exponentielle de paramètre  $\nu$  et on note  $X \rightarrow Exp(\nu)$ .

Notre but était de calculer la durée moyenne de la période infectieuse et pour cela on calcul l'espoir mathématique de la variable aléatoire  $X$ .

$$E(X) = \int_0^{+\infty} t f(t) dt = \nu \int_0^{+\infty} t e^{-\nu t} dt = \nu \cdot \frac{1}{\nu^2} = \frac{1}{\nu},$$

après calcul on a trouvé que la durée moyenne de la période infectieuse est égale à  $1/\nu$ .

### 1.2.4 Équation intégrale de Volterra :

Les équations intégrales dépendent d'une fonction  $G$ , appelée le noyau de l'équation, la principale différence entre les équations de Volterra et les autres équations intégrales se trouve dans les bornes de l'opérateur intégral car celles des équations de Volterra sont variables.

#### Équation intégrale de Volterra de première espèce :

$$K(x) = \int_a^x G(x, t, f(t)) dt, \quad a \leq t \leq x \leq b.$$

Où  $f$  est la fonction inconnue,  $K$  et  $G$  sont des fonctions données.

#### Équation intégrale de Volterra de seconde espèce :

$$f(x) = K(x) + \lambda \int_a^x G(x, t, f(t)) dt, \quad a \leq t \leq x \leq b.$$

Où  $f$  est la fonction inconnue,  $K$  et  $G$  sont des fonctions données, et  $\lambda$  un paramètre numérique fixe.

### 1.2.5 Équation logistique :

L'équation logistique, également connue sous le nom modèle de **Verhulst** (ou courbe de croissance logistique).

$$\frac{dx}{dt} = rx \left(1 - \frac{x}{K}\right),$$

avec  $r$  est le taux de croissance intrinsèque, et  $K$  est la capacité limite du milieu.

### 1.3 Modélisation mathématique

Chaque modèle mathématique est conçu pour simplifier arbitrairement le phénomène étudié, on le choisit en tenant compte des questions auxquelles il est censé répondre, par exemple : la description, la compréhension ou bien la prévision. **Dans ce travail notre but est d'estimer le taux de transmission de la maladie du COVID-19.**

L'estimation du taux de transmission moyen est l'un des défis les plus cruciaux de l'épidémiologie des maladies transmissibles. Ce taux conditionne l'entrée en phase épidémique de la maladie et son retour en phase d'extinction s'il a suffisamment diminué. Il est la combinaison de trois facteurs, le premier est le coefficient de virulence, lié à l'agent infectieux (dans le cas des maladies infectieuses transmissibles), l'autre, est le coefficient de susceptibilité, lié à l'hôte (tous résumés dans la probabilité de transmission), ainsi que le nombre de contact par unité de temps entre les individus. Le coefficient de virulence peut changer au fil du temps en raison d'une mutation au cours de l'histoire de la maladie. Le deuxième et le troisième coefficients changent aussi, si des mesures d'atténuation ont été prises, par exemple en Chine dès le début de la pandémie on a imposé un confinement total.

Le suivi de la diminution du taux moyen de taux de transmission est un excellent moyen de contrôler l'efficacité de ces mesures d'atténuation. L'estimation de ce taux est donc un problème central dans la lutte contre les épidémies.

L'objectif de ce mémoire est de comprendre comment comparer le modèle SI aux données épidémiques rapportées et, par conséquent, le modèle peut être utilisé pour prédire l'évolution future de la propagation de l'épidémie et tester divers scénarios possibles de mesures d'atténuation sociale. Pour  $t \geq t_0$ , le modèle  $SI$  est donné par :

$$\begin{cases} S'(t) = -\tau(t)S(t)I(t), \\ I'(t) = \tau(t)S(t)I(t) - \nu I(t), \end{cases} \quad (1.3.1)$$

avec  $S(t)$  est le nombre de personnes susceptibles et  $I(t)$  est le nombre de personnes infectieuses au temps  $t$ . Ce système est complété par des données initiales

$$S(t_0) = S_0 \geq 0 \text{ et } I(t_0) = I_0 \geq 0. \quad (1.3.2)$$

Dans ce modèle, le taux de transmission  $\tau(t)$  combine le nombre de contacts par unité de temps et la probabilité de transmission. La transmission de l'agent pathogène des individus infectieux aux individus sensibles est décrite par une loi d'action de masse  $\tau(t)S(t)I(t)$  (qui est aussi le flux de nouveaux infectieux). La quantité  $1/\nu$  est la durée moyenne de la période infectieuse et  $\nu I(t)$  est le flux d'individus en voie de guérison ou de mort. A la fin de la période infectieuse, nous supposons qu'une fraction  $f \in (0,1]$  des individus infectieux est déclarée. Soit  $CR(t)$  le nombre cumulé de cas déclarés. Nous supposons que

$$CR(t) = CR_0 + \nu f CI(t), \text{ pour } t \geq t_0, \quad (1.3.3)$$

où

$$CI(t) = \int_{t_0}^t I(\sigma) d\sigma. \quad (1.3.4)$$

**Hypothèse 1.1** *On suppose que*

- $S_0 > 0$  : le nombre d'individus susceptibles au moment  $t_0$  où nous commençons à utiliser le modèle,
- $1/\nu > 0$  : la durée moyenne de la période infectieuse,
- $f \in (0, 1]$  : la fraction des individus déclarés,

*sont des paramètres connus.*

Tout au long de ce travail, le paramètre  $S_0 = 1,4 \times 10^9$  correspondra à la population totale de la Chine. Le nombre réel de personnes sensibles  $S_0$  peut être plus faible car certains individus peuvent être partiellement (ou totalement) immunisés par des infections antérieures ou d'autres facteurs. Cela est également vrai pour le SARS-CoV2, même si le covid-19 est une maladie nouvellement émergente.

Au début de l'épidémie, la durée moyenne de la période infectieuse  $1/\nu$  était inconnue, puisque le virus n'a jamais été étudié dans le passé. Par conséquent, au début de l'épidémie de covid-19 les médecins et les scientifiques de la santé publique ont utilisé la durée moyenne de la période infectieuse précédemment estimée pour faire des recommandations de santé publique. Période infectieuse pour formuler certaines recommandations de santé publique. Nous montrons ici que la durée moyenne de la période est impossible à estimer en utilisant uniquement la série chronologique des cas rapportés, et doit donc être identifiée par d'autres moyens. En fait, avec les données du SARS-CoV2 en Chine, nous nous adapterons presque parfaitement au nombre cumulé de cas rapportés pour toute valeur non négative  $1/\nu < 3,3$  jours. Dans la littérature, plusieurs estimations ont été obtenues : 11 jours dans [7], 9,5 jours dans [8], 8 jours dans [9] et 3,5 jours dans [10]. L'étude récente de Byrne et al [11] se concentre sur l'estimation exacte de la durée moyenne de la période infectieuse.

### Résultats

Dans la dernière partie du chapitre 2, notre analyse montre que :

- Il est impossible d'estimer la valeur exacte de la durée d'infectiosité en utilisant des modèles  $SI$ . Plusieurs valeurs de la durée moyenne de la période infectieuse donnent exactement le même ajustement aux données.
- Nous pouvons estimer une borne supérieure pour la durée d'infectiosité en utilisant des modèles  $SI$ . Dans le cas du SARS-CoV2 en Chine, cette borne supérieure est de 3,3 jours.

Dans [12], on a vérifié que la transmission de l'infection par le covid-19 peut se faire à partir d'un individu infectieux qui n'est pas encore symptomatique. Dans [13], on a montré que les individus infectés par le covid-19 développent en général des symptômes, y compris des symptômes respiratoires légers et de la fièvre, en moyenne 5-6 jours après la date de l'infection (avec un degré de confiance de 95%, fourchette de 1 à 14 jours). Dans [14], l'étude a montré que le temps médian avant l'apparition des symptômes est de 3 jours. Le plus court, est de 1 jour et le plus long, est de 24 jours. Il est évident que ces périodes jouent un rôle important dans la compréhension

de la dynamique de transmission du covid-19. Ici, la fraction d'individus déclarée  $f$  est également inconnue.

**Résultats**

Dans la dernière partie du chapitre 2, notre analyse montre que :

- Il est impossible d'estimer la fraction de la population déclarée en utilisant des modèles  $SI$ . Plusieurs valeurs de la fraction de la population déclarée donnent exactement le même ajustement aux données.
- Nous pouvons estimer une borne inférieure pour la fraction des déclarés. Nous obtenons  $3,83 \times 10^{-5} < f \leq 1$ . Cette borne inférieure n'est pas significative. Par conséquent, nous ne pouvons rien dire sur la fraction des déclarés à partir de cette classe de modèles.

En conséquence, les paramètres  $1/\nu$  et  $f$  doivent être estimés par une autre méthode, par exemple par une méthode d'enquête directe qui devrait être employée sur un échantillon approprié de la population en question.

Un des objectifs de ce travail est de se concentrer sur l'estimation des deux paramètres restants. A savoir, connaissant les paramètres susmentionnés, nous envisageons d'identifier

- $I_0$  le nombre initial d'infectieux au temps  $t_0$ ,
- $\tau(t)$  le taux de transmission au temps  $t$ .

Ce problème a déjà été examiné dans plusieurs articles. Au début des années 1970, London et Yorke [15],[16] ont déjà discuté le taux de transmission en fonction du temps dans le contexte de la rougeole, de la varicelle et des oreillons. Plus récemment, dans Wang et Ruan [17] la question de la reconstruction du taux de transmission a été examinée pour l'épidémie de SARS de 2002-2004 en Chine. Dans Chowell et al [18], une forme spécifique a été choisit pour le taux de transmission et appliquée à l'épidémie d'Ebola au Congo. Une autre approche a également été proposée par Smirnova et al. [19]. Dans le chapitre 2, nous expliquons comment appliquer la méthode présentée par Liu et al. [20] pour ajuster les données cumulatives précoces du SARS-CoV2 en Chine. Cette méthode permet de calculer  $I_0$  et  $\tau_0 = \tau(t_0)$  au stade précoce de l'épidémie. En dernière partie du chapitre 2, nous établissons un résultat d'identifiabilité par la technique de Haderer [21].

Dans le chapitre 3, nous utilisons le modèle de Bernoulli-Verhulst [29] comme modèle phénoménologique pour modéliser le problème. Comme cela a été observé dans plusieurs articles, les données de la Chine continentale (et d'autres pays également) peuvent être très bien ajustées en utilisant ce modèle. Par conséquent, nous obtenons une formule explicite pour  $\tau(t)$  et  $I_0$  exprimées en fonction des paramètres du modèle de Bernoulli-Verhulst et des autres paramètres du modèle  $SI$ .

Cette approche donne une très bonne description de cet ensemble de données. L'inconvénient est qu'elle nécessite une évaluation de la taille finale  $CR_\infty$  dès le début (ou du moins, elle nécessite une estimation de cette quantité).

Par conséquent, dans un souci de prédiction, nous explorerons dans les autres sections de ce manuscrit la possibilité de construire un modèle jour par jour. Nous devons ici nous référer à Bakhta et al. [22] où une autre méthode de prévision originale a été proposée.

Dans la deuxième partie du chapitre 3, nous montrons que les données cumula-

tives quotidiennes peuvent être approchées parfaitement par une séquence de taux de transmission constants jour par jour. Dans le chapitre 4, nous proposons une méthode numérique pour calculer une telle séquence (constante par morceaux). Le dernier chapitre est consacré à la discussion, et nous présentons quelques figures montrant le nombre de reproduction de base quotidien pour l'épidémie du COVID-19 en Chine.

# Chapitre 2

## Estimation de $\tau(t_0)$ et $I_0$ au stade précoce de l'épidémie

### 2.1 Taux de transmission constant

Dans ce chapitre, nous appliquons la méthode présentée dans [23] au modèle  $SI$  qui consiste à identifier les données du covid-19 récoltées en Chine avec ce modèle. Au début de l'épidémie nous pouvons supposer que  $S(t)$  est presque constant et égal à  $S_0$ . Nous pouvons également supposer que  $\tau(t)$  reste constant et égal à  $\tau_0 = \tau(t_0)$ . Par conséquent, en remplaçant ces paramètres dans la première équation du système (1.3.1) nous obtenons

$$I'(t) = (\tau_0 S_0 - \nu)I(t).$$

Par conséquent,

$$I(t) = I_0 e^{\chi_2(t-t_0)},$$

où

$$\chi_2 = \tau_0 S_0 - \nu. \quad (2.1.1)$$

En utilisant (1.3.3) nous obtenons

$$CR(t) = CR_0 + \nu f I_0 \frac{e^{\chi_2(t-t_0)} - 1}{\chi_2}. \quad (2.1.2)$$

Nous obtenons un premier modèle phénoménologique pour le nombre cumulé de cas déclarés (valable uniquement au début de l'épidémie).

$$CR(t) = \chi_1 e^{\chi_2 t} - \chi_3. \quad (2.1.3)$$

Dans la figure 2.1, nous comparons le modèle aux données COVID-19 pour la Chine. Les données utilisées dans l'article sont tirées de [24]-[26] et rapportées dans l'annexe A. Afin d'estimer le paramètre  $\chi_3$ , nous minimisons la distance entre  $CRData(t) + \chi_3$  et le meilleur ajustement exponentiel  $t \rightarrow \chi_1 e^{\chi_2 t}$  (c'est-à-dire que nous utilisons la fonction Matlab `fit(t, data, 'exp1')`).

**Le nombre initial estimé d'infectés et le taux de transmission**

En utilisant (1.3.3) et (2.1.3) nous obtenons :

$$I_0 = \frac{CR'(t_0)}{\nu f} = \frac{\chi_1 \chi_2 e^{\chi_2 t_0}}{\nu f}, \quad (2.1.4)$$

et en utilisant (2.1.1), nous avons

$$\tau_0 = \frac{\chi_2 + \nu}{S_0}. \quad (2.1.5)$$

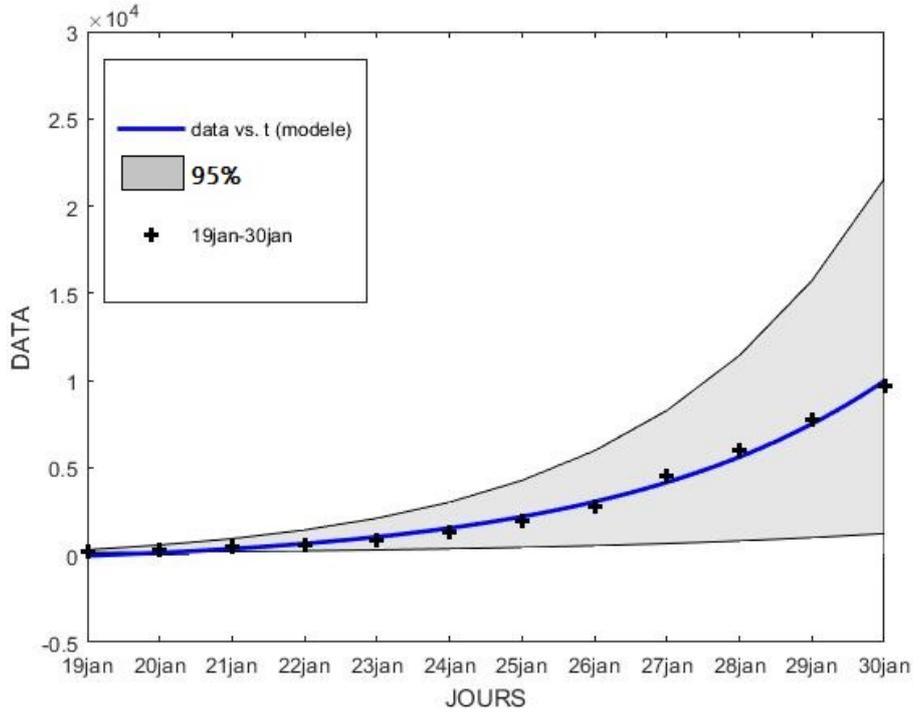


FIGURE 2.1 – Dans cette figure, nous représentons le meilleur ajustement du modèle exponentiel au nombre cumulé de cas déclarés de COVID-19 en Chine entre le 19 janvier et le 31 janvier. Nous obtenons  $\chi_1 = 3,7366$ ,  $\chi_2 = 0,2650$  et  $\chi_3 = 615,41$  avec  $t_0 = 19$  février. Le paramètre  $\chi_3$  est obtenu en minimisant l'erreur entre le meilleur ajustement exponentiel et les données.

**Remarque 2.1** En fixant  $f = 0,5$  et  $\nu = 0,2$ , on obtient

$$I_0 = 3.7366 \times 0.2650 \times \frac{\exp(0.2650 \times 19)}{(0.2 \times 0.5)} = 1521,$$

et

$$\tau_0 = \frac{0.2650 + 0.2}{1.4 \times 10^9} = 3.34214 \times 10^{-10}.$$

L'influence des erreurs commises dans les estimations (au début de l'épidémie) a été prise en compte dans un article récent de Roda et al [27]. Pour comprendre ce problème, considérons d'abord le cas du taux de transmission  $\tau(t) = \tau_0$  dans le modèle (1.3.1). Dans ce cas, (1.3.1) devient

$$\begin{cases} S'(t) = -\tau_0 S(t)I(t), \\ I'(t) = \tau_0 S(t)I(t) - \nu I(t). \end{cases} \quad (2.1.6)$$

En utilisant la première équation du modèle (2.1.6), nous obtenons

$$S(t) = S_0 \exp(-\tau_0 \int_{t_0}^t I(\sigma) d\sigma) = S_0 \exp(-\tau_0 CI(t)),$$

où  $CI(t)$  est le nombre cumulé d'individus infectieux. En substituant  $S(t)$  par cette formule dans la deuxième équation de (2.1.6), on obtient

$$I'(t) = S_0 \exp(-\tau_0 CI(t)) \tau_0 CI'(t) - \nu I(t).$$

Par conséquent, en intégrant l'équation ci-dessus entre  $t_0$  et  $t$ , nous obtenons

$$CI'(t) = I_0 + S_0[1 - \exp(-\tau_0 CI(t))] - \nu CI(t). \quad (2.1.7)$$

L'équation (2.1.7) est monotone. Nous faisons appel au travail de HL Smith [28] pour une présentation complète des systèmes monotones. En appliquant un principe de comparaison à (2.1.7), nous sommes en mesure de confirmer l'intuition sur les modèles  $SI$  épidémiques. Notez que les propriétés monotones ne sont vraies que pour le nombre cumulé d'infectieux (c'est faux pour le nombre d'infectieux).

**Théorème 1** *Pour  $t > t_0$  fixé, le nombre cumulé de contagieux  $CI(t)$  est strictement croissant par rapport aux quantités suivantes*

- i)  $I_0 > 0$  le nombre initial d'individus infectieux ;
- ii)  $S_0 > 0$  le nombre initial d'individus susceptibles ;
- iii)  $\tau > 0$  le taux de transmission ;
- iv)  $1/\nu > 0$  la durée moyenne de la période d'infectiosité.

**Erreur dans le nombre initial estimé d'infectés et le taux de transmission**

Supposons que les paramètres  $\chi_1$  et  $\chi_2$  soient estimés avec un intervalle de confiance de 95%

$$\chi_{1.95\%}^- \leq \chi_1 \leq \chi_{1.95\%}^+$$

et

$$\chi_{2.95\%}^- \leq \chi_2 \leq \chi_{2.95\%}^+$$

nous obtenons

$$I_{0.95\%}^- := \frac{\chi_{1.95\%}^- \chi_{2.95\%}^- e^{\chi_{2.95\%}^- t_0}}{\nu f} \leq I_0 \leq I_{0.95\%}^+ := \frac{\chi_{1.95\%}^+ \chi_{2.95\%}^+ e^{\chi_{2.95\%}^+ t_0}}{\nu f} \quad (2.1.8)$$

et

$$\tau_{0.95\%}^- := \frac{\chi_{2.95\%}^- + \nu}{S_0} \leq \tau_0 \leq \tau_{0.95\%}^+ := \frac{\chi_{2.95\%}^+ + \nu}{S_0} \quad (2.1.9)$$

**Remarque 2.2** *En utilisant les données pour la Chine, nous obtenons*

$$\chi_{1.95\%}^- = 1.57, \chi_{1.95\%}^+ = 5.89, \chi_{2.95\%}^- = 0.24, \chi_{2.95\%}^+ = 0.28 \quad (2.1.10)$$

Dans la figure 2.2, nous traçons les bornes supérieure et inférieure  $CR^+(t)$  (obtenues en utilisant  $I_0 = I_{0.95\%}^+$  et  $\tau_0 = \tau_{0.95\%}^+$ ) et  $CR_{0.95\%}^-(t)$  (obtenue en utilisant  $I_0 = I_{0.95\%}^-$  et  $\tau_0 = \tau_{0.95\%}^-$ ) correspondant à la région bleue et la courbe noire correspond à la meilleure valeur estimée  $I_0 = 1521$  et  $\tau_0 = 3,3214 \times 10^{-10}$ . Rappelons que la taille finale de l'épidémie correspond à l'équilibre positif de (2.1.7)

$$0 = I_0 + S_0[1 - \exp(-\tau_0 CI_\infty)] - \nu CI_\infty. \quad (2.1.11)$$

Dans la figure 2.2, les changements dans les paramètres  $I_0$  et  $\tau_0$  (dans (2.1.8) et (2.1.9)) n'affectent pas de manière significative la taille finale.

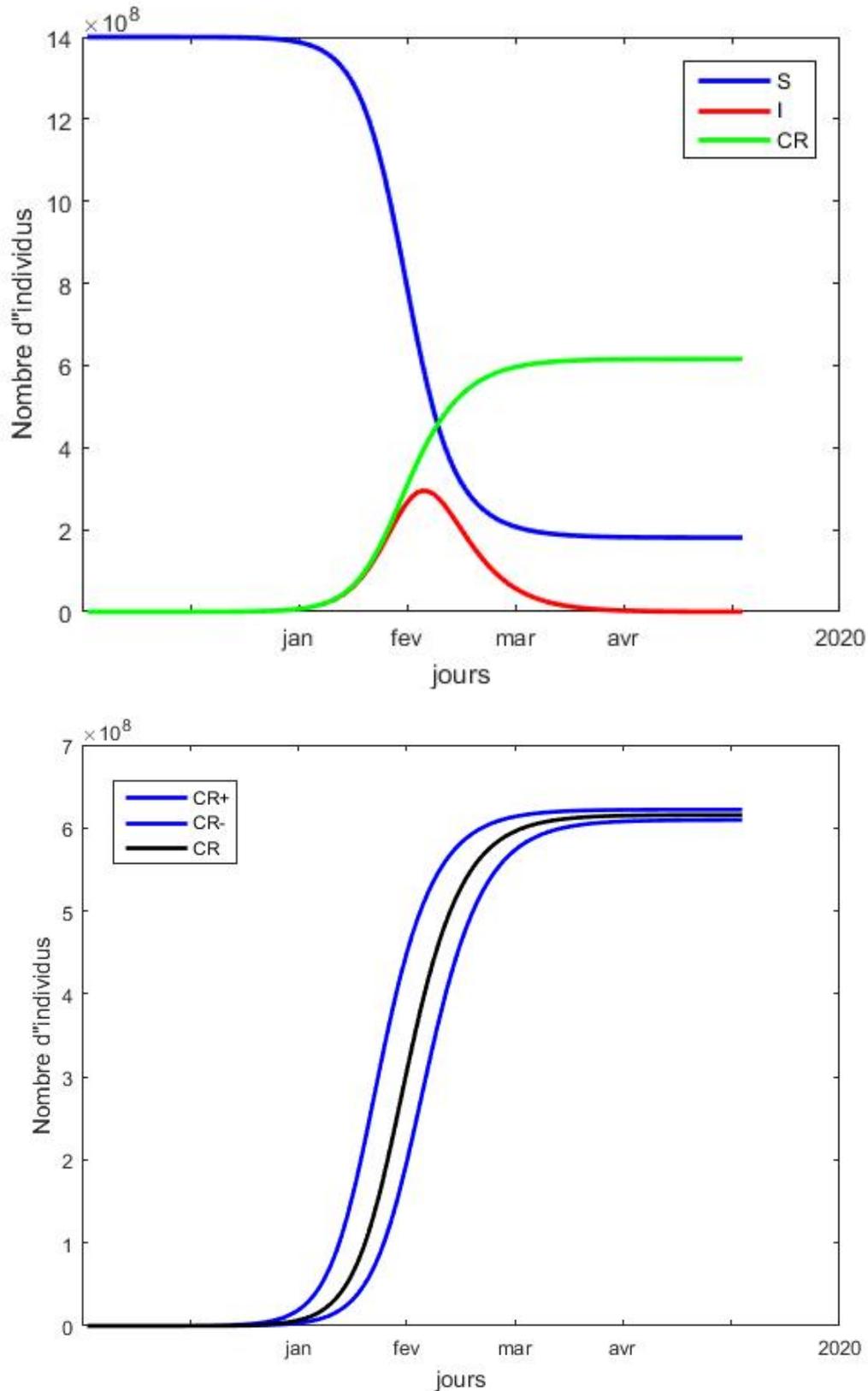


FIGURE 2.2 – Dans cette figure, la courbe noire correspond au nombre cumulé de cas rapportés  $CR(t)$  obtenu à partir du modèle (2.1.6) avec  $CR'(t) = \nu fI(t)$  en utilisant les valeurs  $I_0 = 1521$  et  $\tau_0 = 3.32 \times 10^{-10}$  obtenues par la méthode présentée dans ce travail et les données précoces du 19 janvier au 31 janvier. La région bleue correspond à l'intervalle de confiance à 95% lorsque le taux de transmission  $\tau(t)$  est constant et égal à la valeur estimée  $\tau_0 = 3,32 \times 10^{-10}$ .

## 2.2 Taux de transmission dépendant du temps

En utilisant la première équation du modèle (1.3.1), nous obtenons

$$S(t) = S_0 \exp \left( - \int_{t_0}^t \tau(\sigma) I(\sigma) d\sigma \right).$$

Ensuite, en utilisant la deuxième équation du modèle (1.3.1), nous obtenons

$$I'(t) = S_0 \exp \left( - \int_{t_0}^t \tau(\sigma) I(\sigma) d\sigma \right) \tau(t) I(t) - \nu I(t),$$

et en intégrant entre  $t_0$  et  $t$ , on obtient une équation intégrale de Volterra pour le nombre cumulé d'infectés

$$CI'(t) = I_0 + S_0 \left[ 1 - \exp \left( - \int_{t_0}^t \tau(\sigma) I(\sigma) d\sigma \right) \right] - \nu CI(t), \quad (2.2.1)$$

ce qui est équivalent à (en utilisant (1.3.3))

$$\begin{aligned} CR'(t) = \nu f \left( I_0 + S_0 \left[ 1 - \exp \left( - \frac{1}{\nu f} \int_{t_0}^t \tau(\sigma) CR'(\sigma) d\sigma \right) \right] \right) + \nu CR_0 \\ - \nu CR(t). \end{aligned} \quad (2.2.2)$$

Le résultat suivant permet d'obtenir une correspondance parfaite entre le modèle  $SI$  et le taux de transmission en fonction du temps  $\tau(t)$ .

**Théorème 2** Soient  $S_0, \nu, f, I_0 > 0$  et  $CR_0 \geq 0$  donnés. Soit  $t \rightarrow I(t)$  la deuxième composante du système (1.3.1). Soit  $\widehat{CR} : [t_0, \infty) \rightarrow \mathbb{R}$  une fonction deux fois continuellement différentiable satisfaisant

$$\widehat{CR}(t_0) = CR_0, \quad (2.2.3)$$

$$\widehat{CR}'(t_0) = \nu f I_0, \quad (2.2.4)$$

$$\widehat{CR}'(t) > 0, \forall t \geq t_0, \quad (2.2.5)$$

et

$$\nu f (I_0 + S_0) - \widehat{CR}'(t) - \nu (\widehat{CR}(t) - CR_0) > 0, \forall t \geq t_0. \quad (2.2.6)$$

Alors

$$\widehat{CR}(t) = CR_0 + \nu f \int_{t_0}^t I(s) ds, t \geq t_0, \quad (2.2.7)$$

si et seulement si

$$\tau(t) = \frac{\nu f (\widehat{CR}''(t) / \widehat{CR}'(t) + \nu)}{\nu f (I_0 + S_0) - \widehat{CR}'(t) - \nu (\widehat{CR}(t) - CR_0)}. \quad (2.2.8)$$

**Preuve.** Supposons d'abord que (2.2.7) est satisfaite. En utilisant l'équation (2.2.1), nous déduisons que

$$S_0 \exp\left(-\int_{t_0}^t \tau(\sigma)I(\sigma) d\sigma\right) = I_0 + S_0 - I(t) - \nu CI(t).$$

Par conséquent,

$$\int_{t_0}^t \tau(\sigma)I(\sigma) d\sigma = \ln\left[\frac{S_0}{I_0 + S_0 - I(t) - \nu CI(t)}\right] = \ln(S_0) - \ln[I_0 + S_0 - I(t) - \nu CI(t)].$$

En prenant la dérivée des deux côtés

$$\tau(t)I(t) = \frac{I'(t) + \nu I(t)}{I_0 + S_0 - I(t) - \nu CI(t)} \iff \tau(t) = \frac{(I'(t)/I(t)) + \nu}{I_0 + S_0 - I(t) - \nu CI(t)}, \quad (2.2.9)$$

et en utilisant le fait que  $CR(t) - CR_0 = \nu f CI(t)$  nous obtenons (2.2.8).

Inversement, supposons que  $\tau(t)$  est donné par (2.2.1). Alors si nous définissons  $\tilde{I}(t) = \widehat{CR}'(t)/\nu f$  et  $\widetilde{CI}(t) = (\widehat{CR}(t) - CR_0)/\nu f$ , en utilisant (2.2.3) nous déduisons que

$$\widetilde{CI}(t) = \int_{t_0}^t \tilde{I}(\sigma) d\sigma,$$

et en utilisant (2.2.4)

$$\tilde{I}(t_0) = I_0. \quad (2.2.10)$$

De plus, de (2.2.8), nous déduisons que  $I(t)$  satisfait (2.2.9). En utilisant (2.2.10), on déduit que  $t \rightarrow \widetilde{CI}(t)$  est une solution de (2.2.1).

Par l'unicité de la solution de (2.2.1), nous déduisons que

$$\widetilde{CI}(t) = CI(t), \forall t \geq t_0,$$

ou de manière équivalente  $CR(t) = CR_0 + \nu f \int_{t_0}^t I(s) ds, t \geq t_0$ , la preuve est terminée. ■

# Chapitre 3

## Formule explicite pour $\tau(t)$ et $I_0$

### 3.1 Équation de Bernoulli-Verhulst

De nombreux modèles phénoménologiques ont été comparés aux données de la première phase de l'épidémie COVID-19. Nous renvoyons à l'article de Tsoularis et Wallace [29] pour une bonne étude des équations logistiques généralisées. Considérons ici, par exemple, l'équation de Bernoulli-Verhulst

$$CR'(t) = \chi_2 CR(t) \left( 1 - \left( \frac{CR(t)}{CR_\infty} \right)^\theta \right), \forall t \geq t_0, \quad (3.1.1)$$

avec la donnée initiale

$$CR(t_0) = CR_0 \geq 0.$$

Rappelons la formule explicite de la solution de (3.1.1)

$$CR(t) = \frac{e^{\chi_2(t-t_0)} CR_0}{\left[ 1 + (\chi_2 \theta / CR_\infty^\theta) \int_{t_0}^t (e^{\chi_2(\sigma-t_0)} CR_0)^\theta d\sigma \right]^{1/\theta}} = \frac{e^{\chi_2(t-t_0)} CR_0}{[1 + (CR_0^\theta / CR_\infty^\theta)(e^{\chi_2 \theta(t-t_0)} - 1)]^{1/\theta}}. \quad (3.1.2)$$

**Hypothèse 3.1** *Nous supposons que les nombres cumulés de cas déclarés  $CRData(t_i)$  sont connus pour une séquence de temps  $t_0 < t_1 < \dots < t_{n+1}$  (voir figure 3.1).*

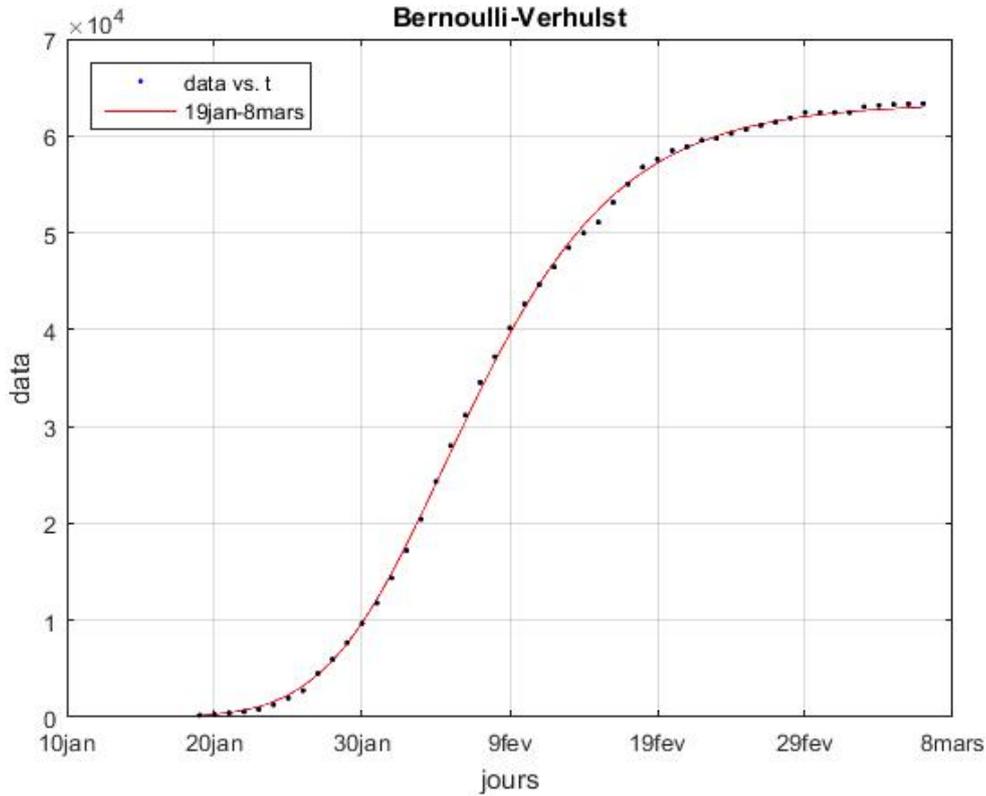


FIGURE 3.1 – Dans cette figure, nous traçons le meilleur ajustement du modèle de Bernoulli-Verhulst au nombre cumulé de cas déclarés de COVID-19 en Chine. Nous obtenons  $\chi_2 = 0,66$  et  $\theta = 0,22$ . Les points noirs correspondent aux données pour le nombre cumulatif de cas rapportés et la courbe rouge correspond au modèle.

#### Estimation du nombre initial d'infectés

En combinant (1.3.3) et l'équation de Bernoulli-Verhulst (3.1.1) pour  $t \rightarrow CR(t)$ , nous déduisons le nombre initial de personnes infectées.

$$I_0 = \frac{CR'(t_0)}{\nu f} = \frac{\chi_2 CR_0 (1 - (CR_0 / CR_\infty)^\theta)}{\nu f} \quad (3.1.3)$$

**Remarque 3.1** Nous fixons  $f = 0,5$ , à partir des données COVID – 19 en Chine et de la formule (3.1.3) (avec  $CR_0 = 198$ ), nous obtenons

$$I_0 = 1909 \text{ pour } \nu = 0.1,$$

et

$$I_0 = 954 \text{ pour } \nu = 0.2.$$

En utilisant (3.1.1), nous déduisons que

$$\begin{aligned} CR''(t) &= \chi_2 CR'(t) \left( 1 - \left( \frac{CR(t)}{CR_\infty} \right)^\theta \right) - \frac{\chi_2 \theta}{CR_\infty^\theta} CR(t) (CR(t))^{\theta-1} CR'(t) \\ &= \chi_2 CR'(t) \left( 1 - \left( \frac{CR(t)}{CR_\infty} \right)^\theta \right) - \frac{\chi_2 \theta}{CR_\infty^\theta} (CR(t))^\theta CR'(t). \end{aligned}$$

Par conséquent,

$$CR''(t) = \chi_2 CR'(t) \left( 1 - (1 + \theta) \left( \frac{CR(t)}{CR_\infty} \right)^\theta \right). \quad (3.1.4)$$

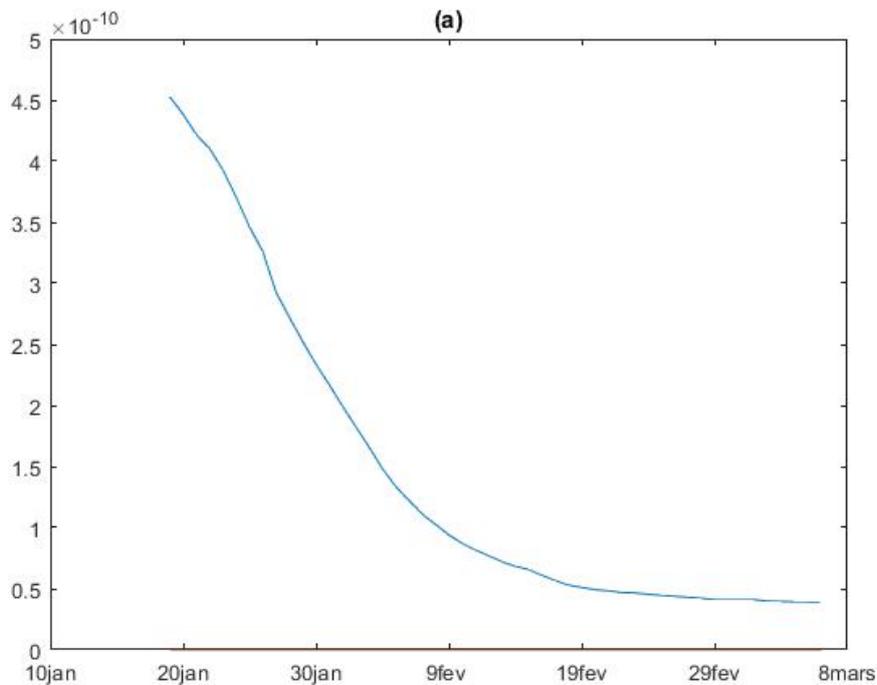
**Taux de transmission estimé**

En utilisant l'équation de Bernoulli-Verhulst (3.1.1) et en substituant (3.1.4) dans (2.2.8), nous obtenons

$$\tau(t) = \frac{\nu f(\chi_2(1 - (1 + \theta)(CR(t)/CR_\infty)^\theta) + \nu}{\nu f(I_0 + S_0) + \nu CR_0 - CR(t)(\chi_2(1 - (CR(t)/CR_\infty)^\theta) + \nu)}. \quad (3.1.5)$$

Cette formule (3.1.5) combinée avec (3.1.2) donne une formule explicite pour le taux de transmission.

Puisque  $CR(t) < CR_\infty$ , en considérant le signe du numérateur et du dénominateur de (3.1.5), on obtient la proposition suivante.



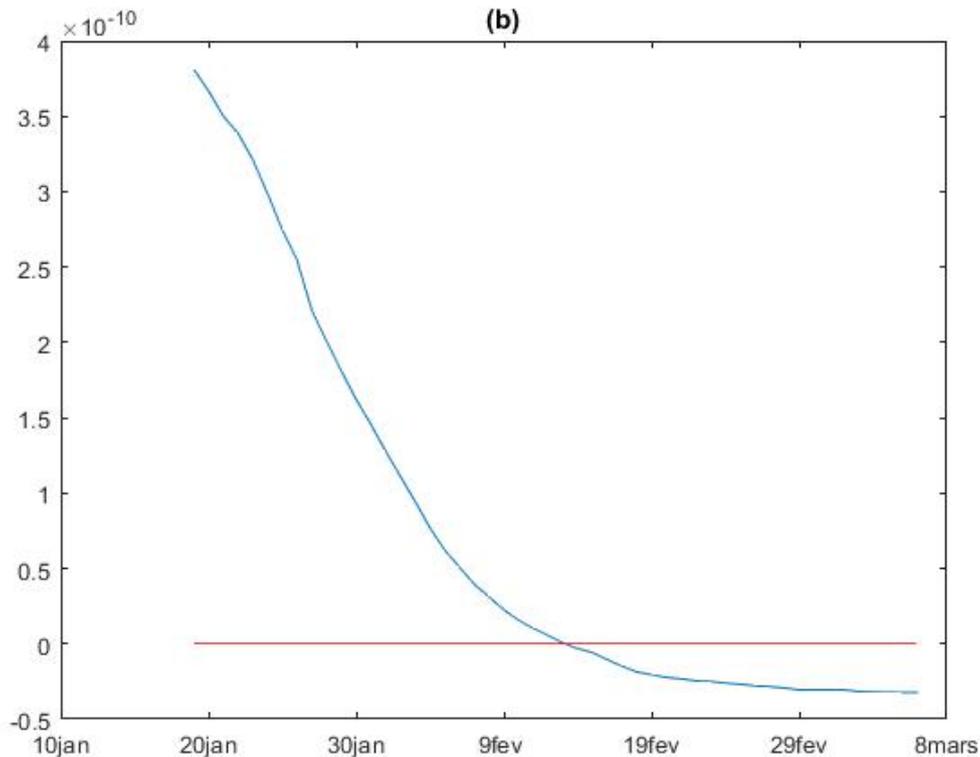


FIGURE 3.2 – Dans cette figure, nous traçons le taux de transmission obtenu à partir de la formule (3.1.5) avec  $f = 0,5$ ,  $\chi_2\theta = 0,145 < \nu = 0,2$  (dans (a)), et  $\nu = 0,1 < \chi_2\theta = 0,145$  (en (b)),  $\chi_2 = 0,66$  et  $\theta = 0,22$ , et  $CR_\infty = 67102$ , qui est la dernière valeur obtenue à partir du nombre cumulé de cas déclarés pour la Chine.

**Proposition 3.1** *Le taux de transmission  $\tau(t)$  donné par (3.1.5) est positif ou nul pour tout  $t \geq t_0$  si*

$$\nu \geq \chi_2\theta, \quad (3.1.6)$$

et

$$f(I_0 + S_0) + \nu CR_0 > CR_\infty(\chi_2 + \nu). \quad (3.1.7)$$

### Compatibilité du modèle $SI$ avec les données COVID-19 pour la Chine

Le modèle  $SI$  est compatible avec les données uniquement lorsque  $\tau(t)$  reste positif pour tout  $t \geq t_0$ . A partir de notre estimation des données COVID-19 de la Chine, nous obtenons  $\chi_2\theta = 0,14$ . Par conséquent, à partir de (3.1.6), nous déduisons que le modèle (1.3.1) est compatible avec les données uniquement lorsque

$$1/\nu \leq \frac{1}{0.14} = 3.3 \text{ jours.} \quad (3.1.8)$$

Cela signifie que la durée moyenne de la période infectieuse  $1/\nu$  doit être inférieure à 3,3 jours.

De même, la condition (3.1.7) implique

$$f \geq \frac{CR_\infty \chi_2 (CR_\infty - CR_0) \nu}{I_0 + S_0} \geq \frac{CR_\infty \chi_2 (CR_\infty - CR_0) \chi_2 \theta}{I_0 + S_0},$$

et puisque nous avons  $CR_0 = 198$  et  $CR_\infty = 67102$ , nous obtenons

$$f \geq \frac{67102 \times 0.66(67102 - 198) \times 0.14}{1.4 \times 10^9} \geq 3.83 \times 10^{-5}. \quad (3.1.9)$$

Ainsi, selon cette estimation, la fraction de  $0 < f \leq 1$  non déclarée peut être presque aussi petite que nous le souhaitons.

La figure 3.2 illustre la proposition 3.1.1. On observe que la formule pour le taux de transmission (3.1.5) devient négative dès que  $\nu < \chi_2\theta$ . La figure 3.3 illustre le résultat obtenu de (1.3.1) à (1.3.3) lorsque  $t \rightarrow \tau(t)$  est remplacé par la formule explicite (3.1.5). On remarque qu'on retrouve le modèle Bernoulli-Verhulst même lorsque  $\tau(t)$  devient négatif (voir figure 3.1). Ceci n'était pas garanti au début, puisque la classe  $I$  des infectés perd certains individus qui se rétablissent.

## 3.2 Taux de transmission journalier.

**Hypothèse 3.2** *Nous supposons que le taux de transmission  $\tau(t)$  est constant par morceaux et pour chaque  $i = 0, \dots, n$ ,*

$$\tau(t) = \tau_i \text{ lorsque } t_i \leq t < t_{i+1}. \quad (3.2.1)$$

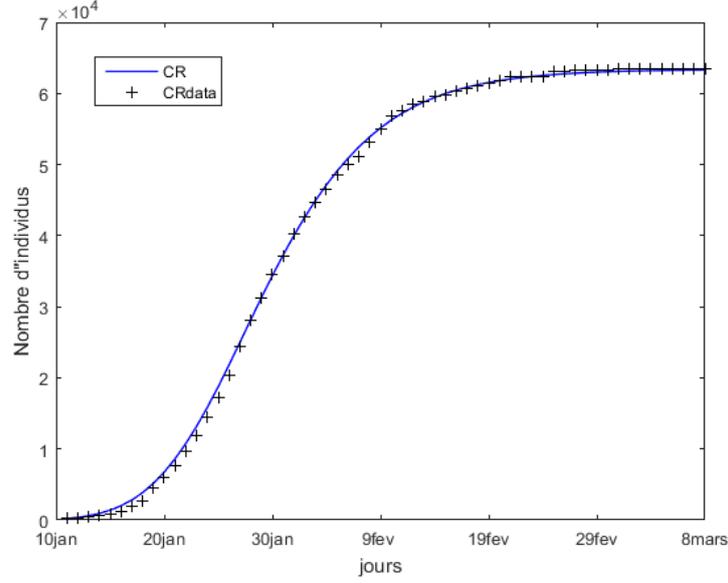


FIGURE 3.3 – Dans cette figure, nous représentons le nombre de cas rapportés en utilisant le modèle (1.3.1) et (1.3.3), avec le taux de transmission obtenu dans (3.1.5). Les valeurs des paramètres sont  $f = 0,5$ ,  $\nu = 0,1$  ou  $\nu = 0,2$ ,  $\chi_2 = 0,66$  et  $\theta = 0,22$ , et  $CR_\infty = 67102$  est la dernière valeur obtenue à partir du nombre cumulé de cas déclarés pour la Chine. En outre, nous utilisons  $S_0 = 1,4 \times 10^9$  pour la population totale de la Chine et  $I_0 = 954$  qui est obtenu à partir de la formule (3.1.3). Les points noirs correspondent aux données observées pour le nombre cumulé de cas rapportés et la courbe bleue correspond au modèle.

Pour  $t \in [t_{i-1}, t_i]$ , on en déduit en utilisant l'hypothèse (3.2) que

$$\int_{t_0}^t \tau(\sigma) CR'(\sigma) d\sigma = \sum_{j=0}^{i-2} \int_{t_j}^{t_{j+1}} \tau_j CR'(\sigma) d\sigma + \int_{t_{i-1}}^t \tau_{i-1} CR'(\sigma) d\sigma$$

Ainsi, en utilisant (2.2.2), pour  $t \in [t_{i-1}, t_i]$ , nous obtenons

$$CR'(t) = \nu f \left( I_0 + S_0 \left[ 1 - P_{i-1} \exp \left( -\frac{\tau_{i-1}}{\nu f} [CR(t) - CR(t_{i-1})] \right) \right] \right) + \nu CR_0 - \nu CR(t), \quad (3.2.2)$$

avec

$$P_{i-1} = \exp \left( -\sum_{j=0}^{i-2} \frac{\tau_j}{\nu f} [CR(t_{j+1}) - CR(t_j)] \right). \quad (3.2.3)$$

En fixant  $\tau_{i-1} = 0$  sur le côté droit de (3.2.2), on obtient

$$CR'(t) \geq \nu f (I_0 + S_0 [1 - P_{i-1}]) + \nu CR_0 - \nu CR(t),$$

et lorsque  $\tau_{i-1} \rightarrow \infty$

$$CR'(t) \leq \nu f (I_0 + S_0) + \nu CR_0 - \nu CR(t).$$

En utilisant la théorie des équations différentielles ordinaires monotones [28], nous déduisons que la fonction  $\tau_i \rightarrow CR(t_i)$  est monotone croissante, et nous obtenons le résultat suivant.

**Théorème 3** *Supposons que les hypothèses (1.1), (3.1) et (3.2) soient satisfaites. Soit  $I_0$  fixé. Alors il existe une unique séquence  $\tau_0, \tau_1, \dots, \tau_n$  de nombres positifs ou nuls telle que  $t \rightarrow CR(t)$  la solution de (2.2.2) s'ajuste exactement aux données à tout moment  $t_i$ . C'est-à-dire que*

$$CR(t_i) = CRData(t_i), \forall i = 1, \dots, n + 1,$$

*si et seulement si les deux conditions suivantes sont satisfaites pour chaque  $i = 0, 1, \dots, n + 1$ ,*

$$CRData(t_i) \geq e^{-\nu(t_i-t_{i-1})}CRData(t_{i-1}) + \int_{t_{i-1}}^{t_i} \nu e^{-\nu(t_i-\sigma)} d\sigma (f(I_0 + S_0[1 - P_{i-1}^{Data}])CR_0), \quad (3.2.4)$$

*avec*

$$P_{i-1}^{Data} = \exp\left(-\sum_{j=0}^{i-2} \frac{\tau_j}{\nu f} [CRData(t_{j+1}) - CRData(t_j)]\right). \quad (3.2.5)$$

*et*

$$CRData(t_i) \leq e^{-\nu(t_i-t_{i-1})}CRData(t_{i-1}) + \int_{t_{i-1}}^{t_i} \nu e^{-\nu(t_i-\sigma)} d\sigma (f(I_0 + S_0)CR_0). \quad (3.2.6)$$

**Remarque 3.2** *Le théorème ci-dessus signifie que les données sont identifiables pour ce modèle SI si et seulement si les conditions (3.2.4) et (3.2.6) sont satisfaites. De plus, dans ce cas, nous pouvons trouver une séquence unique de taux de transmission  $\tau_i \geq 0$  qui donne un ajustement parfait aux données.*

# Chapitre 4

## Simulations numériques

Dans ce chapitre, nous proposons une méthode numérique pour ajuster le taux de transmission en utilisant la propriété de monotonie de  $CR(t)$  par rapport à  $\tau_i$  sur l'intervalle de temps  $[t_i, t_{i+1}]$ . Récemment, des méthodes plus sophistiquées ont été proposées par Bakhta et al [22] en utilisant plusieurs types de méthodes d'approximation du taux de transmission.

Nous commençons par l'algorithme 1, le plus simple, afin de montrer les difficultés à identifier le taux de transmission.

### 4.1 Algorithme 1

**Étape 0 :** On fixe  $S_0 = 1.4 \times 10^9$ ,  $\nu = 0.1$  ou  $\nu = 0.2$  et  $f = 0.5$ . Nous considérons le système

$$\begin{cases} S'(t) = -\tau(t)S(t)I(t) \\ I'(t) = \tau(t)S(t)I(t) - \nu I(t) \\ CR'(t) = \nu f I(t) \end{cases} \quad (4.1.1)$$

sur l'intervalle de temps  $t \in [t_0, t_1]$ . Ce système est complété par une valeur initiale  $S(t_0) = S_0$  et  $I(t_0) = I_0$  est donné par la formule (2.1.4); (si l'on considère les données uniquement au stade initial) ou la formule (3.1.3); (si l'on considère toutes les données).  $CR(t_0) = CRData(t_0)$  est obtenu à partir des données. La fonction  $\tau \rightarrow CR(t_1)$  étant monotone croissante, nous pouvons appliquer une méthode de bisection pour trouver la valeur unique  $\tau_0$  résolvant

$$CR(t_1) = CRData(t_1).$$

Ensuite, nous procédons par induction.

**Étape i :** Pour chaque nombre entier  $i = 1, \dots, n$ , on considère le système

$$\begin{cases} S'(t) = -\tau(t)S(t)I(t) \\ I'(t) = \tau(t)S(t)I(t) - \nu I(t) \\ CR'(t) = \nu f I(t) \end{cases} \quad (4.1.2)$$

sur l'intervalle de temps  $t \in [t_i, t_{i+1}]$ . Ce système est complété par une valeur initiale  $S(t_i)$  et  $I(t_i)$  obtenu à partir de l'itération précédente.  $CR(t_i) = CRData(t_i)$  est

obtenu à partir des données. La fonction  $\tau \rightarrow CR(t_i)$  étant monotone croissante, nous pouvons appliquer une méthode de bisection pour trouver la valeur unique  $\tau_i$  résolvant

$$CR(t_i) = CR_{Data}(t_i).$$

Dans la figure 4.1, nous traçons un exemple d'un tel ajustement parfait, qui est le même pour  $\nu = 0,1$  et  $\nu = 0,2$ , dans la figure 4.2, nous représentons le taux de transmission obtenu numériquement pour  $\nu = 0,2$  dans (a) et  $\nu = 0,1$  dans (b). c'est un exemple de taux de transmission négatif. La figure 4.2 doit être comparée à la figure 3.2 qui donne un résultat similaire.

Dans les figures 4.3-4.5, nous utilisons l'algorithme 1 et nous traçons le taux de transmission obtenu en utilisant les cas rapportés de *COVID* – 19 en Chine où les paramètres sont fixés à  $f = 0,5$  et  $\nu = 0,2$ . Dans les figures 4.3-4.5, nous observons un taux de transmission oscillant qui est alternativement positif et négatif. Ces oscillations sont dues à l'amplification de l'erreur dans la méthode numérique elle-même. Dans la figure (4.3), nous effectuons la même simulation que dans la figure (4.4) mais pendant une période plus courte. Dans la figure (4.3), nous pouvons voir que la pente de  $CR(t)$  à  $t = t_i$  entre 2 jours (les points rouges) est amplifiée d'un jour à l'autre. Dans la figure 4.5, nous lisons d'abord les données cumulatives originales en utilisant la fonction Matlab  $CR_{Data} = smoothdata(CR_{Data}, 'gaussien', 50)$  pour régulariser les données et nous appliquons l'algorithme 1. Malheureusement, le lissage des données ne permet pas de résoudre le problème d'instabilité de la figure 4.5.

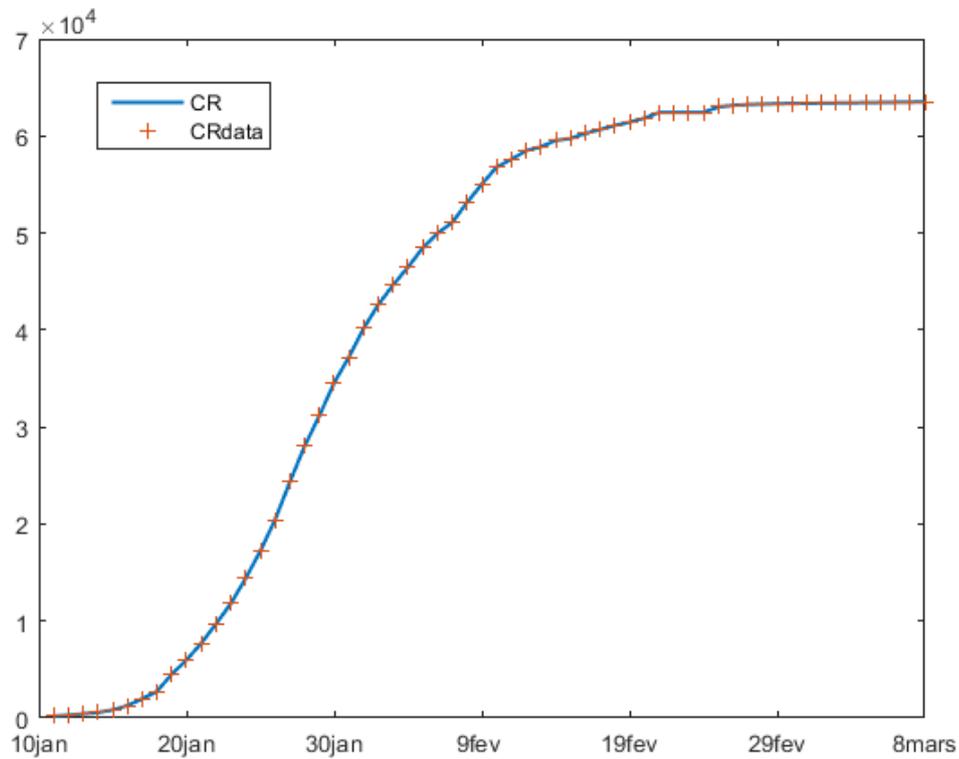


FIGURE 4.1 – Dans cette figure, nous traçons l’ajustement parfait au nombre cumulé de cas déclarés de COVID-19 en Chine. Nous fixons les paramètres  $f = 0,5$  et  $\nu = 0,2$  ou  $\nu = 0,1$  et nous appliquons notre algorithme 1 pour obtenir l’ajustement parfait. Les points noirs correspondent aux données du nombre cumulé de cas rapportés et la courbe bleue correspond au modèle.

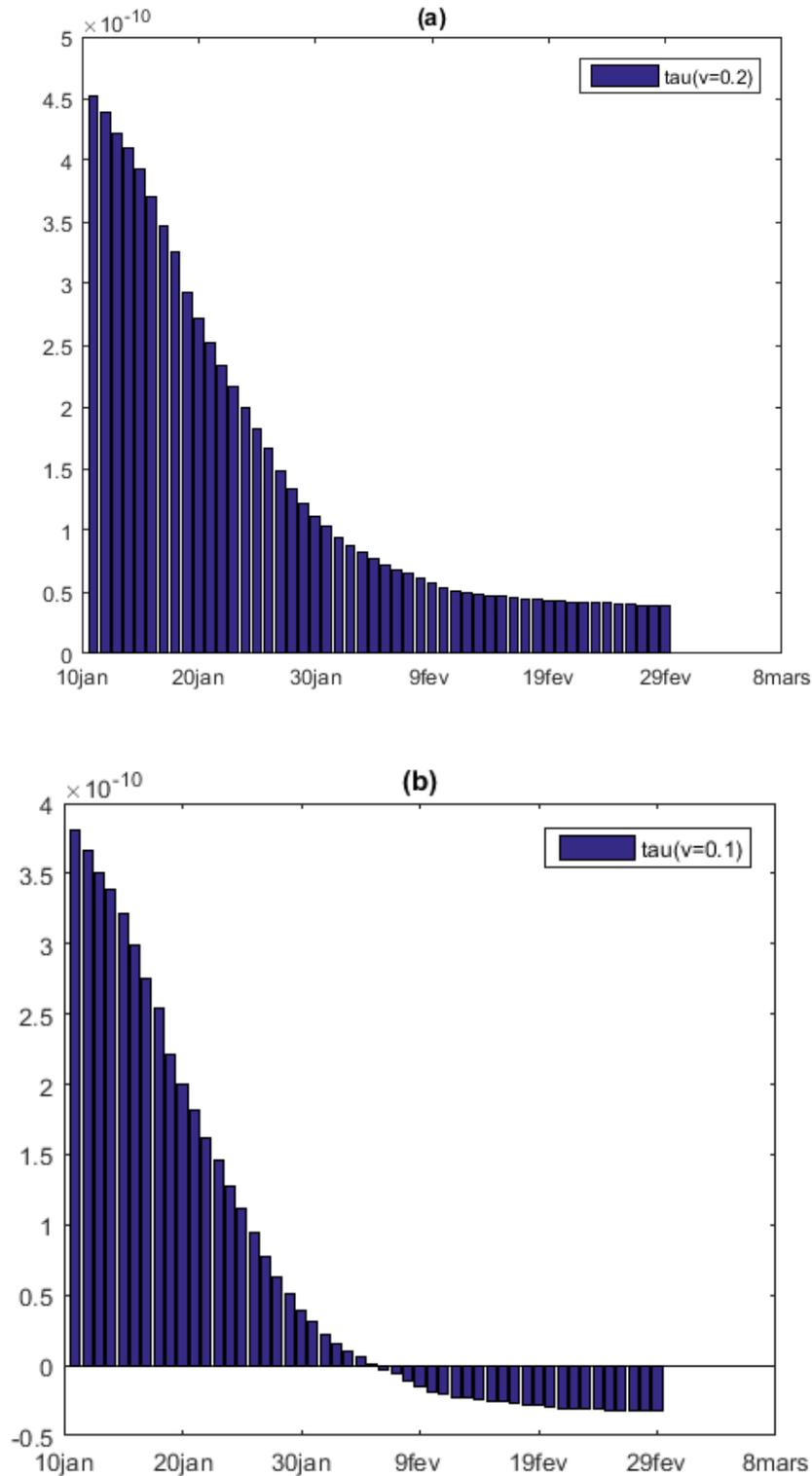


FIGURE 4.2 – Dans cette figure, nous traçons le taux de transmission obtenu pour les cas déclarés de COVID-19 en Chine avec les paramètres  $f = 0,5$  et  $\nu = 0,2$  dans (a) et  $\nu = 0,1$  dans (b). Ce taux de transmission correspond à l'ajustement parfait obtenu dans la figure 4.1.

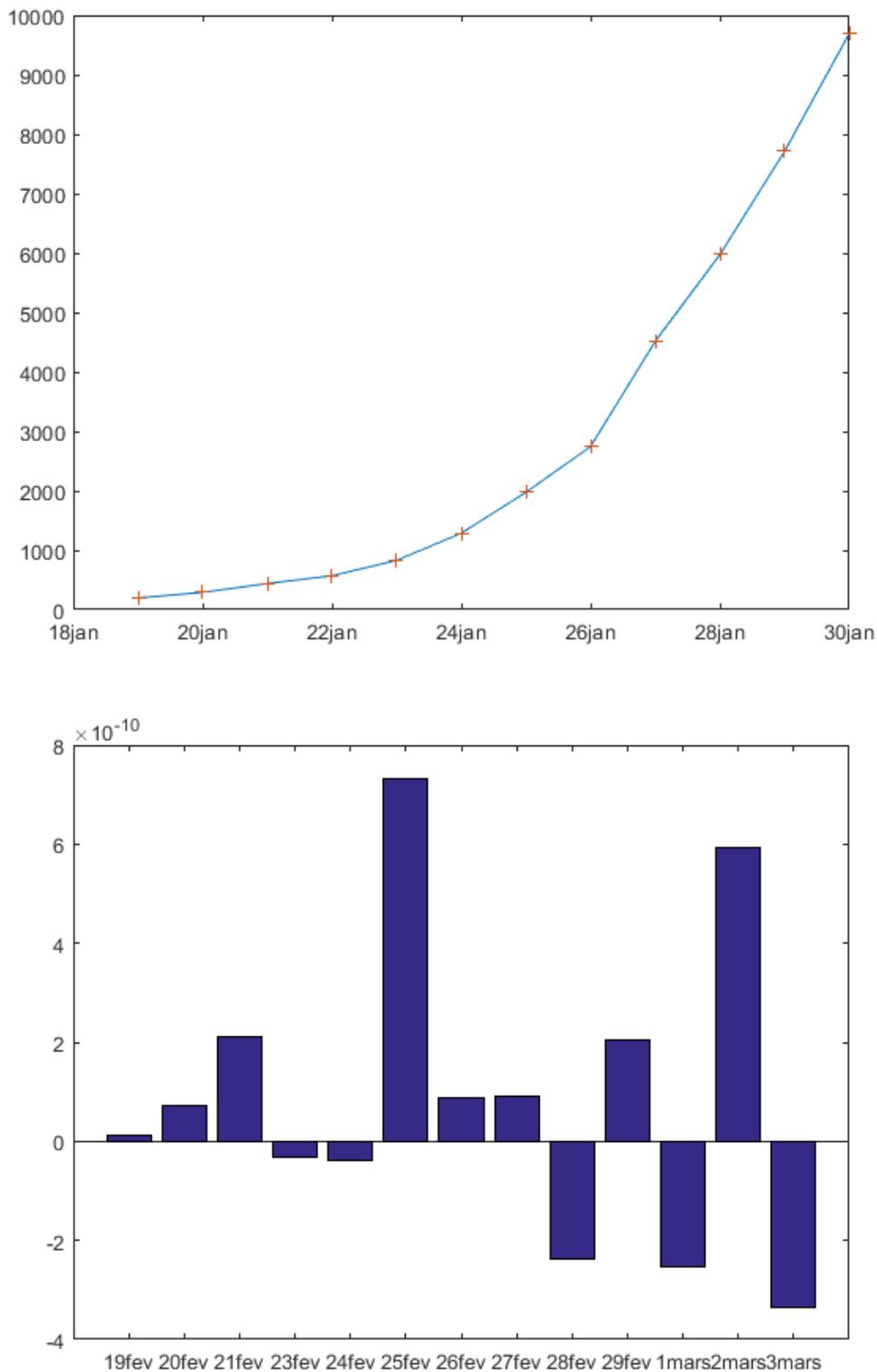


FIGURE 4.3 – Dans (a), nous traçons le nombre cumulé de cas déclarés obtenus à partir des données (points rouges) et du modèle (courbe bleue). Dans (b), nous traçons le taux quotidien de transmission obtenu en utilisant l’algorithme 1. Nous remarquons que nous pouvons parfaitement ajuster les données. Mais la méthode est instable. Nous obtenons un taux de transmission qui oscille entre des valeurs positives et négatives dans les deux sens.

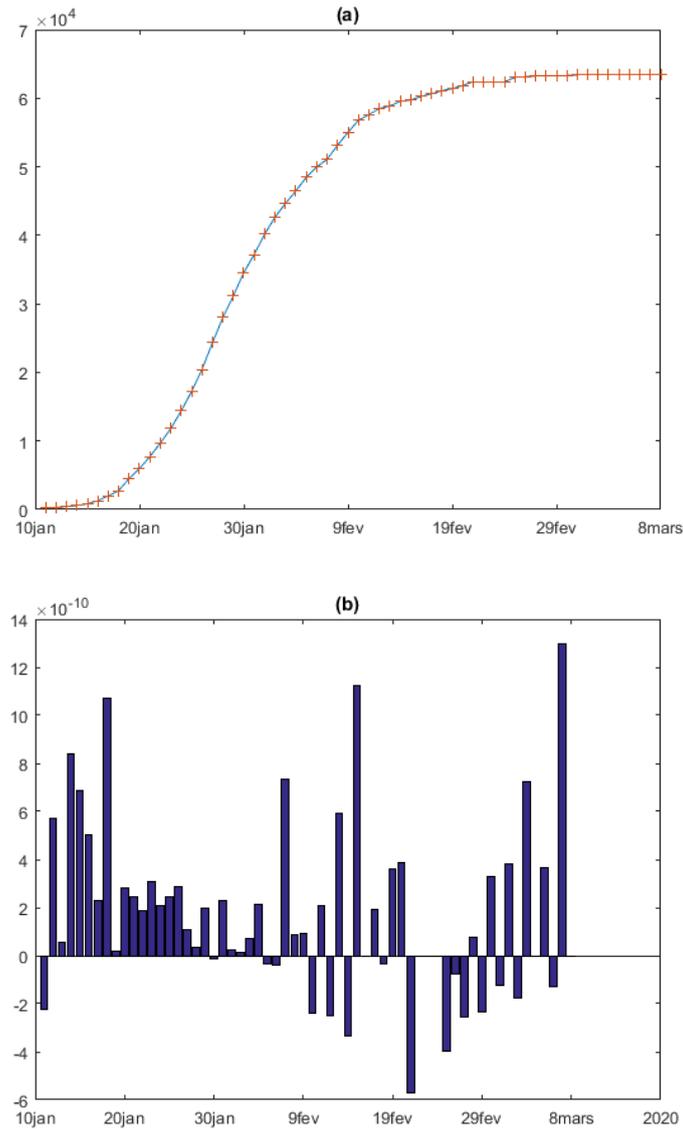


FIGURE 4.4 – Dans (a), nous traçons le nombre cumulé de cas déclarés obtenus à partir des données (points rouges) et du modèle (courbe bleue) sur une période plus longue que dans la figure 4.3. Dans (b), nous traçons le taux de transmission obtenu en utilisant l’algorithme 1. Nous remarquons que nous pouvons parfaitement ajuster les données, mais la méthode est instable comme on constate sur la figure 4.3. Nous obtenons un taux de transmission qui oscille entre des valeurs positives et négatives dans les deux sens.

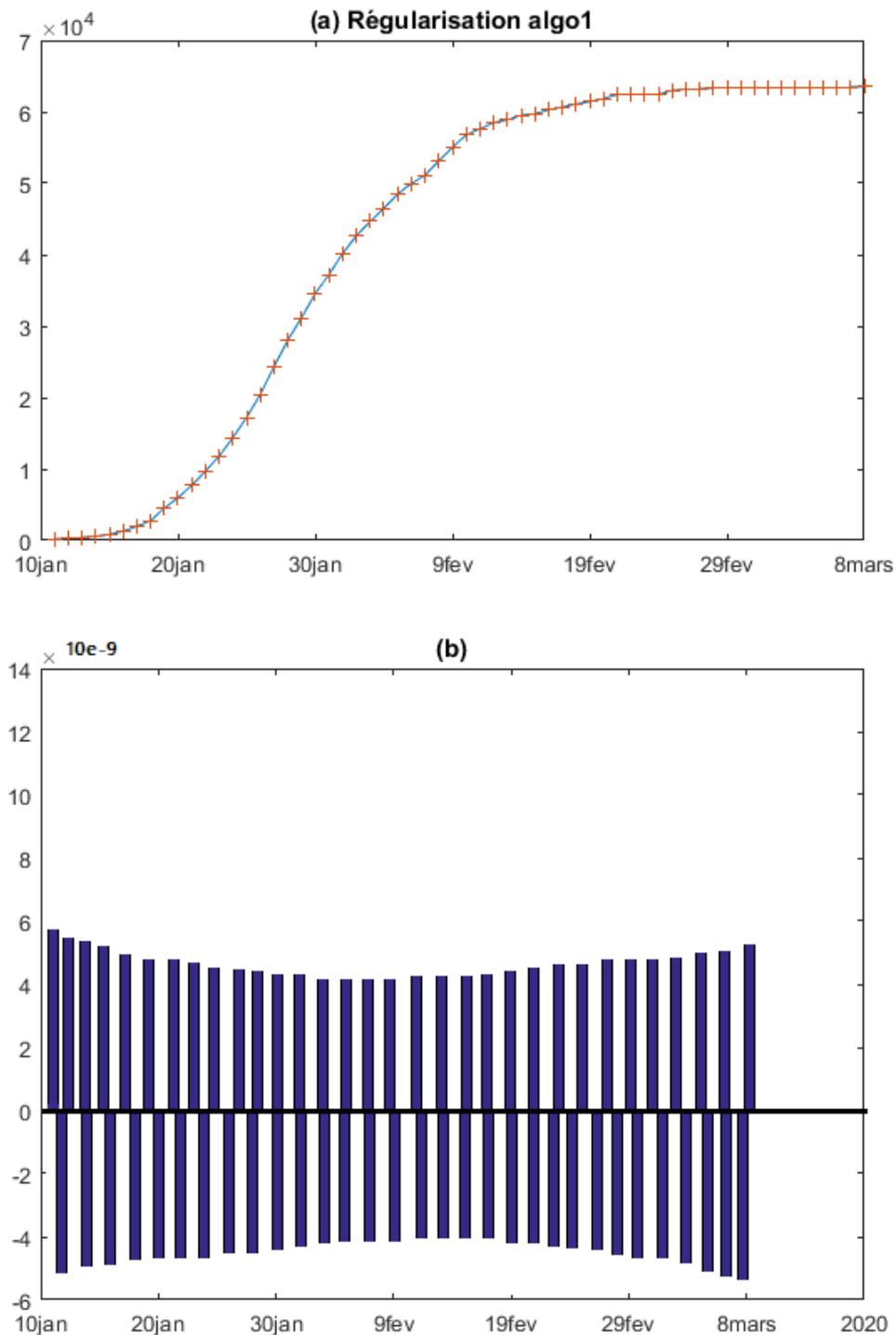


FIGURE 4.5 – Nous appliquons l’algorithme 1 aux données régularisées. Dans (a), nous traçons le nombre cumulé régularisé de cas déclarés, obtenu à partir des données (points rouges) et du modèle (courbe bleue). Dans (b), nous traçons le taux de transmission quotidien obtenu en utilisant l’algorithme 1. Nous remarquons que nous pouvons parfaitement ajuster les données. Mais la méthode est instable. Nous obtenons un taux de transmission qui oscille entre des valeurs positives et négatives.

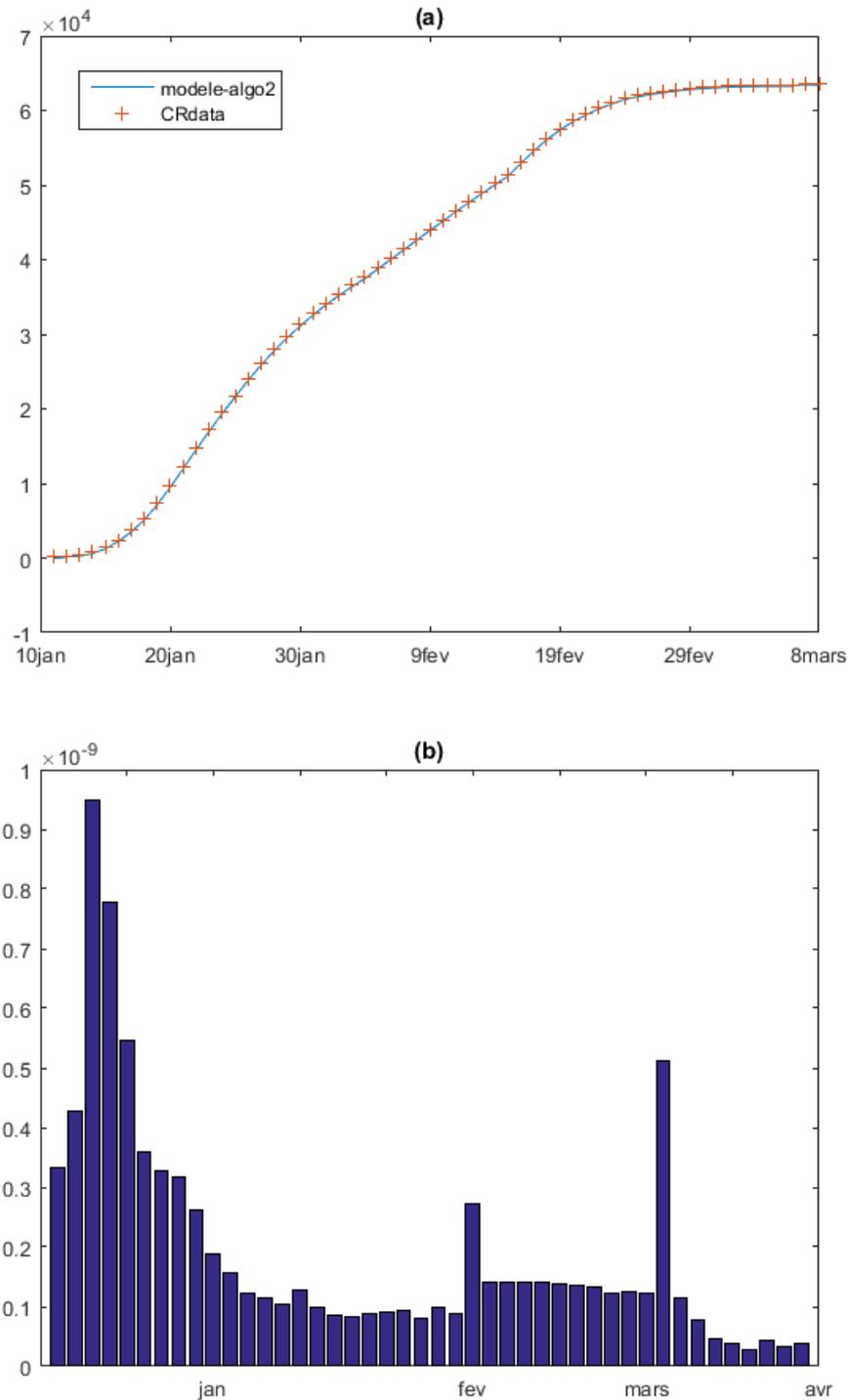


FIGURE 4.6 – Dans cette figure, nous traçons le taux de transmission obtenu en utilisant les cas déclarés de COVID-19 en Chine avec les paramètres  $f = 0,5$  et  $\nu = 0,2$ . Nous régularisons d’abord les données en appliquant la fonction Matlab  $CR_{Data} = smoothdata(CR_{Data}, 'gaussien', 50)$ . Ensuite, nous appliquons l’algorithme 2 aux données régularisées. Dans (a), nous représentons le nombre cumulé régularisé de cas déclarés obtenu après le lissage (voir (a)). (points rouges) et le modèle (courbe bleue). Dans (b), nous traçons le taux de transmission obtenu en utilisant l’algorithme 2. Nous remarquons que nous pouvons parfaitement ajuster les données et que cette fois le taux de transmission devient raisonnable.

Nous devons introduire une correction lors du choix de la prochaine valeur initiale  $I(t_i)$ . Dans l'algorithme 1, les erreurs sont dues à la relation suivante :

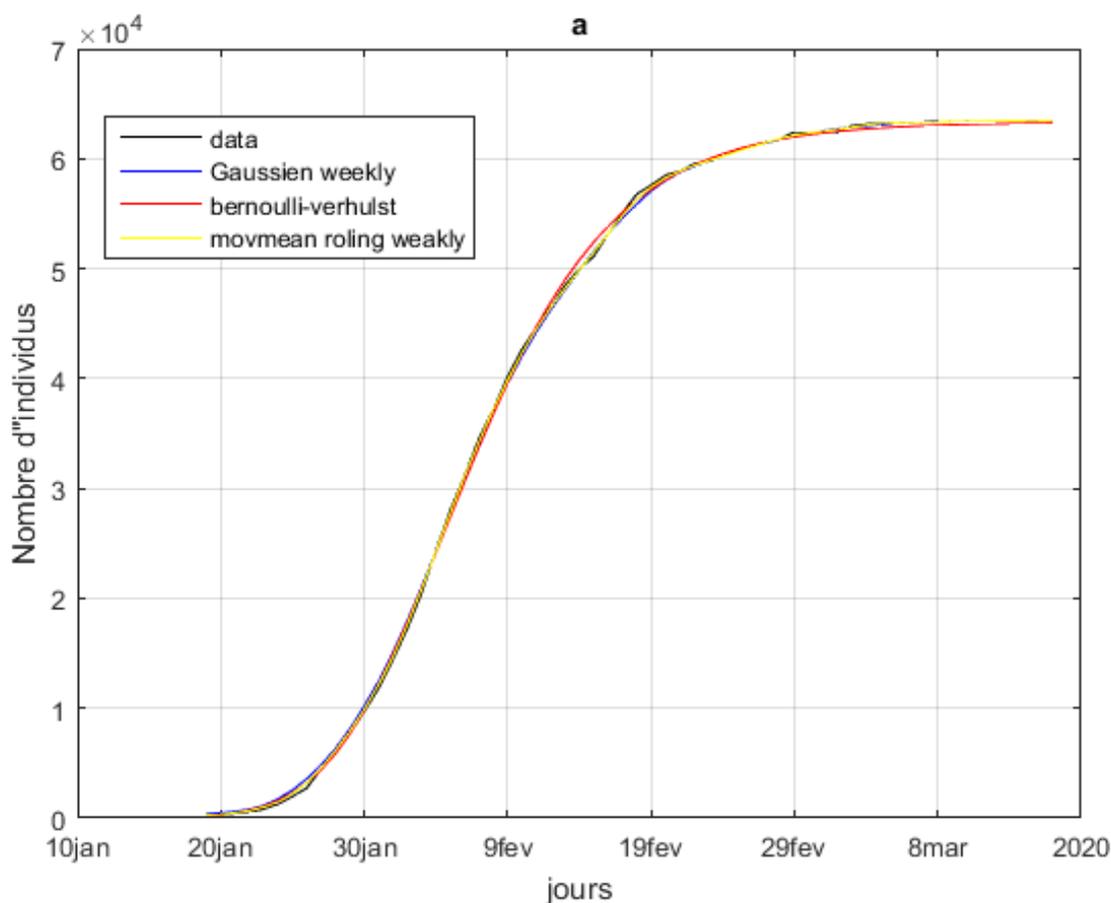
$$CR'(t) = \nu f I(t)$$

qui n'est pas respecté aux points  $t = t_i$ , ce qui devrait être pris en compte par l'algorithme.

Dans la figure 4.6, nous lisons d'abord les données en utilisant la fonction Matlab  $CRData = smoothdata(CRData, 'gaussien', 50)$ , et nous appliquons l'algorithme 2 en approximant l'équation (4.2.3) par

$$I_i = \frac{[CRData(t_i) - CRData(t_{i-1})]}{(\nu \times f)} \tag{4.1.3}$$

Dans la figure 4.6, on n'observe plus les oscillations du taux de transmission.



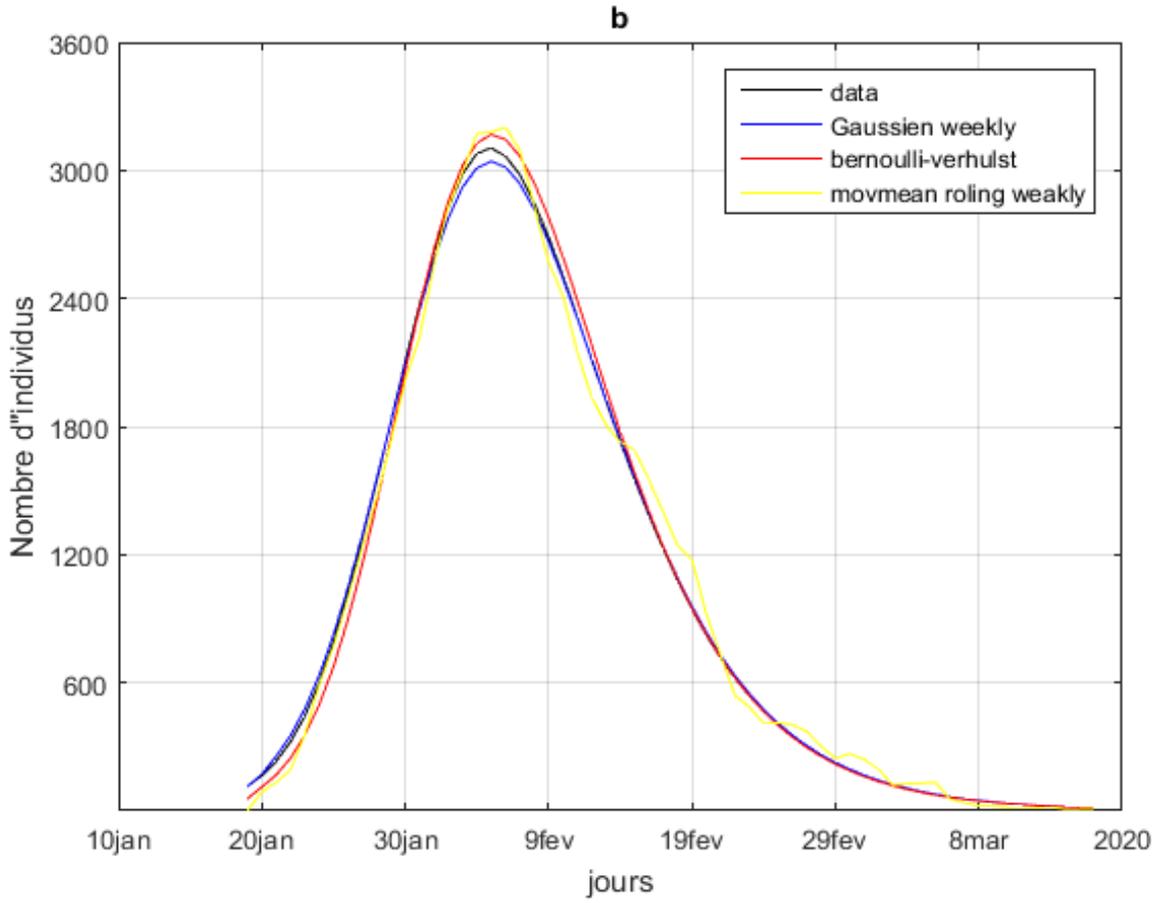


FIGURE 4.7 – Dans cette figure, nous représentons le nombre cumulé de cas déclarés (a) et le nombre quotidien de cas déclarés (b). Les courbes noires sont obtenues en appliquant la fonction Matlab `'spline(Days,DATA)'` aux données cumulées. Le côté gauche est obtenu en utilisant la fonction spline cubique et la partie droite est obtenue en utilisant la dérivée de la fonction spline cubique. Les courbes rouges sont obtenues en utilisant la fonction spline cubique pour les valeurs jour par jour du nombre cumulé de cas obtenus à partir du meilleur ajustement de la courbe d'interpolation. Cas obtenus à partir du meilleur ajustement du modèle de Bernoulli-Verhulst. Les courbes jaunes sont obtenues en calculant le nombre glissant de cas journalier (nous utilisons la fonction Matlab `'smoothdata(DAILY,'movmean',7)'`) et en appliquant ensuite la fonction spline cubique au nombre de cas cumulés correspondant. Les courbes bleues sont obtenues en appliquant le lissage gaussien au nombre de cas quotidiens, (nous utilisons la fonction Matlab `'smoothdata(DAILY,'gaussian',7)'`) et ensuite en appliquant une fonction spline cubique au nombre de cas correspondant.

## 4.2 Algorithme 2

Nous fixons  $S_0 = 1,4 \times 10^9$ ,  $\nu = 0,1$  ou  $\nu = 0,2$  et  $f = 0,5$ . Puis, nous ajustons les données en utilisant la méthode décrite dans le chapitre 2 pour estimer les paramètres  $\chi_1, \chi_2$  et  $\chi_3$  du jour 1 au jour 12.

Ensuite, nous utilisons

$$\begin{cases} S_0 = 1.4 \times 10^9, \\ I_0 = \frac{CR'(t_0)}{\nu f} = \frac{\chi_1 \chi_2 e^{\chi_2 t_0}}{\nu f}, \\ CR_0 = \chi_1 e^{\chi_2 t_0} - \chi_3. \end{cases} \quad (4.2.1)$$

Pour chaque nombre entier  $i = 1, \dots, n$ , on considère le système

$$\begin{cases} S'(t) = -\tau(t)S(t)I(t), \\ I'(t) = \tau(t)S(t)I(t) - \nu I(t), \\ CR'(t) = \nu f I(t). \end{cases} \quad (4.2.2)$$

pour  $t \in [t_i, t_{i+1}]$ , la fonction  $\tau \rightarrow CR(t_{i+1})$  étant monotone croissante, nous pouvons appliquer une méthode de bisection pour trouver la valeur unique  $\tau_i$  résolvant

$$CR(t_{i+1}) = CR_{Data}(t_{i+1})$$

L'idée clé de ce nouvel algorithme est la correction suivante sur la composante  $I$  du système. Nous commençons une nouvelle étape en utilisant la valeur  $S(t_i)$  obtenue lors de l'itération précédente, et

$$I_i = CR'_{Data} \frac{(t_i)}{(\nu f)}, \quad (4.2.3)$$

et

$$CR_i = CR_{Data}(t_i). \quad (4.2.4)$$

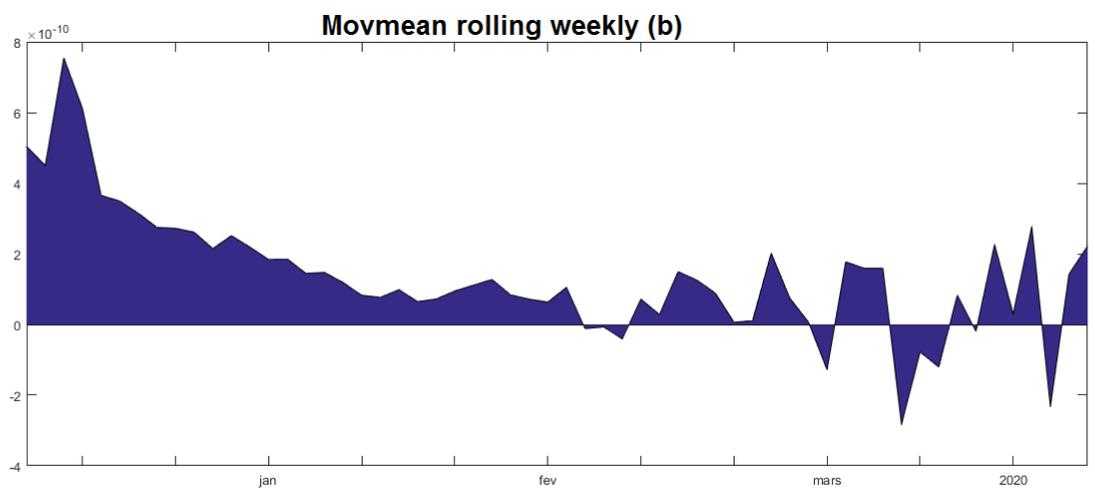
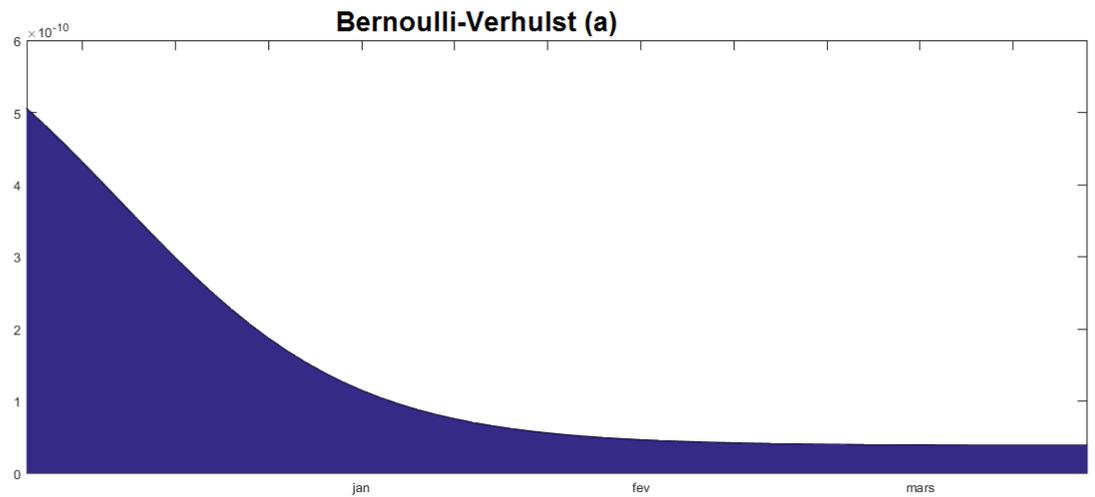
Dans la figure 4.7, nous traçons plusieurs types de données cumulatives régularisées dans (a) et plusieurs types de données quotidiennes régularisées dans (b). Parmi les différentes méthodes de régularisation, l'une des plus importantes est l'approximation de Bernoulli-Verhulst.

Dans la figure 4.8, nous traçons le taux de transmission  $t \rightarrow \tau(t)$  obtenu en utilisant l'algorithme 2. Nous pouvons voir que les données originales donnent un taux de transmission négatif alors qu'à l'autre extrême, l'approximation de Bernoulli-Verhulst semble donner le taux de transmission le plus régularisé.

Dans la figure 4.8a, nous observons que nous récupérons maintenant presque parfaitement le taux de transmission théorique obtenu dans le chapitre 3.

Dans la figure 4.8b, la régularisation de la moyenne hebdomadaire glissante et dans la figure 4.8c la régularisation par moyenne hebdomadaire gaussienne varient encore beaucoup et dans les deux cas, le taux de transmission devient négatif après un certain temps. Dans la figure 4.8c, les données donnent un taux de transmission qui est négatif dès le début.

Nous concluons qu'il est crucial de trouver une "bonne" régularisation du nombre quotidien de cas. Jusqu'à présent, la meilleure méthode de régularisation est obtenue en utilisant le meilleur ajustement du modèle de Bernoulli-Verhulst.



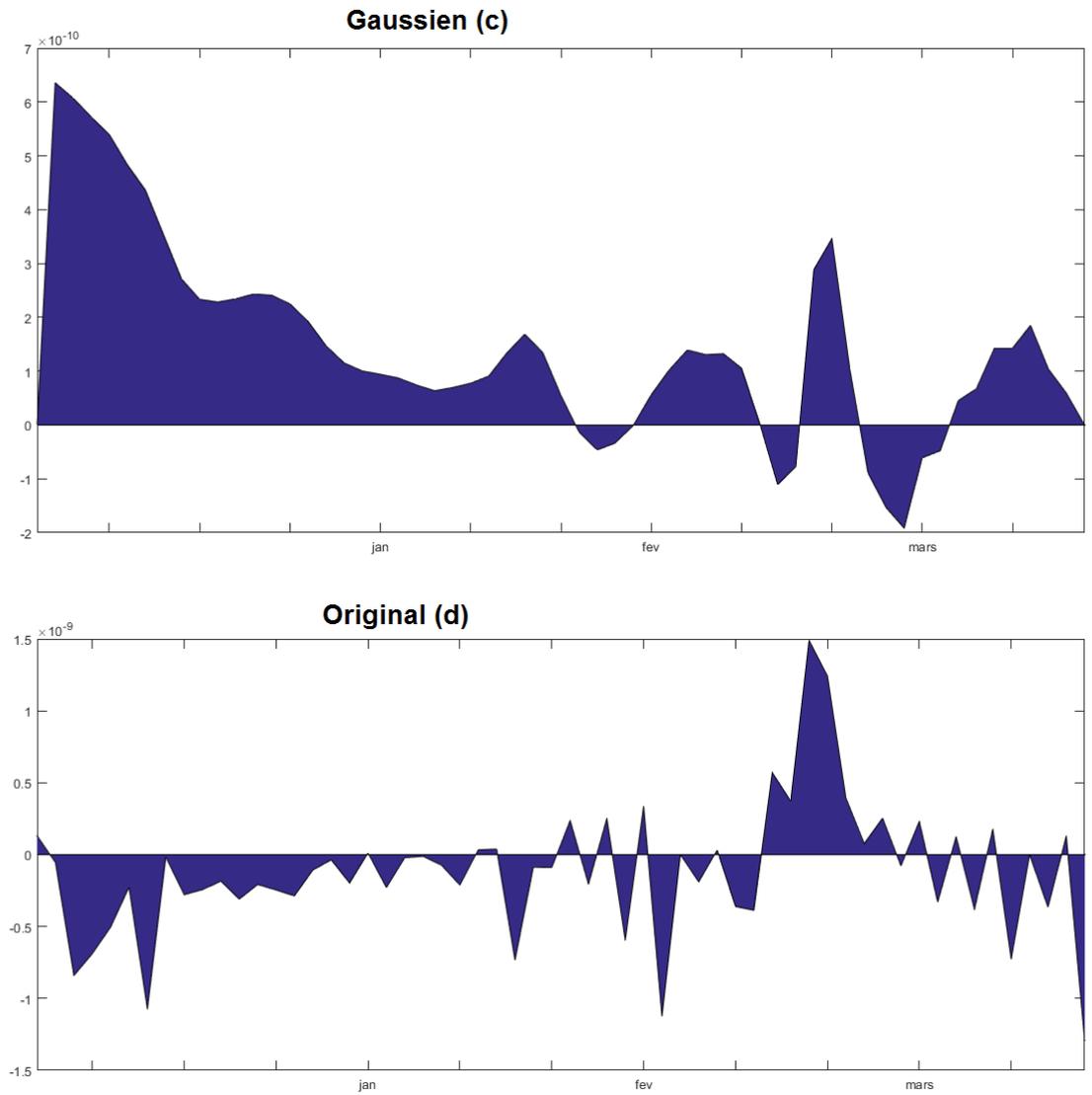


FIGURE 4.8 – Dans cette figure, nous traçons les taux de transmission  $t \rightarrow \tau(t)$  obtenus en utilisant l’algorithme 2 avec les paramètres  $f = 0.5$  et  $\nu = 0.2$ . Nous utilisons les données cumulatives obtenues en utilisant (a) la régularisation de Bernoulli-Verhulst, (b) la régularisation de la moyenne hebdomadaire glissante, (c) la régularisation de la moyenne hebdomadaire gaussienne, (d) nous utilisons les données cumulatives originales.

### 4.3 Nombre de reproduction de base $R_0(t)$ :

le nombre de reproduction de base ou  $R_0$  (ratio 0) est un outil mathématique proposé par Lotka (1924) en démographie, utilisé après en épidémiologie et est devenu un de ses concept fondamentaux qui permis de suivre l'évolution de l'épidémie et pouvoir la contrôler en essayant d'imposer des mesures d'atténuation stricte qui diminue surtout le nombre de contacte entre les personne et mathématiquement poussé  $R_0$  a être inférieure strictement a 1.

$R_0$  représente le nombre moyen de personnes infectées par une autre personne par exemple si  $R_0 = 2$  donc, en moyenne, une personne atteinte d'une maladie infectieuse la transmettra à deux autres personnes.

### Calcul du nombre de reproduction de base :

Soit le modèle  $SI$  donné par le système suivant :

$$\begin{cases} S'(t) = -\tau(t)S(t)I(t), \\ I'(t) = \beta S(t)I(t) - \nu I(t), \end{cases}$$

On cherche le point d'équilibre endémique (DFE)

$$I'(t) = 0 \text{ et } S'(t) = 0,$$

alors  $I^* = 0$ , donc  $S^*$  est quelconque.

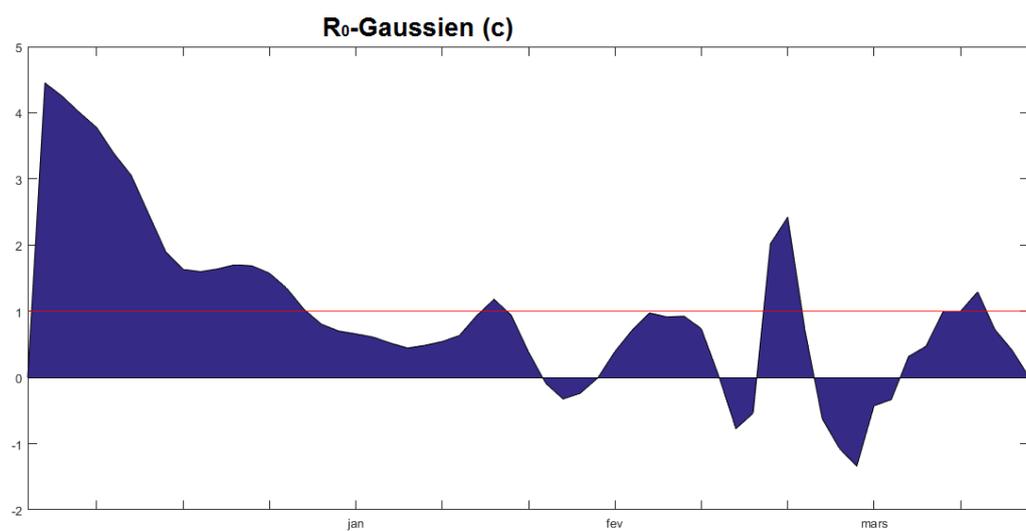
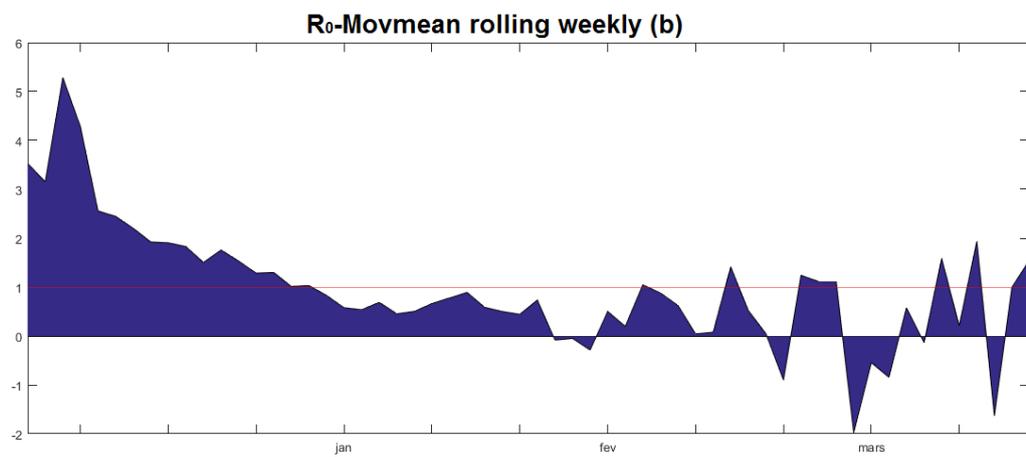
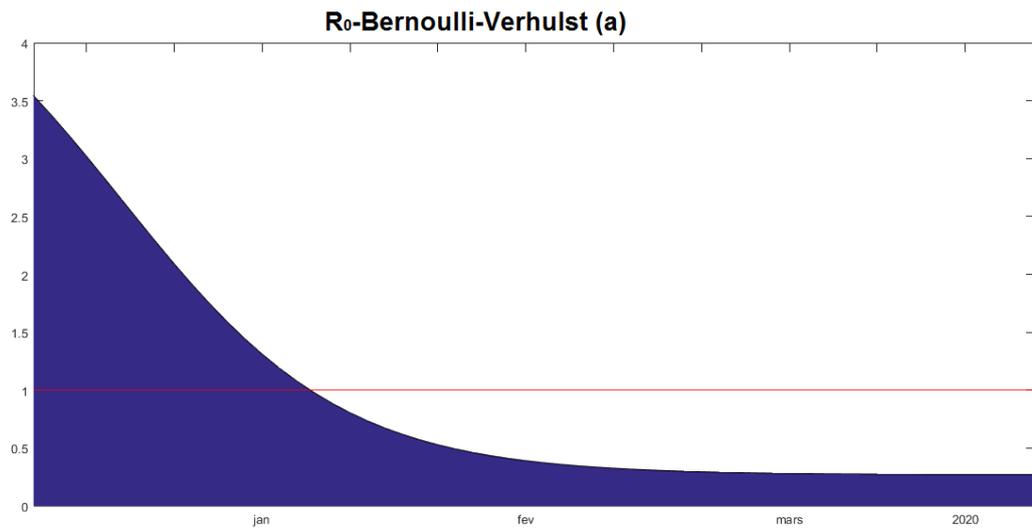
On calcule la matrice jacobienne associée au système ci dessus.

$$J(I, S) = \begin{pmatrix} -\tau(t)I(t) & -\tau(t)S(t) \\ \tau(t)I(t) & \tau(t)S(t) - \nu \end{pmatrix},$$

on remplace  $(I, S)$  dans  $J$  par  $(I^*, S^*) = (0, S(t))$ , on obtient :

$$J(0, S(t)) = \begin{pmatrix} 0 & -\tau(t)S(t) \\ 0 & \tau(t)S(t) - \nu \end{pmatrix}.$$

Les valeurs propres associées a cette matrice sont  $\lambda_1 = 0$  et  $\lambda_2 = \tau(t)S(t) - \nu$ , pour assurer la stabilité il faut que  $\lambda_2 < 0$  et donc  $\tau(t)S(t) - \nu < 0$  et c'est équivalent à  $\frac{\tau(t)S(t)}{\nu} < 1$  et donc  $R_0(t) = \frac{\tau(t)S(t)}{\nu}$ . On utilise la formule obtenue de  $R_0$  pour obtenir les figures suivantes.



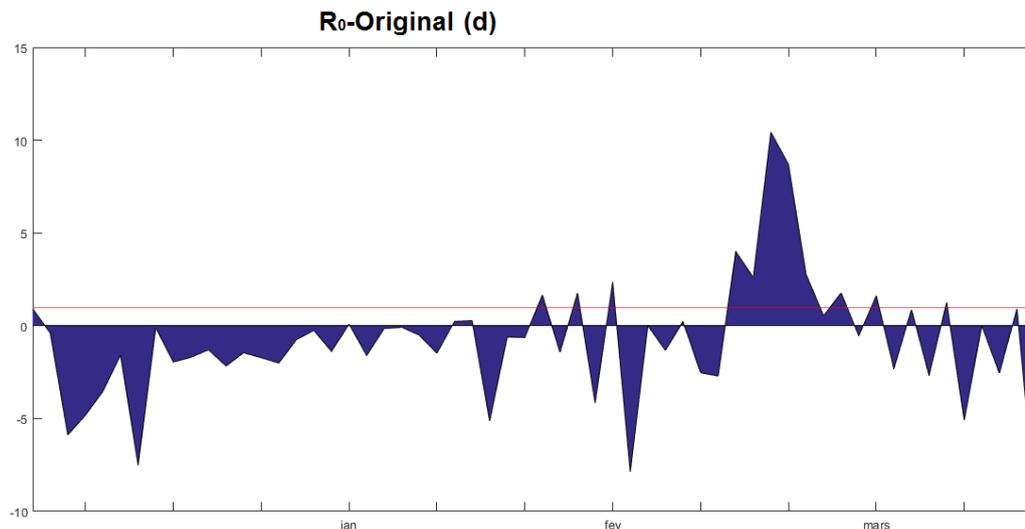


FIGURE 4.9 – Sur cette figure, nous traçons le nombre de reproduction de base quotidien  $t \rightarrow R_0(t) = \tau(t)S(t)/\nu$  obtenu en utilisant l’algorithme 2 avec les paramètres  $f = 0,5$  et  $\nu = 0,2$ . Nous utilisons les données cumulatives obtenues en utilisant (a) la régularisation de Bernoulli-Verhulst, (b) la régularisation de la moyenne hebdomadaire glissante, (c) la régularisation de la moyenne hebdomadaire gaussienne et dans (d) nous utilisons les données cumulatives originales.

**Remarque 4.1** *Pour chaque simulation figure 4.8b,c, il est possible d’obtenir un taux de transmission  $t \rightarrow \tau(t)$  qui est positif ou nul pour tout le temps  $t$  en augmentant suffisamment le paramètre  $\nu$ . Néanmoins, nous ne présentons pas ces simulations ici car les valeurs correspondantes de  $\nu$ , pour obtenir un  $\tau(t)$  positif ou nul, sont irréalistes.*

Dans la figure 4.9 (a-d respectivement), nous traçons le nombre de reproduction de base quotidien correspondant à la figure 4.8 (a-d respectivement). La ligne rouge correspond à  $R_0 = 1$ . Nous observons un comportement complexe pour la figure 4.9 b,c,d est à nouveau irréaliste.

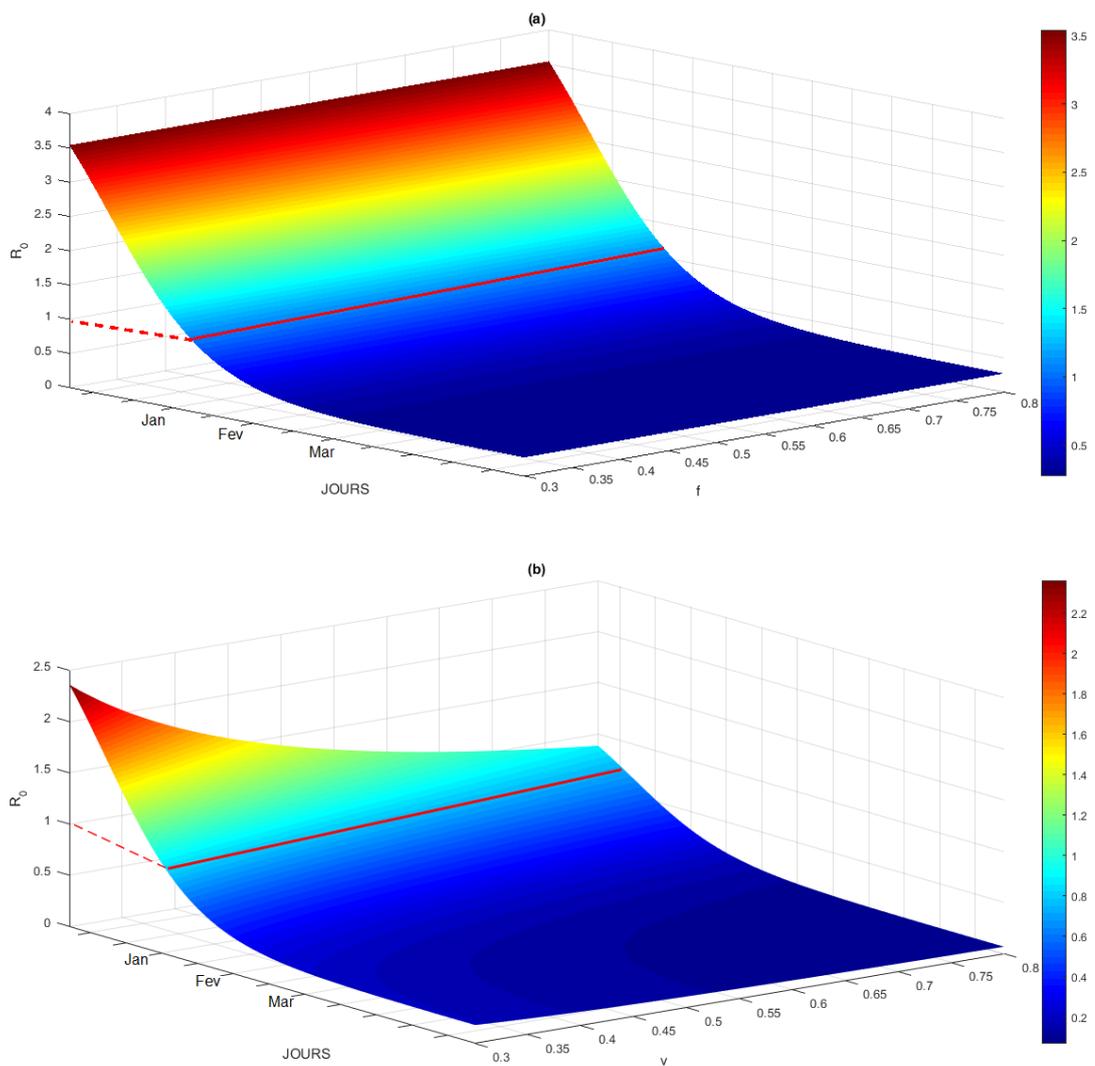


FIGURE 4.10 – Dans cette figure, nous traçons  $R_0(t) = \frac{\tau(t)S(t)}{\nu}$  le nombre de reproduction de base quotidien et nous faisons varier le paramètre  $f$  (a) et  $\nu$  (b).

# Chapitre 5

## Discussion

L'estimation des paramètres d'un modèle épidémiologique est toujours difficile et nécessite généralement des hypothèses fortes sur leur valeur, leur cohérence et leur constance dans le temps. Malgré cela, il est souvent que de nombreux ensembles de valeurs de paramètres sont compatibles avec un bon ajustement des données observées. De nouvelle approche développée dans l'article [1] et qui 'est présenté dans ce mémoire consiste tout d'abord à utiliser un modèle phénoménologique de croissance, basé sur le modèle très classique de Verhulst, proposé en démographie en 1838 [28]. Ensuite, il s'agit d'obtenir des formules explicites pour les valeurs de paramètres importants tels que le taux de transmission ou le nombre initial d'infectés (soit pour le taux de mortalité), (soit pour les limites inférieures et/ou supérieures à ces valeurs), donne une estimation permettant une reconstruction presque parfaite de la dynamique observée.

L'utilisation de modèles phénoménologiques peut également être considérée comme un moyen d'approximer les données. En effet, les erreurs concernant les observations des nouveaux cas d'infection sont nombreuses :

- Le recensement est rarement régulier et de nombreux pays signalent des cas tardifs survenus pendant le week-end et surajoutent à des moments variables des données provenant de comptages spécifiques, comme ceux des foyers pour personnes âgées ;
- Nombre de cas observés est toujours sous-estimé et le calcul des nouveaux cas non déclarés des infectés est toujours un problème difficile [23] ;

Pour toutes ces causes d'erreur, il est important de choisir la méthode d'approximation appropriée (moyenne mobile, spline, noyau gaussien, autorégression, modèle linéaire généralisé, etc.)

Dans ce mémoire, nous avons développé plusieurs méthodes pour comprendre comment reconstruire le taux de transmission à partir des données. Dans le chapitre 2, nous avons reconsidéré la méthode présentée dans [23] basée sur un ajustement exponentielle aux premières données. Cette approche donne une première estimation de  $I_0$  et  $\tau_0$ . Dans la deuxième partie du chapitre 2, nous prouvons un résultat permettant de relier les données cumulées déclarées en fonction du temps et le taux de transmission. Dans le chapitre 3, nous comparons les données au modèle de Bernoulli-Verhulst et nous utilisons ce modèle comme modèle phénoménologique. Le modèle de Bernoulli-Verhulst s'adapte très bien aux données de la Chine.

Ensuite, en remplaçant les données par la solution du modèle de Bernoulli-Verhulst, nous obtenons une formule explicite pour le taux de transmission. Nous déduisons donc certaines conditions sur les paramètres pour l'applicabilité du modèle  $SI$  aux données de la Chine.

Ensuite, nous avons discrétisé le taux de transmission afin d'observer certaines données cumulatives quotidiennes et nous avons obtenu un ajustement parfait des données. Par conséquent, dans le chapitre 4, nous proposons deux algorithmes pour calculer numériquement le taux de transmission quotidien.

Pour conclure ce mémoire, nous traçons le nombre de reproduction de base quotidien

$$R_0(t) = \frac{\tau(t)S(t)}{\nu},$$

comme étant une fonction du temps  $t$  et des paramètres  $f$  ou  $\nu$ . La formule ci-dessus pour  $R_0$  n'est pas le vrai nombre de reproduction de base dans le sens du nombre de nouveaux infectés produits par un seul infectieux, mais il s'agit d'une formule simple qui donne une tendance sur la croissance ou la décroissance du nombre d'infectieux. Dans la figure 4.10a, le nombre de reproduction de base quotidien est presque indépendant de  $f$ , tandis que dans la figure 4.10b,  $R_0(t)$  dépend de  $\nu$  principalement pour les petites valeurs de  $\nu$ . La courbe rouge sur chaque surface de la figure 4.10 correspond au point de retournement (c'est-à-dire l'instant  $t \geq t_0$  pour lequel  $R_0(t) = 1$ ). Nous remarquons également qu'il ne dépend pas de ces paramètres. Concernant les maladies contagieuses, les médecins de santé publique sont constamment confrontés à quatre défis.

Le premier concerne l'estimation du taux de transmission moyen. Jusqu'à présent, aucune formule explicite n'avait été obtenue dans le cas du modèle SIR, en fonction des données observées de l'épidémie, c'est-à-dire le nombre de cas rapportés de patients infectés. Ici, à partir d'hypothèses simplificatrices réalistes, une formule est fournie (formule (3.1.5)), permettant de reconstruire théoriquement avec précision la courbe des cas cumulés observés.

Le deuxième défi concerne l'estimation de la durée moyenne de la période infectieuse pour les patients infectés. Comme pour le taux de transmission, les mêmes hypothèses permettent d'obtenir une limite supérieure à cette durée (inégalité 3.1.8). Cette borne supérieure permet également d'obtenir une borne inférieure pour le pourcentage de patients infectés non déclarés (inégalité (3.1.9), ce qui donne une idée de la qualité du recensement des cas de patients infectés, qui constitue le troisième défi auquel sont confrontés les épidémiologistes.

Le quatrième défi est l'estimation du taux de transmission moyen pour chaque jour de la période infectieuse qui fera l'objet de travaux ultérieurs et qui pose de redoutables problèmes, notamment ceux liés à l'âge (biologique) et à la durée de la maladie.

## Annexe A. Tableau supplémentaire

Nous utilisons les données cumulées de la Commission nationale de la santé de la République populaire de Chine et des CDC chinois pour la Chine continentale. Avant le 11 février, les données étaient basées sur des tests confirmés. Du 11 février au 15 février, les données incluent les cas qui n'ont pas été testés pour le virus, mais qui ont été diagnostiqués cliniquement sur la base d'une imagerie médicale montrant des signes de pneumonie. Il y a eu 17 409 cas de ce type du 10 février au 15 février. Les données du 10 février au 15 février spécifiaient les deux types de cas déclarés. À partir du 16 février, les données ne séparaient pas les deux types de déclaration, mais ont indiqué la somme des deux types. Nous avons soustrait 17 409 cas des cas cumulés déclarés après le 15 février pour obtenir les cas cumulés déclarés basés uniquement sur les tests confirmés après le 15 février. Les données sont présentées dans le tableau 1 avec cet ajustement.

**Tableau 1 :** Données cumulatives décrivant les cas confirmés en Chine continentale du 19 janvier au 18 mars 2020. Les données sont tirées de [24]-[26].

<b>janvier</b>						
19	20	21	22	23	24	25
198	291	440	571	830	1287	1975
26	27	28	29	30	31	
2744	4515	5974	7711	9692	11791	
<b>fevrier</b>						
1	2	3	4	5	6	7
14380	17205	20438	24324	28018	31161	34546
8	9	10	11	12	13	14
37198	40171	42638	44653	46472	48467	49970
15	16	17	18	19	20	21
51091	70548-17409	72436-17409	74185-17409	75002-17409	75891-17409	76288-17409
22	23	24	25	26	27	28
76936-17409	77150-17409	77658-17409	78064-17409	78497-17409	7824-17409	79251-17409
29						
79824-17409						
<b>mars</b>						
1	2	3	4	5	6	7
79824-17409	79824-17409	79824-17409	80409-17409	80552-17409	80651-17409	80695-17409
8	9	10	11	12	13	14
80735-17409	80754-17409	80778-17409	80793-17409	80813-17409	80824-17409	80844-17409
15	16	17	18			
80860-17409	80881-17409	80894-17409	80928-17409	...		
<b>août</b>						
1	2	3	4	5	6	7
.....	.....	.....	.....	.....	84511-17409	....

# Bibliographie

- [1] Demongeot J., Griette Q. and Magal P. 2020 SI epidemic model applied to COVID-19 data in mainland China R. Soc. open sci.7.201878
- [2] Ali Moussaoui, El Hadi Zerga. Transmission dynamics of COVID-19 in Algeria : The impact of physical distancing and face masks[J]. AIMS Public Health, 2020, 7(4):816-827. (doi: 10.3934/publichealth.2020063)
- [3] Magal P, Ruan S. 2014 Susceptible-infectious-recovered models revisited : from the individual level to the population level. Math. Biosci. 250, 26–40. (doi :10.1016/j.mbs.2014.02.001)
- [4] Qiu Y, Chen X, Shi W. 2020 Impacts of social and economic factors on the transmission of coronavirus disease 2019 (COVID-19). China. J. Popul. Econ. 33, 1127–1172. (doi :10.1007/ s00148-020-00778-2)
- [5] Zeberg H, Pääbo S. 2020 The major genetic risk factor for severe COVID-19 is inherited from Neanderthals. Nature. (doi :10.1038/s41586-020- 2818-3)
- [6] Guillon P, Clément M, Sébille V, Rivain JG, Chou CF, Ruvoën-Clouet N, Le Pendu J. 2008 Inhibition of the interaction between the SARS-CoV spike protein and its cellular receptor by anti-histo-blood group antibodies. Glycobiology 1085–1093. (doi :10.1093/glycob/cwn093)
- [7] Zhou F et al. 2020 Clinical course and risk factors for mortality of adult inpatients with COVID-19 in Wuhan, China : a retrospective cohort study. Lancet 395, 1054–1062. (doi :10. 1016/S0140-6736(20)30566-3)
- [8] Hu Z et al. 2020 Clinical characteristics of 24 asymptomatic infections with COVID-19 screened among close contacts in Nanjing, China. Sci. China Life Sci. 63, 706–711. (doi :10. 1007/s11427-020-1661-4)
- [9] Ma S, Zhang J, Zeng M, Yun Q, Guo W, Zheng Y, Zhao S, Wang MH, Yang Z. 2020 Epidemiological parameters of coronavirus disease 2019 : a pooled analysis of publicly reported individual data of 1155 cases from seven countries. medRxiv. (doi :10.1101/2020.03.21.20040329)
- [10] Li R, Pei S, Chen B, Song Y, Zhang T, Yang W, Shaman J. 2020 Substantial undocumented infection facilitates the rapid dissemination of novel coronavirus (SARS-CoV-2). Science 368, 489–493. (doi :10.1126/science.abb3221)
- [11] Byrne AW et al. 2020 Inferred duration of infectious period of SARS-CoV-2 : rapid scoping review and analysis of available evidence for asymptomatic and symptomatic COVID-19 cases. BMJ Open 10, e039856. (doi :10.1136/bmjopen-2020-039856)
- [12] Rothe C. 2020 Transmission of 2019-nCoV Infection from an asymptomatic contact in Germany. N. Engl. J. Med. 382, 970–971. (doi :10.1056/NEJM2001468)

- [13] Report of the WHO-China Joint Mission on Coronavirus Disease 2019 (COVID-19). <https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/who-china-joint-mission-on-covid-19-finalreport.pdf>.
- [14] Yang Z et al. 2020 Modified SEIR and AI prediction of the epidemics trend of COVID-19 in China under public health interventions. *J. Thoracic Dis.* 12, 165–174. (doi :10.21037/jtd. 2020.02.64)
- [15] London WP, Yorke JA. 1973 Recurrent outbreaks of measles, chickenpox and mumps : I. Seasonal variation in contact rates. *Am. J. Epidemiol.* 98, 453–468. (doi :10.1093/oxfordjournals.aje. a121575)
- [16] Yorke JA, London WP. 1973 Recurrent outbreaks of measles, chickenpox and mumps : II. Systematic differences in contact rates and stochastic effects. *Am. J. Epidemiol.* 98, 469–482. (doi :10.1093/oxfordjournals.aje. a121576)
- [17] Wang W, Ruan S. 2004 Simulating the SARS outbreak in Beijing with limited data. *J. Theor. Biol.* 227, 369–379. (doi :10.1016/j.jtbi. 2003.11.014)
- [18] Chowell G, Hengartner NW, Castillo-Chavez C, Fenimore PW, Hyman JM. 2004 The basic reproductive number of Ebola and the effects of public health measures : the cases of Congo and Uganda. *J. Theor. Biol.* 229, 119–126. (doi :10. 1016/j.jtbi.2004.03.006)
- [19] Smirnova A, deCamp L, Chowell G. 2019 Forecasting epidemics through non-parametric estimation of time-dependent transmission rates using the SEIR model. *Bull. Math. Biol.* 81, 4343–4365. (doi :10.1007/s11538-017-0284-3)
- [20] Liu Z, Magal P, Seydi O, Webb G. 2020 Predicting the cumulative number of cases for the COVID-19 epidemic in China from early data. *Math. Biosci. Eng.* 17, 3040–3051. (doi :10.3934/ mbe.2020172)
- [21] Haderler KP. 2011 Parameter identification in epidemic models. *Math. Biosci.* 229, 185–189. (doi :10.1016/j.mbs.2010.12.004)
- [22] Bakhta A, Boiveau T, Maday Y, Mula O. 2020 Epidemiological short-term forecasting with model reduction of parametric compartmental models : application to the first pandemic wave of COVID-19 in France. (<http://arxiv.org/abs/2009.09200>)
- [23] Liu Z, Magal P, Seydi O, Webb G. 2020 Understanding unreported cases in the 2019- nCov epidemic outbreak in Wuhan, China, and the importance of major public health interventions. *MPDI Biol.* 9, 50. (doi :10.3390/ biology9030050)
- [24] Data sourced Wikipedia who used from NHC daily reports : [https://en.wikipedia.org/wiki/ COVID-19-pandemic-in-mainland-China](https://en.wikipedia.org/wiki/COVID-19-pandemic-in-mainland-China).
- [25] The National Health Commission of the People’s Republic of China : <http://www.nhc.gov.cn/yjb/pzhgli/new-list.shtml>.
- [26] Chinese Center for Disease Control and Prevention : <http://www.chinacdc.cn/jkzt/crb/zl/szkb-11803/jszl-11809/>.
- [27] Roda WC, Varughese MB, Han D, Li MY. 2020 Why is it difficult to accurately predict the COVID-19 epidemic? *Inf. Dis. Modell.* 5, 271–281. (doi :10.1016/j.idm.2020.03.001)
- [28] Smith HL. 1995 Monotone dynamical systems, an introduction to the theory of competitive and cooperative systems. *Math. Surveys and Monographs*, vol. 41. Providence, RI : American Mathematical Society.

- [29] Tsoularis A, Wallace J. 2002 Analysis of logistic growth models. *Math. Biosci.* 179, 21–55. (doi :10.1016/S0025-5564(02)00096-2)
- [30] Verhulst P-F. 1838 Notice sur la loi que la population poursuit dans son increase. *Correspondance mathématique et physique* 10, 113–121.
- [31] Demongeot J, Taramasco C. 2014 Evolution of social networks : the example of obesity. *Biogerontology* 15, 611–626. (doi :10.1007/ s10522-014-9542-z)
- [32] Demongeot J, Hansen O, Taramasco C. 2015 Complex systems and contagious social diseases : example of obesity. *Virulence* 7, 129–140. (doi :10.1080/21505594.2015.1082708)
- [33] Demongeot J, Jelassi M, Taramasco C. 2017 From susceptibility to frailty in social networks : the case of obesity. *Math. Pop. Studies* 24, 219–245. (doi :10.1080/08898480.2017. 1348718)