

ANALYSE DU RISQUE CATASTROPHE D'UNE PANDEMIE EN ASSURANCE PREVOYANCE PAR UNE APPROCHE ÉPIDEMIOLOGIQUE

Khouloud MANDHOUI¹

ISFA - Laboratoire SAF² - Université de Lyon - Université Claude Bernard Lyon 1

Résumé :

Le futur référentiel de solvabilité « Solvabilité 2 » a intégré le risque catastrophe d'une pandémie grippale dans l'évaluation du SCR (Solvency Capital Requirement) de couverture des risques liés à l'assurance prévoyance. Qu'il soit évalué par une formule standard ou par un modèle interne, le SCR de couverture du risque catastrophe d'une pandémie doit correspondre aux fonds propres requis pour remplir toutes les obligations à un horizon temporel fixé à un an et en fonction d'un niveau de confiance défini sur un scénario de pandémie bicentenaire. Cependant, aucune référence spécifique n'existe à l'heure actuelle pour mettre en œuvre un modèle interne cohérent en assurance prévoyance permettant de prendre en compte à la fois les risques de mortalité et de morbidité engendrés par un scénario commun d'une pandémie grippale. L'objectif de cet article est de proposer une modélisation de ces risques via un modèle épidémiologique stochastique du type SEIR (Susceptible-Exposed-Infectious-Removed). Nous serons alors en mesure de caractériser un scénario d'une pandémie grippale bicentenaire et de fournir au final un outil aux assureurs prévoyance souhaitant d'intégrer le risque catastrophe dans leur modèle interne (total ou partiel).

Mots-clés : Pandémie de grippe, Modèles épidémiologiques stochastiques, MCMC, Mortalité, Morbidité, Assurance prévoyance, Solvabilité 2, Capital Requis de Solvabilité, Modèle interne

Abstract:

The future solvency reference "Solvency 2" has integrated the disaster risk of pandemic influenza in the evaluation of the SCR (Solvency Capital Requirement) in protection insurance. Whether it is evaluated by a standard formula or by an internal model,

¹ Khouloud MANDHOUI est membre de l'Institut des Actuaire et Doctorante au Laboratoire de Sciences Actuarielle et Financière. Contact : khouloud.mandhouj@ensae.org.

² Institut de Science Financière et d'Assurances (ISFA) - 50 avenue Tony Garnier - 69366 Lyon Cedex 07 - France.

the SCR corresponds to the required capital to fulfill all the obligations on a temporal horizon fixed to one year and according to a reliable level defined on a scenario of bicentenary pandemic. However, no specific reference exists at the moment to implement a coherent internal model in protection insurance taking into account at once the risks of mortality and morbidity caused by a common scenario of a pandemic influenza. This article aims to propose a model for these risks through a stochastic epidemiological SEIR model (Susceptible-Exposed-Infectious-Removed). We will then be able to characterize a bicentenary pandemic influenza and supplying a tool to the protection insurers wishing to integrate the disaster risk in their internal model.

Keywords: Pandemic influenza, Stochastic epidemiological models, MCMC, Mortality, Morbidity, Protection insurance, Solvency 2, Solvency Capital Requirement, Internal model

1. INTRODUCTION

Les pandémies grippales ont été périodiquement observées dans le temps. Malgré sa rareté, une pandémie de grippe se caractérise par ses effets néfastes à la fois sur la vie et sur la santé des êtres humains (cf. Osterholm (2005), Ghendon (1994) et Patterson (1986)). Le 20^{ème} siècle a connu trois pandémies : la grippe espagnole A (H1N1) en 1918 avec environ 50 millions de victimes dans le monde, la grippe asiatique A (H2N2) en 1957 et la grippe de Hong Kong A (H3N2) en 1968 avec environ un à deux millions de victimes chacune. Ces pandémies grippales étaient caractérisées également par des millions de personnes contaminées à l'époque. Le tableau Tab.1 présente un récapitulatif des caractéristiques de ces pandémies.

Tab.1. Caractéristiques des pandémies de grippe de 20^{ème} siècle

Year(s)	Years since previous pandemic	Place of origin or of first report	Viral type	Estimated global deaths	Estimated global morbidity
1918 – 1919 (Spanish flu)	18	France, US	A (H1N1)	40 – 50 million	50 % - 70 % of global population
1957 - 1958 (Asian flu)	38	China	A (H2N2)	1 – 2 million	60 % - 80 % of global population
1968 – 1969 (Hong Kong flu)	10	China	A (H3N2)	1 million	60 % - 80 % of global population

(Source : World Health Organisation, WHO(2005))

Récemment, la pandémie de la grippe A (H1N1) de 2009-2010 s'est propagée dans la plupart des pays du monde avec environ deux millions de personnes contaminées (dont 5000 en France) et 19 633 de victimes (dont 344 en France)¹. Bien que les conséquences de cette pandémie ne fussent pas graves sur la vie humaine (*i.e.* une mortalité faible), rien n'empêchera la survenance d'une pandémie plus contagieuse dans le futur (*cf.* Rapport de l'Organisation Mondiale de la Santé, WHO (2009)).

Ces pandémies de grippe ont révélé des risques sérieux de mortalité et de morbidité (*i.e.* la contamination par la maladie et ses effets sur la santé comme l'incapacité et l'hospitalisation) pour la population. Certes les conditions médicales et d'hygiène actuelles ont beaucoup progressé depuis 1918 ce qui réduit le risque de mortalité. Toutefois, la mobilité croissante de la population du monde et l'augmentation de la densité de la population dans certaines mégapoles accélèrent la propagation du virus grippal. De plus, certaines maladies et traitements (*e.g.* VIH, chimiothérapie contre le cancer) affaiblissent actuellement le système immunitaire en le rendant plus vulnérable. Cela augmentera le risque de morbidité et éventuellement le risque de mortalité si le virus est inconnu et très dangereux pour les humains. Dans ce contexte, si une pandémie de grippe survient actuellement, elle aura des conséquences graves sur les risques de mortalité et de morbidité. Ces deux risques constituent des événements déclencheurs de prestations vie et santé en assurance prévoyance.

Pour un portefeuille de contrats de prévoyance classique individuelle ou collective, dont les garanties font partie de l'assurance vie et santé, les effets d'une pandémie grippale seraient considérables : la hausse de mortalité et de morbidité parmi la population assurée entraînerait l'augmentation des prestations à verser pour les produits vie (*i.e.* garantie décès) et santé (*i.e.* garantie incapacité/invalidité temporaire de travail causée par une maladie et garantie frais de santé). La réassurance traditionnelle n'offre pas de couverture suffisante pour ces charges et ne prend pas généralement le risque d'assurer une pandémie. De ce fait, un assureur prévoyance doit se tenir prêt à une éventuelle catastrophe de pandémie grippale. Il doit répondre ainsi à certains critères de solvabilité afin de faire face à ses engagements envers les assurés.

Afin de protéger les assurés et d'établir un calcul de la solvabilité reflétant mieux le risque catastrophe encouru par les assureurs prévoyance, le législateur européen a explicité

¹ Sources : www.who.int et www.invs.sante.fr

entre autres le risque catastrophe d'une pandémie grippale dans le projet « Solvabilité 2 ».

Pour rappel, ce projet a été présenté à la commission européenne en juillet 2007 et adopté en avril 2009 pour une mise en œuvre prévue à partir de 2012. Solvabilité 2 est fondé sur une structure à trois piliers. Le premier plus quantitatif, prévoit essentiellement les règles concernant l'évaluation du passif (à savoir le niveau des provisions techniques et le niveau des fonds propres) et de l'actif (qui sera évalué avec sa valeur de marché). Ce pilier s'attache donc à établir des outils de mesure de la suffisance de capital de couverture de « risque de passifs » et à formuler une harmonisation de ses principes de calcul entre les différentes compagnies d'assurance. Le deuxième pilier est plus qualitatif. Il prévoit les règles de suivi des risques en interne aux sociétés et aux autorités du contrôle. Enfin, le troisième pilier concerne la transparence et la communication d'informations relatives aux deux piliers précédents.

En s'intéressant particulièrement à l'évaluation du niveau des fonds propres, « Solvabilité 2 » a introduit entre autres des recommandations pour le calcul du Capital Requis de Solvabilité (*SCR* pour *Solvency Capital Requirement*). Le *SCR* désigne "le niveau de capital permettant à une société d'assurance d'absorber les sinistres imprévus significatifs et de donner aux preneurs d'assurance l'assurance raisonnable que les versements seront effectués à leur échéance" (CEIOPS (2003)). Il sera calculé en utilisant soit une formule standard développée au niveau européen, soit un modèle interne à la compagnie (préalablement validé par les autorités du contrôle) qui devra mieux s'adapter au profil de risque de l'assureur. Toutefois, quelle que soit l'approche adoptée pour évaluer le *SCR*, ce dernier doit correspondre aux fonds propres requis pour remplir toutes les obligations à un horizon temporel donné, fixé à un an, et en fonction d'un niveau de confiance défini (équivalent à une probabilité de ruine de 0,5 %) en utilisant des données internes à la société.

Dans ce cadre, tous les risques importants et quantifiables auxquels un assureur est exposé doivent être pris en compte dans le calcul du *SCR*. La dernière étude quantitative d'impact « le QIS 5 », publiée par le CEIOPS en juillet 2010, précise que le calcul de *SCR* doit tenir compte des modules de risques suivants (cf. **Fig.1**) : le risque opérationnel (*SCR_{op}*), le risque de marché (*SCR_{market}*), le risque de contrepartie (*SCR_{default}*), le risque de souscription vie (*SCR_{life}*), le risque de souscription santé (*SCR_{health}*), le risque de souscription non-vie (*SCR_{non-life}*) et le risque d'actifs incorporels (*SCR_{intang}*).

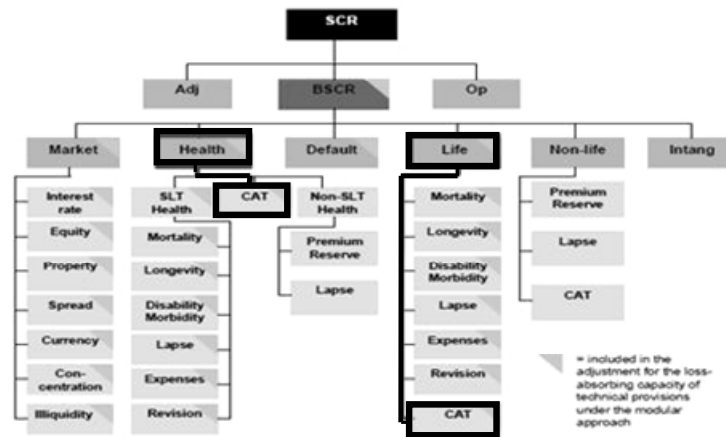


Fig.1. Les risques pris en compte au calcul du SCR dans le QIS 5¹

Le risque de souscription en assurance prévoyance est lié au risque de souscription vie et au risque de souscription santé. Le calcul du SCR de ces deux risques adopte comme module sous jacent le risque catastrophe d'une pandémie grippale à travers le sous module **Health_{CAT}** (Catastrophe santé) pour le risque de souscription santé et le sous module **Life_{CAT}** (Catastrophe vie) pour le risque de souscription vie. Bien que le sous jacent soit le même (*i.e.* une pandémie grippale), la calibration proposée des formules standards de ces deux sous modules est différente (*cf.* CEIOPS (2010)). En effet :

- Le sous module **Health_{CAT}** couvre les pertes liées à des scénarios parmi lesquels figure le scénario d'une pandémie grippale. Ce scénario affecte les garanties invalidité et incapacité (partielles ou totales). La garantie frais de santé n'est pas prise en compte.

Le chargement de capital relatif au risque catastrophe d'une pandémie en assurance santé est estimé par :

$$SCR_{CAT_{PAND}} = \sum^{STATES} CAT_{PAN_STATE} = \sum^{STATES} \left(R \sum^{products} E_p \right)$$

où **R** (estimée à 0,0075 %) est la proportion des vies humaines affectées par la pandémie grippale et **E_p** est une mesure d'exposition (la moyenne des sommes assurées par type de contrat d'assurance).

¹ Source : CEIOPS (2010), QIS 5 Technical Specifications, July 2010.

- Le sous module $Life_{CAT}$ est calibré en assimilant le risque catastrophe en assurance vie au risque de pandémie grippale. Le CEIOPS a estimé, en effet, que ce risque surpasse tous les autres risques potentiels en termes d'impact sur la santé ou la durée de vie humaine.

Le chargement en capital au titre de risque de catastrophe en assurance vie est calculé comme suit :

$$SCR_{Life_{CAT}} = \Delta NAV | life\ CAT\ shock$$

Où ΔNAV est la variation d'actif net et $life_{CAT}\ shock$ (choc $Life_{CAT}$) est une combinaison des événements suivants survenus simultanément :

- Une augmentation en valeur absolue de 1,5 pour mille du taux de souscripteurs décédant dans l'année suivante (par exemple de 1,0 pour mille à 2,5 pour mille) ;
- Une augmentation en valeur absolue de 1,5 pour mille du taux de souscripteurs touchés par la maladie au cours de l'année suivante. Le cas échéant, les entreprises doivent supposer qu'un tiers de ces souscripteurs seront malades pendant 6 mois, un tiers pendant 12 mois et un tiers pendant 24 mois à compter du moment où ils tombent malades.

Ainsi, selon le CEIOPS, une pandémie grippale bicentenaire (*i.e.* de période de retour de 200 ans ou avec une fréquence de survenance d'une fois tous les deux cents ans) entraîne une surmortalité de 0,15 %.

Par ailleurs, « Solvabilité 2 » n'a fourni aucune indication sur la structure de dépendance entre les sous modules catastrophe des risques de souscription santé et vie dans le calcul de capital de couverture globale d'une catastrophe de pandémie grippale.

Nous ajoutons à ce qui se précède que les autorités du contrôle autorisent les assureurs prévoyance à utiliser leur propre modèle interne (total ou partiel) pour l'évaluation de l'impact d'une pandémie grippale. Au contraire des formules standards décrites précédemment, le chargement en capital de couverture d'une pandémie ainsi que les corrélations entre les sous modules catastrophe des risques de souscription vie et santé doivent être basés sur des modèles intrinsèques aux assureurs. L'unique exigence imposée pour le modèle interne est que ce dernier doit être conforme aux exigences de base de « Solvabilité 2 » à savoir des scénarios de pandémie ayant une période de retour de deux cent ans.

Au vu de ce développement du contexte réglementaire et face à la menace d'une pandémie grippale, plusieurs organismes (actuariels, d'assurance et de réassurance, sanitaires, ...) ont mis récemment au point des modèles sophistiqués de mortalité et de morbidité. Ces modèles visent à améliorer le niveau de compréhension des conséquences potentielles d'une pandémie sur les garanties prévoyance (*cf.* Stracke (2007), Society of Actuaries (2007), Groupe Consultatif Actuariel Européen (2006), Swiss Re (2007,1), Swiss Re (2007,2), Doyle et *al.* (2005), Meltzer et *al.* (1999), Davet et *al.* (2008), Deloitte et *al.* (2006), Munich Re Group (2007) et Corlosquet-Habart (2010)).

Le lecteur intéressé pourra consulter Mandhouj (2010) et Corlosquet-Habart (2010,1) pour une revue et une analyse détaillées de ces modèles. Nous nous limitons dans cet article à présenter les principaux résultats de leur analyse permettant de dégager quelques pistes de réflexions susceptibles d'améliorer la modélisation actuelle du risque d'une pandémie grippale sur les garanties prévoyance.

Toutes les études de mortalité ont modélisé les effets d'une pandémie par groupes d'âges sur la population globale pour pouvoir étudier l'impact d'une pandémie grippale sur le portefeuille des assurés. Ces études ont montré une grande hétérogénéité au niveau des résultats de surmortalité estimée. Cette hétérogénéité peut s'expliquer par les différentes hypothèses sous jacentes mises en jeux par chaque modèle. D'un côté, certains modèles prennent en compte des avis d'experts (*cf.* Swiss Re (2007,1) et Swiss Re (2007,2)), d'autres prennent en compte des politiques de santé publique comme la vaccination et les antiviraux (*cf.* Groupe Consultatif Actuariel Européen (2006) et Davet et *al.* (2008)) et la réduction du trafic aérien (*cf.* Corlosquet-Habart (2010, 1) et Corlosquet-Habart (2010, 2)). D'un autre côté, certains modèles sont calibrés sur les trois pandémies passées de 20^{ème} siècle (*cf.* Davet et *al.* (2008), Munich Re Group (2007), Deloitte et *al.* (2006) et Corlosquet-Habart (2010)) alors que d'autres ont été calibrés sur deux pandémies passées uniquement (*cf.* Society of Actuaries (2007)) voire une seule pandémie (*cf.* Stracke (2007)).

Comme nous l'avons vu précédemment, le QIS 5 a restreint le risque catastrophe en assurance vie (*i.e.* le sous module *Life_{CAT}*) au risque d'une pandémie grippale. Le chargement de capital nécessaire pour couvrir ce risque est calibré actuellement sur un choc de surmortalité de 0,15 % correspond à un quantile de 99,5 % pour un scénario de pandémie bicentenaire. Cette calibration était basée sur le modèle épidémiologique de Swiss Re (*cf.* Swiss Re (2007,1) et Swiss Re (2007,2)). Le modèle de Swiss Re fait intervenir les avis des experts et plusieurs d'autres facteurs démographiques, biologiques,

médicaux, sanitaires, ... pour générer des distributions de surmortalité correspondantes à des scénarios de pandémie selon des différentes périodes de retour. De plus, l'étude de Swiss Re est l'étude la plus complète qui analyse les chocs de surmortalité résultants d'une pandémie de grippe. Nous ajoutons que le modèle de Swiss Re est actuellement le modèle le plus sophistiqué permettant aux assureurs vie d'intégrer des chocs de surmortalité dans leurs modèles internes tout en respectant les recommandations de « Solvabilité 2 ».

La modélisation des risques de mortalité et de morbidité était faite d'une manière séparée. Les modèles de morbidité doivent tenir compte la structure de population non pas seulement par âge mais aussi par risque de complications liées à la grippe (*cf.* Doyle et *al.* (2005) et Davet et *al.* (2008)). Seul l'impact économique d'une pandémie sur les frais de santé (frais médicaux et frais d'hospitalisation) est modélisé en assurance santé. L'impact d'une pandémie grippale sur les prestations d'invalidité et d'incapacité n'a pas été encore pris en compte.

Malgré la pertinence des modèles développés, leurs mises en œuvre restent confidentielles. A l'exception de modèle de Swiss Re, tous les autres modèles ont été basés sur des scénarios de pandémies non bicentennaires. Une incohérence globale était ainsi constatée sur l'impact économique d'une pandémie grippale sur les risques de mortalité et de morbidité touchant les garanties prévoyance par rapport aux exigences de « Solvabilité 2 ». De plus, même si le modèle de Swiss Re est retenu pour mettre un modèle interne du choc de mortalité, aucune référence spécifique n'existe à l'heure actuelle pour mettre en œuvre un modèle interne cohérent (total ou partiel) en assurance prévoyance permettant de prendre en compte à la fois les risques de mortalité et de morbidité engendrés par un scénario commun de pandémie grippale.

En ce sens, il sera important de réfléchir à une modélisation cohérente de l'impact d'une pandémie grippale sur les risques de mortalité et de morbidité pour toutes les garanties prévoyance. Cette modélisation devrait spécifier un scénario catastrophe d'une pandémie commun pour l'ensemble des garanties prévoyance, un scénario qui serait ensuite décliné sur chacune de ces garanties pour en simuler les conséquences économiques. Cette approche permettrait d'appréhender de manière beaucoup plus précise la corrélation entre les différentes garanties.

Il sera également important de réfléchir à une méthode de modélisation de l'impact d'un scénario commun de pandémie grippale pour l'ensemble des garanties prévoyance tout en respectant les contraintes réglementaires imposées par « Solvabilité 2 ». Dans cette

optique, l'approche épidémiologique retenue par Swiss Re nous semble intéressante dans la mesure où elle est l'approche la plus sophistiquée actuellement pour modéliser le risque de mortalité dans un modèle interne.

Dans cet article, nous allons proposer une modélisation de la mortalité et de la morbidité causées par une pandémie grippale *via* une approche épidémiologique sophistiquée. Cette modélisation doit permettre de fournir au final un outil aux assureurs prévoyance souhaitant d'intégrer le risque catastrophe d'une pandémie grippale dans leur modèle interne (total ou partiel).

Cet article s'articule autour de trois parties. La première partie présente la modélisation épidémiologique des scénarios de pandémie grippale. Cette modélisation permettra de générer des distributions empiriques des variables caractérisant la dynamique de la maladie dans chaque scénario. A partir de ces distributions, nous allons estimer, dans une deuxième partie, les paramètres liés aux risques de mortalité et de morbidité d'un scénario bicentenaire d'une pandémie grippale. A l'aide de ces paramètres, nous proposerons, dans la troisième partie, une évaluation du chargement en capital nécessaire à la couverture d'un portefeuille prévoyance contre le risque catastrophe tout en respectant les exigences réglementaires de Solvabilité 2.

2. MODELISATION EPIDEMIOLOGIQUE D'UN SCENARIO DE PANDEMIE GRIPPALE

L'objectif de cette partie consiste à modéliser des scénarios de pandémie grippale sur une population française. Avant de procéder à la modélisation de ces scénarios, nous allons présenter les fondements théoriques des modèles épidémiologiques *SEIR* d'une maladie infectieuse grippale.

2.1 Modèles épidémiologiques d'une pandémie grippale : Fondements théoriques

La maladie de grippe se caractérise généralement par une dynamique temporelle à trois périodes (*cf.* Desenclos (2005)). La première période est une période latente (ou une période d'incubation) durant laquelle l'individu demeure dans un état « latent ». A cet état, il est infecté mais il ne peut pas transmettre la maladie à une autre personne susceptible. La deuxième est une période d'infection (ou une période de contagiosité) durant laquelle l'individu initialement infecté devient dans un état d'« infectieux » (*i.e.* il est infecté et il peut transmettre la maladie à un susceptible). La troisième est une période de guérison qui

marque la fin de la maladie. Durant cette période, l'individu demeure dans un état « remis ». Plusieurs possibilités peuvent être associées à cet état : un décès, une rémission avec immunisation ou une rémission sans immunisation.

Durant une maladie de grippe, les individus se trouvent ainsi dans différents états ou compartiments (cf. **Fig. 2**) : Susceptibles, Latents, Infectieux et Remis. Un modèle épidémiologique adapté à cette maladie de grippe doit prendre en compte la combinaison de ces différents compartiments.

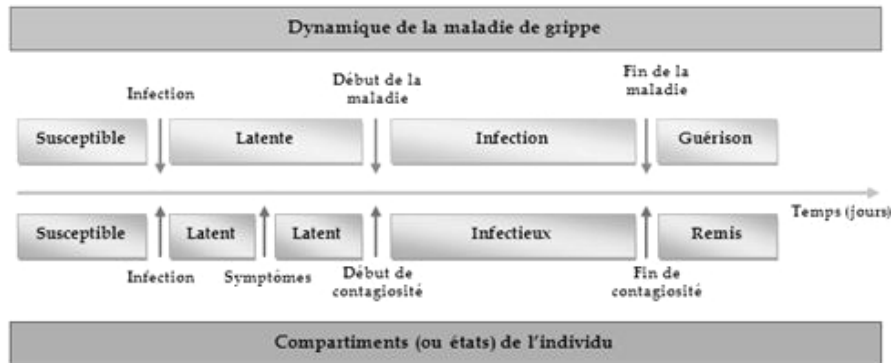


Fig.2. Progression de l'état des individus contaminés par une maladie de grippe

Dans ce contexte, le modèle épidémiologique **SEIR** est utilisé pour modéliser une pandémie de grippe. Le lecteur peut se référer par exemple à Kermack et *al.* [1927,1932], Chowell et *al.* (2008) et Keeling et *al.* (2008) pour une revue de la littérature sur ce modèle.

Les aspects théoriques du modèle **SEIR** standard font l'objet du paragraphe suivant.

2.1.1 Le modèle SEIR Standard

Le modèle **SEIR** (pour **Susceptible-Exposed-Infectious-Removed**) est schématisé par quatre compartiments qui représentent les différents états dans lesquels peuvent se trouver les individus d'une population au cours d'une pandémie grippale (cf. **Fig.3**). Le premier compartiment **S** contient les individus **Susceptibles** au virus grippal. Le deuxième **E** contient les individus **Latents** (ou exposés) qui sont infectés mais non encore capables de transmettre la maladie. Ces individus développent des symptômes et quand ils peuvent transmettre la maladie à un autre susceptible, ils deviennent **Infectieux** et quittent ainsi le compartiment **E** vers le troisième compartiment **I**. Les individus restent infectieux jusqu'à leur guérison. Devenus **Remis**, ils occupent le quatrième compartiment **R**.

A côté de cette description simple, le modèle **SEIR** standard formalise par des équations différentielles les transferts entre les différents compartiments, en faisant des hypothèses simplificatrices de la réalité.

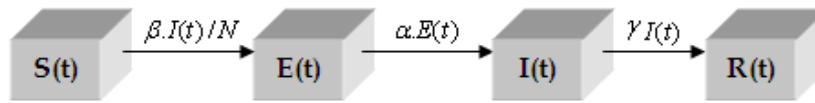


Fig. 3. Les Compartiments d'un modèle SEIR standard à une date t

Les hypothèses sous jacentes d'un modèle **SEIR** standard sont les suivantes :

H₁) La population est supposée fermée. De ce fait, les effets démographiques sont ignorés et la taille de la population N est constante au cours du temps : $N = S(t) + E(t) + I(t) + R(t)$, où : $S(t)$, $E(t)$, $I(t)$ et $R(t)$ sont respectivement le nombre des Susceptibles, Latents, Infectieux et Remis à une date t .

H₂) En $t=0$, tous les individus de la population sont supposés susceptibles à l'infection à l'exception du premier individu infecté (*i.e.* $S(0)=N-1$).

H₃) Le modèle est supposé homogène. D'un côté, la structure de la population est supposée homogène en termes des types d'individus susceptibles et infectieux. Ainsi, un seul taux moyen de transmission de l'infection β détermine la relation binaire entre un susceptible et un infectieux. Ce taux est défini par le rapport entre le nombre cumulé d'infectés à la fin de l'épidémie (noté $C(T)$) et le nombre initial des susceptibles $S(0)$. D'un autre côté, les contacts sociaux entre les individus sont également homogènes. Le susceptible devient infecté à la suite d'un seul contact aléatoire (de probabilité $I(t)/N$) avec un sujet infectieux.

Cette hypothèse d'homogénéité implique donc qu'un infectieux transmet la maladie aux susceptibles d'une manière indépendante et équiprobable avec le même taux d'infection.

Le processus de transmission d'une pandémie par un modèle **SEIR** standard se définit par le système d'équations différentielles non linéaires suivantes :

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\frac{\beta I(t)}{N} S(t) \\ \frac{dE(t)}{dt} = \frac{\beta I(t)}{N} S(t) - \alpha E(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} = \alpha E(t) - \gamma I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t) \end{cases}$$

où α (resp. γ) est le taux moyen de passage d'un individu du compartiment E (resp. I) au compartiment I (resp. R).

Ce modèle peut être considéré comme déterministe ou stochastique. Le modèle « déterministe » fait intervenir des taux de transfert bien définis entre les compartiments ainsi que des périodes latente et d'infection fixées (notées respectivement par T_E et T_I). Dans ce cas, une valeur bien précise est associée aux variables ($S(t)$, $E(t)$, $I(t)$ et $R(t)$) et aux paramètres du modèle (T_E , T_I , β , α et γ). En revanche, lorsqu'on associe des distributions de probabilité aux variables et aux paramètres du modèle, on parle d'un modèle « stochastique ». En particulier, un modèle stochastique suppose que les infections surviennent aléatoirement et que la période latente T_E et la période d'infection T_I soient des variables aléatoires.

L'estimation d'un modèle **SEIR** consiste à estimer ses différents paramètres dans le cas d'un modèle déterministe ou estimer les distributions de ses paramètres dans le cas d'un modèle stochastique. La méthode d'estimation retenue n'est pas unique et elle dépend de la nature des données et des observations relatives au processus de l'épidémie (*cf.* Andersson *et al* (2000)). D'une part, lorsque le processus est complètement observé (*i.e.* durée latente, durée d'infection, date d'infection et date de rémission sont connues), nous utilisons la méthode classique du maximum de vraisemblance pour estimer le modèle. D'autre part, lorsque le processus est partiellement observé, l'estimation se fait à l'aide de l'une des trois méthodes suivantes : la méthode des martingales, la méthode E-M (*Expectation-Maximisation*) et la méthode MCMC (*Markov Chain Monte Carlo*).

Qu'elle soit déterministe ou stochastique, la version standard du modèle SEIR représente la version la plus simple de ce modèle du fait qu'elle suppose l'homogénéité de la structure de population à deux niveaux. Le premier niveau concerne la transmission de l'infection, c'est-à-dire que chaque infectieux infecte un susceptible au même taux d'infection. Le deuxième niveau concerne les contacts sociaux, c'est-à-dire que la transmission de l'infection se fait suite à des contacts équiprobables entre les infectieux et les susceptibles. Toutefois, les études faites sur les pandémies historiques ont montré que le taux d'infection dépend fortement de la classe d'âge (*cf.* Glezen (1996) et Turbelin *et al.* (2009)). De plus, les contacts sociaux sont généralement aléatoires et ne se font jamais d'une façon équiprobable (à cause des facteurs géographiques par exemple). Cela suggère la nécessité de recours à une modélisation des contacts sociaux eux même. Par ailleurs, un processus pandémique est partiellement observé en réalité puisqu'il s'avère très difficile de

connaître par exemple la date exacte d'infection et / ou la date exacte de rémission d'un individu.

Britton et *al.* (2002) ont introduit un modèle épidémiologique stochastique général adapté à une population où les contacts sociaux sont aléatoires. L'estimation de ce modèle était faite sur des données partielles à l'aide de la méthode MCMC. Récemment, Groendyke et *al.* (2010,1) ont appliqué l'approche introduite par Britton et *al.* (2002) à un modèle **SEIR** stochastique.

En se référant à Britton et *al.* (2002) et Groendyke et *al.* (2010,1), l'objectif du paragraphe suivant consiste à présenter le modèle **SEIR** stochastique qui intègre l'hétérogénéité de la structure de population et à exposer son estimation sur des données partielles par la méthode MCMC.

Nous notons que les auteurs n'ont pas traité l'hétérogénéité au niveau du taux de transmission provenant de la structure par âges de la population. Afin d'intégrer ce niveau d'hétérogénéité, nous allons adapter leur approche à une population divisée par classes d'âge.

2.1.2 Le modèle SEIR Stochastique : cas des données partielles et prise en compte de l'hétérogénéité

Nous considérons une population fermée de taille N et de structure sociale hétérogène. Cette hétérogénéité provient de deux facteurs : la structure par âges de la population et les contacts sociaux aléatoires.

Structure par âges de la population

La population est supposée divisée en n classes d'âge. Dans ce cas, nous faisons l'hypothèse suivante : le taux d'infection β_i décrit le taux de transmission de la maladie à un susceptible d'une classe d'âge i (avec : $i=1, \dots, n$) que ce soit par un infectieux appartenant à la même classe d'âge ou à une classe d'âge différente. Ce taux est supposé constant pour chaque classe d'âge (*i.e.* β_i est le même pour deux individus appartenant au même classe d'âge) et il est donné par :

$$\beta_i = \frac{C_i(T)}{S_i(0)}$$

où :

- $C_i(T)$: est le nombre cumulé d'infectés au sein d'une classe d'âge i à la fin de l'épidémie (*i.e.* à la date T).

- $S_i(0)$: est le nombre des susceptibles au sein d'une classe d'âge i au début de l'épidémie (i.e. à la date $t=0$) supposé fixe et connu. Toute la population de cette classe d'âge est susceptible d'être infectée par la maladie à l'exception du premier individu infecté dans cette classe (i.e. $S_i(0) = N_i - 1$, où : N_i est la taille de la population dans une classe d'âge i).

Dans ce qui suit, nous notons pour une classe d'âge donnée : β le taux d'infection moyen, $S(0)$ le nombre initial des susceptibles, K la taille de la population et m le nombre cumulé d'infectés à la fin de l'épidémie.

Les contacts sociaux aléatoires dans la population

Les contacts sociaux dans la population sont modélisés par un graphe aléatoire d'Erdős–Rényi appelé également un graphe aléatoire de Bernoulli (*cf.* Neal (2003) et Erdős et *al.* (1959,1960)).

Soit $G = (K, p)$ un graphe de Bernoulli défini sur K sommets avec p la probabilité qu'un contact se réalise entre deux sommets i et j (où : $i \neq j$ et $i, j = 1, \dots, K$). Les contacts entre chaque paire des sommets sont supposés indépendants.

La probabilité p peut dépendre de plusieurs facteurs comme l'âge des individus (*e.g.* p est faible pour les personnes âgées vu que leurs contacts sociaux sont faibles) ou encore la densité de la population dans une zone géographique donnée (*e.g.* p est élevée pour les individus d'une ville à forte densité puisqu'ils ont plus de contacts sociaux que ceux des individus d'une ville rurale).

Dans une population de taille K , chaque individu est représenté par un sommet. Un « contact » se définit par une association physique entre deux individus qui doit être suffisante pour transmettre l'infection. L'infection est supposée transmise à un susceptible dès que ce dernier subit un contact avec un infectieux. La dynamique de transmission de la maladie dépend ainsi des contacts sociaux aléatoires entre les individus (*cf.* **Fig. 4**) : un individu devient infecté dès qu'il subit un contact social aléatoire avec un infectieux alors que les individus qui ne subissent pas de contacts sociaux avec des infectieux échappent de la maladie.

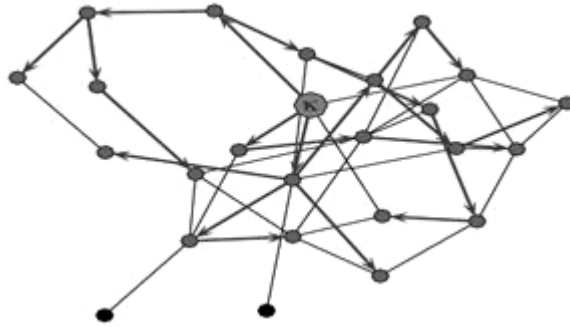


Fig.4. Diffusion de la maladie dans une population dont les contacts sociaux suivent un graphe de Bernoulli : k est le premier individu infecté, les flèches illustrent la transmission de la maladie, les individus infectés sont identifiés par les sommets gris et ceux non touchés par la maladie sont identifiés par les sommets noirs

Cette dynamique est différente à celle décrite par un modèle **SEIR** standard. En effet, ce dernier suppose que la maladie se transmet avec une probabilité $\beta.I(t)/N$ qui ne prend pas en compte les contacts sociaux éventuels entre les individus c'est-à-dire qu'un susceptible devient infecté avec cette probabilité en ignorant le fait qu'il a déjà subi ou non un contact social avec un infectieux. Cela entraînera une certaine hétérogénéité dans la population puisque la transmission de la maladie ne se fait pas de la même façon entre un infectieux et un susceptible mais elle est liée à l'existence d'un contact social aléatoire entre eux.

Pour une classe d'âge donnée de taille K , la diffusion de la maladie dépend des contacts sociaux aléatoires qui suivent un graphe aléatoire de Bernoulli $G(K, p)$. L'infection est supposée transmise dès qu'un contact social aléatoire soit subi entre un infectieux et un susceptible.

En se plaçant toujours dans une population fermée de structure sociale hétérogène, cette population est divisée en plusieurs classes d'âge. Pour chacune de ces classes, les contacts sociaux sont décrits par un graphe de Bernoulli $G(K, p)$ et la transmission de l'infection à un susceptible se fait à un taux d'infection moyen β suite à un contact social aléatoire (de probabilité p) avec un infectieux. A l'intérieur d'une même classe d'âge, la diffusion de la maladie est supposée homogène et décrite par un modèle **SEIR** stochastique. Ce modèle associe une distribution de probabilité à chacun de ses paramètres, en particulier : la période latente T_E suit une loi Gamma de paramètres κ_E et θ_E et la période d'infection T_I suit une loi Gamma de paramètres κ_I et θ_I . Groendyke et al. (2010,1) ont

justifié le choix des lois gamma pour T_E et T_I par le fait que la loi gamma rend le modèle plus flexible à la dynamique d'une pandémie¹.

La dynamique du modèle *SEIR* stochastique en présence d'une structure sociale hétérogène dépend ainsi du paramètre décrivant les contacts sociaux aléatoires (\mathbf{p}) et des paramètres $\kappa_E, \theta_E, \kappa_I, \theta_I$ et β .

Dans le cas des données partielles, l'estimation du modèle *SEIR* revient à estimer ses paramètres par une approche bayésienne basée sur la méthode MCMC.

Groendyke et al. (2010,1) ont utilisé la technique d'échantillonnage de Gibbs pour simuler les distributions a posteriori des paramètres qui nous intéressent dans le modèle *SEIR* (à savoir : $\beta, \kappa_E, \theta_E, \kappa_I, \theta_I$ et \mathbf{p}). Nous nous intéressons ici à mentionner quelques précisions sur les distributions a priori et les distributions a posteriori de ces paramètres qui seront utiles dans l'application du modèle plus tard dans la modélisation d'une pandémie grippale sur la population française.

Le lecteur pourra se référer à Mandhouj (2010) pour une synthèse de la technique d'échantillonnage de Gibbs ou encore à Gilks et al (1995) et Ross (2002) pour les autres techniques MCMC.

Pour la distribution a priori de chaque paramètre, Groendyke et al. (2010,1) précisent qu'il y aura deux cas pour le choix de ces distributions. Soit une distribution a priori uniforme. Dans ce cas, la distribution a posteriori sera déterminée empiriquement c'est-à-dire que ses paramètres ne seront pas calculables par des formules mathématiques exactes. Soit une distribution a priori conjuguée. Dans ce cas, l'expression mathématique de la distribution a posteriori est déterminée par celle de la distribution a priori. Pour certains choix de cette dernière, la distribution a posteriori aura la même expression mathématique que la distribution a priori (mais avec des paramètres différents) ou, plus généralement, elle appartiendra à la même famille de lois de la distribution a priori. L'ensemble des distributions a priori conjuguées et des distributions a posteriori des paramètres $\beta, \kappa_E, \theta_E, \kappa_I, \theta_I$ et \mathbf{p} du modèle *SEIR* stochastique est mentionné dans le tableau **Tab.2**.

¹ Nous notons que Britton et al. (2002) ont choisi une loi exponentielle pour T_E et T_I .

Tab.2. Distributions a priori conjuguées et distribution a posteriori des paramètres du modèle SEIR stochastique

Paramètre	Distribution a priori conjuguée	Distribution a posteriori
p	<i>Beta</i>	<i>Beta</i>
β	<i>Gamma</i>	<i>Gamma</i>
κ_E	<i>Gamma</i>	<i>Gamma</i>
κ_I	<i>Gamma</i>	<i>Gamma</i>
θ_E	<i>Inverse Gamma</i>	<i>Inverse Gamma</i>
θ_I	<i>Inverse Gamma</i>	<i>Inverse Gamma</i>

Dans les deux cas de choix des distributions a priori, le calibrage de ces distributions peut être informatif ou non informatif. Notons que dans le cas où le calibrage est informatif, nous pouvons utiliser des informations médicales relatives à quelques variables du modèle (e.g. durée d'infection, durée latente et le taux d'infection) pour calibrer la loi a priori.

2.2 Modélisation des scénarios de pandémie grippale sur la population française

Cette partie illustre une mise en œuvre pratique du modèle *SEIR* stochastique (tenant compte de l'hétérogénéité de la structure sociale de population et estimé par la méthode MCMC) pour modéliser des scénarios de pandémie grippale sur une population française. La présentation des scénarios retenus tout au long de notre étude fait l'objet du paragraphe suivant.

2.2.1 Présentation des scénarios de pandémie grippale

Nous considérons une population française « fictive¹ » de 3000 personnes divisée en trois classes d'âge d'effectifs égaux : les enfants et les jeunes (de 0 à 19 ans), les adultes (de 20 à 64 ans) et les aînés (plus de 65 ans).

Nous supposons que la population française est touchée par deux scénarios de pandémie grippale :

- **Un scénario grave** : avec une première vague de grippe A(H1N1) de 2009-2010 et une deuxième vague de grippe espagnole A(H1N1).
- **Un scénario modéré** : avec une première vague de grippe A(H1N1) de 2009-2010 et une deuxième vague de grippe asiatique A(H2N2) (ou de grippe de Hong Kong A(H3N2)).

¹ Le mot « fictive » signifie que la population étudiée est représentative d'une population française réelle mais pas avec des effectifs réels.

Nous justifions notre choix de ces scénarios pandémiques par deux raisons. La première est qu'historiquement la souche (H1N1) s'est manifestée sur des vagues pandémiques comme c'était le cas dans la pandémie de la grippe espagnole de 1918 (où cette souche s'est manifestée en trois vagues). Durant cette pandémie, la deuxième vague était la plus virulente et elle a entraîné donc des taux plus élevés d'infection et de mortalité par rapport à la première vague (*cf.* Taubenberger et *al.* (2006) et Willets (2005)). La deuxième raison est que la vague de la grippe A(H1N1) de 2009-2010 a été causée par une mutation de souche de la grippe aviaire (H5N1) avec la souche (H3N2) qui circule actuellement parmi les humains. Nous voyons ainsi que le résultat de cette mutation était une souche qui a déjà manifesté historiquement lors de la grippe espagnole. Cette vague est terminée actuellement. Si le virus de grippe aviaire a subi une première mutation avec des virus grippaux déjà existants rien n'empêchera sa nouvelle mutation pour avoir une deuxième vague pandémique dont la souche a déjà provoqué une pandémie dans le passé.

En France métropolitaine, les deux premiers cas infectés par la grippe A (H1N1) ont été confirmés en mai 2009 et la fin de la vague épidémique était déclarée en début janvier 2010¹. De ce fait, nous supposons que la première vague est d'une durée de 8 mois. Nous supposons, en outre, que la deuxième vague pandémique s'étale sur une période finie (*e.g.* 8 mois au minimum).

Afin de caractériser un scénario pandémique, plusieurs facteurs doivent être pris en compte comme les mesures d'impact sanitaire (*cf.* Institut Canadien des Actuaire (2009)). Certaines mesures sont liées à la morbidité ; à savoir le taux d'infection et le taux hospitalisation. D'autres mesures sont liées à la mortalité comme le taux de létalité qui représente la proportion des personnes infectées décéderont de la maladie. Plusieurs observations ont révélé des taux d'infection qui varient fortement selon l'âge (*cf.* Glezen (1996) et Bernillon et *al.* (2009)) et des taux hospitalisation et des taux de létalité qui varient selon le risque de complications liées à la grippe et l'âge (*cf.* Cohuet et *al.* (2009), CDC (2009) et SwissRe (2007,2)). D'autres facteurs comme les données cliniques doivent être pris en compte également (*cf.* Bonmarin et *al.* (2005) et Cohuet et *al.* (2009)). Ces données regroupent la période de la maladie (*i.e.* période latente et période d'infection) et le séjour d'hospitalisation.

¹ Cf. Bulletin épidémiologique grippe A(H1N1), Point au 3 mai 2009 à 17h & Bulletin épidémiologique grippe A(H1N1), Point au 12 janvier 2010 à 11h, disponibles sur : http://www.invs.sante.fr/display/?doc=surveillance/grippe_dossier/index_h1n1.htm

L'ensemble des données relatives aux différents facteurs caractérisant chaque vague des scénarios pandémiques est présenté dans les tableaux **Tab.3**, **Tab.4** et **Tab.5**. Ces données proviennent notamment des publications de l'INVS sur les pandémies grippales étudiées sur la population française et des observations caractérisant les pandémies grippales historiques (*cf.* Mandhouj (2010) pour une description détaillée de ces données).

Grâce à ces données, nous allons modéliser par la suite chaque scénario sur la population française fictive à l'aide d'une approche épidémiologique.

Tab.3. Données relatives à la dynamique de la grippe pendant la première vague des scénarios

Classes d'âge	taux d'infection	taux d'hospitalisation ¹		nombre de j d'hospitalisation		
		population à risque élevé	population à faible risque	population à risque élevé	population à faible risque	
Moins de 19 ans	27 %	0,5 % - 10 % - 30 %	0,1 % - 2 % - 8 %	17,5 j	7 j	
de 20 à 64 ans	18 %	0,5 % - 12,5 % - 30 %	0,2 % - 3 % - 8 %	22,5j	9j	
65 ans ou plus	5 %	5 % - 15 % - 30 %	1 % - 5 % - 8 %	40j	16j	
Période Latente	min-moyenne	2j-3j		Période d'infection	moyenne	7j
	maximale	7j			maximale	10j

Tab.4. Données relatives à la dynamique de la grippe pendant la deuxième vague de scénario grave

Classes d'âge	infection (%)	population à risque élevé			population à faible risque		
		létalité ³ (%)	Hospita- lisation ³ (%)	Hospita- lisation (en j)	létalité (%)	Hospita- lisation (%)	Hospita- lisation (en j)
Moins de 19 ans	39	0,1 - 1 - 3	0,5 - 10 - 30	17,5	0,01 - 0,5 - 2	0,1 - 2 - 8	7
de 20 à 64 ans	33	0,1 - 1,5 - 3	0,5 - 12,5 - 30	22,5	0,02 - 0,75 - 2	0,2 - 3 - 8	9
65 ans ou plus	14	1,5 - 2 - 3	5 - 15 - 30	40	0,3 - 1,5 - 2	1 - 5 - 8	16
Période Latente	min-moyenne		2j-3j	Période d'infection	moyenne		7j
	maximale		7j		maximale		10j

¹ Les valeurs sont présentées de cette façon : taux minimal - taux moyen - taux maximal

Tab.5. Données relatives à la dynamique de la grippe pendant la deuxième vague de scénario modéré

Classes d'âge	infection (%)	population à risque élevé			population à faible risque			
		létalité (%)	Hospita- lisation (%)	Hospita- lisation (en j)	létalité (%)	Hospita- lisation (%)	Hospita- lisation (en j)	
Moins de 19 ans	54	0,1 - 1 - 3	0,5 - 10 - 30	17,5	0,01 - 0,5 - 2	0,1 - 2 - 8	7	
de 20 à 64 ans	27	0,1 - 1,5 -3	0,5 - 12,5 - 30	22,5	0,02 - 0,75 - 2	0,2 - 3 - 8	9	
65 ans ou plus	10	1,5 - 2 - 3	5 - 15 - 30	40	0,3 - 1,5 - 2	1 - 5 - 8	16	
Période Latente		min-moyenne		1j-2j	Période d'infection	moyenne		5j
		maximale		3j		maximale		7j

2.2.2 Modélisation des scénarios de pandémie grippale

La population française objet de notre étude est supposée fermée et à structure sociale hétérogène. La transmission de l'infection à n'importe quel susceptible d'une classe d'âge donnée se fait au même taux d'infection suite à un contact social aléatoire avec un infectieux. Les contacts sociaux suivent un graphe aléatoire de Bernoulli. Cela nous ramène à considérer que la diffusion de la maladie est homogène à l'intérieur d'une même classe d'âge.

Durant la pandémie de grippe, nous retenons les hypothèses suivantes pour chaque classe d'âge :

H₁) En $t_1=0$, c'est-à-dire au début de la première vague pandémique, il y a un seul infectieux par le virus A(H1N1) et tous les autres individus sont supposés susceptibles d'être touchés par la maladie.

H₂) Au cours de la première vague pandémique décrite par la dynamique de la grippe A(H1N1) de 2009-2010, nous supposons qu'une fois qu'un susceptible est infecté, il sera dans un état latent puis dans un état d'infectieux. Il reste à cet état jusqu'à sa guérison. A cet état, l'individu est supposé remis du virus de grippe porcine mais sans immunité contre le nouveau virus provoquant la deuxième vague pandémique. Il est considéré alors comme susceptible de nouveau à la fin de la première vague.

D'après les données disponibles à ce jour, la mortalité causée par la grippe A (H1N1) reste très faible par rapport à la mortalité causée par la grippe saisonnière habituelle. En France, 344 décès ont été notifiés pendant toute la vague de la grippe porcine contre 250 000 à 500 000 personnes décédées chaque année par la grippe saisonnière. Par conséquent, la surmortalité (*i.e.* excès de mortalité de la grippe porcine par rapport à celle

de la grippe saisonnière) causée par la première vague du scénario sera nulle. Nous ignorons donc la mortalité engendrée par cette vague et nous supposons que le taux de létalité est nul.

A la date T_1 marquant la fin de cette première vague, la population reste de même effectif puisque la létalité et la mortalité étaient ignorées tout au long de cette vague.

La deuxième vague est supposée successive à la première, mais pour simplifier la modélisation nous remettons à nouveau le temps à 0 au début de la deuxième vague.

H₃) En $t_2=0$ (*i.e.* en T_1), c'est-à-dire au début de la deuxième vague pandémique, il y a un seul infectieux par le nouveau virus (résultant d'une mutation du virus de la grippe porcine) et tous les autres individus sont supposés susceptibles d'être touchés par la nouvelle grippe.

H₄) La deuxième vague pandémique est décrite par une grippe similaire à la grippe espagnole (cas d'un scénario grave) ou une grippe similaire à la grippe asiatique (cas d'un scénario modéré). Au cours de cette deuxième vague, nous supposons qu'une fois qu'un susceptible est infecté, il sera dans un état latent puis dans un état d'infectieux. Il reste à cet état jusqu'à sa guérison. A cet état, l'individu est supposé « remis ». Deux hypothèses peuvent être considérées pour cet état : soit « remis avec immunité », soit « décès » puisque la létalité causée par la deuxième vague n'a été pas ignorée.

Cette deuxième vague se termine à une date finie T_2 marquant la fin de la pandémie.

A partir de ces hypothèses concernant la dynamique de propagation d'une pandémie de grippe dans une classe d'âge, la modélisation suivante est retenue pour chaque vague pandémique (*cf.* **Fig.5**) :

- La première vague est modélisée par un modèle **SEIRS** (*Susceptible-Exposed-Infected-Recovered-Susceptible*) stochastique prenant en compte l'hétérogénéité de structure sociale de la population. La dynamique de ce modèle est la même que le modèle **SEIR** stochastique. La seule différence entre les deux modèles réside dans la considération de l'état **R**. En effet, dans un modèle **SEIR**, **R** est l'état général « remis ». Cet état correspond à trois hypothèses : soit « remis avec immunité », soit « remis sans immunité », soit « décès ». L'état **R** du modèle **SEIRS** correspond à la deuxième hypothèse.
- La deuxième vague est modélisée par un modèle **SEIR** (*Susceptible-Exposed-Infected-Recovered*) stochastique prenant en compte

l'hétérogénéité de structure sociale de la population. Nous précisons que l'état R correspond soit à « remis avec immunité », soit à « décès ».

L'estimation de l'impact d'une vague pandémique sur chaque classe d'âge nécessite l'estimation des modèles *SEIRS* et *SEIR* stochastiques prenant en compte l'hétérogénéité dans la structure de population. Dans le cadre de notre étude, l'estimation de ces modèles consiste essentiellement à détermination, pour chaque scénario d'une pandémie, les distributions des paramètres caractérisant le processus de chaque vague pandémique à savoir : le taux d'infection, le nombre cumulé d'infections, la période latente et la période d'infection.

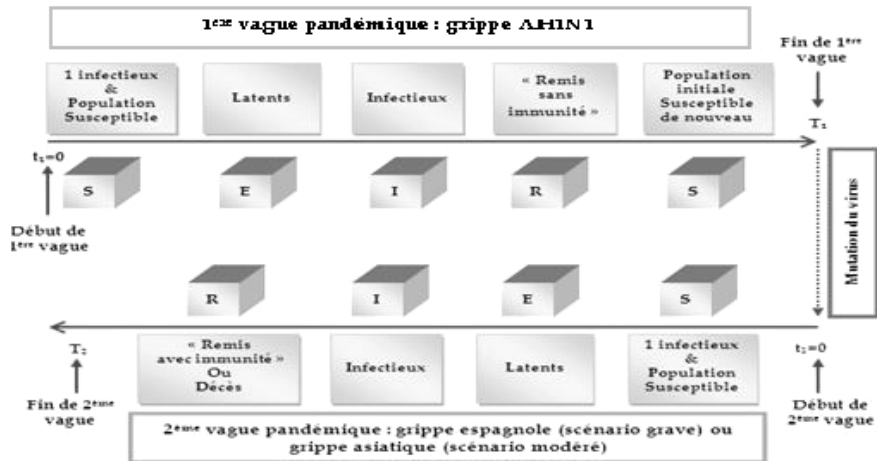


Fig.5. Dynamique de grippe et modèles *SEIRS* et *SEIR* retenus pour une classe d'âge donnée

Vu que nous ne disposons pas des données complètes sur le processus pandémiques (e.g. dates exactes d'infection, dates exactes de rémission, ...), nous avons utilisé la méthode MCMC pour estimer les modèles. Groendyke et al. (2010,2) ont publié un document relatif à un package R « *epinet* »¹ permettant d'estimer un modèle *SEIR* (ou *SEIRS*) stochastique prenant en compte l'hétérogénéité dans la structure sociale de population à l'aide de la méthode MCMC. En se référant à la démarche décrite dans ce document, la méthodologie générale de l'estimation du modèle est présentée dans la figure **Fig.6** et décrite dans ce qui suit. Le lecteur intéressé par la méthodologie détaillée et les ajustements retenus pourra se référer à Mandhouj (2010).

¹ Package disponible en ligne sur : <http://cran.r-project.org/web/packages/epinet/index.html>

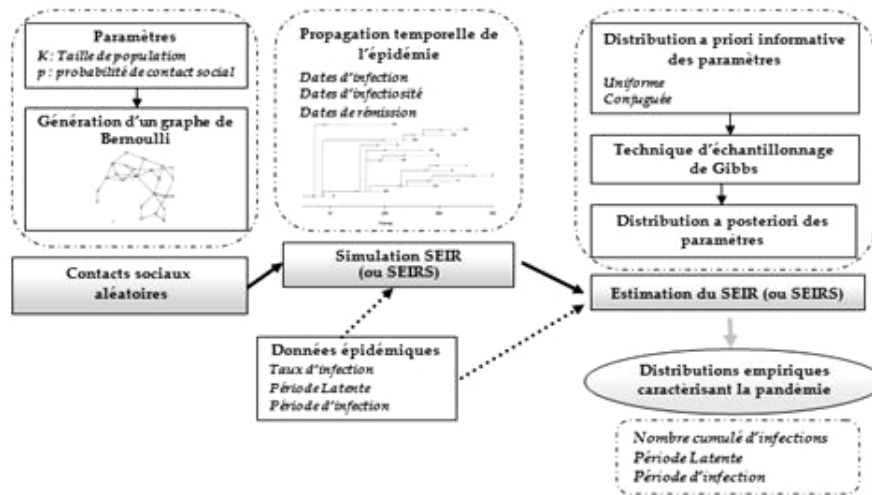


Fig.6. Méthodologie d'estimation du modèle SEIR (ou SEIRS)

2.2.2.1 Construction d'un graphe aléatoire de Bernoulli pour les contacts sociaux aléatoires

L'idée de la construction d'un graphe de Bernoulli consiste à générer les contacts sociaux aléatoires entre les différents individus de la population. Un contact social se fait entre deux individus et toutes les paires des contacts sociaux sont supposées indépendantes. Nous supposons que les contacts sociaux se font avec la même probabilité p . Puisque nous n'avons aucune information sur cette probabilité, nous avons choisi des valeurs différentes pour p : faibles (0,1 ou 0,2), moyenne (0,5) et élevées (0,7 ou 0,8).

2.2.2.2 Simulation d'un modèle SEIR (ou SEIRS) stochastique

Afin de simuler le modèle *SEIR* (ou *SEIRS*), il convient de fixer, les paramètres selon lesquels est définie la dynamique d'une pandémie. Ces paramètres sont : le taux d'infection moyen (β), les paramètres κ_E et θ_E relatifs à la période latente T_E et les paramètres κ_I et θ_I relatifs à la période d'infection T_I (avec : $T_E \approx \text{Gamma}(\kappa_E, \theta_E)$ et $T_I \approx \text{Gamma}(\kappa_I, \theta_I)$).

D'après nos données (cf. **Tab.3**, **Tab.4** et **Tab.5**), nous ne disposons que la durée latente moyenne et la durée d'infection moyenne observées réellement. A partir de ces données et des expressions de la moyenne, de la variance et de coefficient de variation théoriques d'une loi gamma, notre idée consiste à calibrer les couples de paramètres (κ_E ,

θ_E) et (κ_I, θ_I) de façon que la dispersion soit relativement faible tout en respectant l'égalité entre la moyenne théorique et la moyenne observée réellement. Par ailleurs, le taux d'infection fourni dans la base de données sera considéré comme un taux d'infection moyen.

La simulation d'un processus pandémique par une modélisation *SEIR* (ou *SEIRS*) sur des contacts sociaux aléatoires de Bernoulli fournit pour chaque individu touché par la maladie la date d'infection, la date d'infectiosité (date à partir de laquelle l'individu devient capable de transmettre la maladie à un susceptible) et la date de rémission (*i.e.* la date de rémission sans immunité dans un *SEIRS* ou encore la date de rémission avec immunité ou la date de décès dans un *SEIR*).

2.2.2.3 Estimation du modèle *SEIR* (ou *SEIRS*) stochastique par la méthode MCMC

L'estimation du modèle *SEIR* (ou *SEIRS*) par la méthode MCMC se fait à l'aide du technique d'échantillonnage de Gibbs en considérant les dates d'infection, d'infectiosité et de rémission générées par la simulation du modèle *SEIR* (ou *SEIRS*) comme les données définissant la fonction de vraisemblance. La distribution a posteriori de chaque paramètre se définit conditionnellement à ces données.

Comme toute méthode d'estimation bayésienne, la technique d'échantillonnage de Gibbs nécessite de définir la distribution a priori de chaque paramètre. Deux choix sont possibles pour les distributions a priori des paramètres : soit des lois uniformes, soit des lois conjuguées. Compte tenu de nos données (*cf.* **Tab.3**, **Tab.4** et **Tab.5**) et la calibration des paramètres dans l'estimation du modèle *SEIR* (ou *SEIRS*), nous avons à notre disposition des informations a priori « réelles » sur tous les paramètres. Ces informations permettent ainsi de faire une calibration « informative » des paramètres de chaque loi (*cf.* Mandhouj (2010)).

L'estimation du modèle *SEIR* (ou *SEIRS*) par la méthode MCMC génère au final les distributions a posteriori de nos paramètres d'intérêt à savoir : β , p , κ_E , θ_E , κ_I et θ_I . A partir de ces distributions, nous pouvons déterminer les distributions empiriques de certaines variables caractérisant chaque scénario pandémique comme le nombre cumulé moyen des personnes infectées à l'issue d'une vague pandémique dans la classe d'âge considérée (défini par : $\beta.S(0)$), la période latente moyenne T_E^{mean} (définie par : $\kappa_E \theta_E$) et la période d'infection moyenne T_I^{mean} (définie par : $\kappa_I \theta_I$) par tête appartenant à cette classe.

A partir de ces distributions, nous allons estimer dans la partie suivante les paramètres de mortalité et de morbidité caractérisant un scénario pandémique bicentenaire.

3. ESTIMATION DES PARAMETRES DE MORTALITE ET DE MORBIDITE LIES A UN SCENARIO BICENTENAIRE D'UNE PANDEMIE GRIPPALE

Dans l'étude des effets d'une pandémie, il est important de prendre en compte la différence entre la population assurée et la population générale à partir de laquelle sont tirées les distributions relatives aux variables caractérisant la dynamique d'une pandémie. Dans notre contexte et puisque nous avons retenu une population française fictive structurée par classes d'âge de mêmes tailles, les estimations tirées de cette population restent encore valables pour une population assurée structurée par classes d'âge identiques.

Toutefois, la structure interne d'une classe d'âge diffère entre la population générale (*i.e.* population française fictive) et la population assurée. En effet, chaque classe d'âge est divisée en population à faible risque de complications liées à la grippe et en population à risque élevé de complications liées à la grippe (*e.g.* les femmes enceintes, les patients vivant en institution, ...). Ces complications surviennent « après l'infection » par le virus grippal et concernent donc les personnes malades. Les pourcentages retenus pour les groupes à risque de la population générale sont celles fournies par l'INVS (*cf.* Doyle et *al.* (2005)). La FFSA estime que 10 % de la population assurée présente un risque aggravé de santé¹. Ainsi, nous allons retenir une population assurée de référence dont les tailles des classes d'âge sont identiques à celles de la population générale (soit 1000 assurés par classe d'âge) mais dont la proportion de population à risque élevé de complications est de 10 % par classe d'âge.

Le tableau **Tab.6** donne un récapitulatif sur la population générale et la population assurée étudiées.

¹ Selon la FFSA, on parle de "risque aggravé de santé" quand le risque pour une personne de voir se produire l'événement garanti (*e.g.* décès) est statistiquement supérieur à celui d'une population de référence, parce qu'elle est atteinte d'une maladie, par exemple. Source : http://www.ffsa.fr/ffsa/jcms/fn_52982/assurance-de-prets-des-solutions-pour-93-des-demandes-de-personnes-ayant-un-risque-aggrave-de-sante?cc=fp_8801

Tab.6. Effectif de la population et proportion de la population à risque élevé de complications liées à la grippe : population générale vs population assurée

Classes d'âge	Population Générale		Population Assurée	
	Effectif	% à risque/âge	Effectif	% à risque/âge
Moins de 19 ans	1000	14 %	1000	10 %
de 20 à 64 ans	1000	5 %	1000	10 %
65 ans ou plus	1000	50 %	1000	10 %
Population totale	3000	23 %	3000	10 %

Comme nous l'avons vu précédemment, une pandémie grippale engendre des risques de morbidité et de mortalité. Ces risques sont caractérisés par des paramètres : le taux de mortalité supplémentaire caractérisant le risque de mortalité et le nombre de jours d'hospitalisation et le nombre de jours d'incapacité (ou plus généralement la durée totale de la maladie) caractérisant le risque de morbidité. Il convient ensuite de chercher une méthodologie permettant d'estimer ces paramètres sur un scénario bicentenaire d'une pandémie.

A partir de son modèle épidémiologique, SwissRe (*cf.* SwissRe (2007,2)) a déterminé un modèle de distribution complet de la mortalité supplémentaire potentielle et de la probabilité que chaque niveau de cette mortalité soit atteint. SwissRe a supposé également que les pandémies sont censées de se produire tous les 30 ans (*i.e.* avec une probabilité annuelle de survenance de 3,33 %). Si l'on dispose d'une distribution de mortalité supplémentaire due à une pandémie dont la probabilité annuelle de survenance est 3,33 %, il suffit d'estimer le quantile de cette distribution qui permet d'avoir une surmortalité annuelle correspondant à un scénario bicentenaire de cette pandémie (*i.e.* soit une surmortalité de probabilité annuelle 0,5 % ce qui correspond à une probabilité de 1 événement en 200 ans).

Mathématiquement, si on désigne par X le niveau de mortalité supplémentaire annuelle provoquée par une pandémie, on a :

$$P(X \geq x_{99,5\%}) = P(Y \geq y)P(I = 1)$$

où : $x_{99,5\%}$ est le quantile d'ordre 99,5 % calculé sur la distribution de X , Y désigne la mortalité supplémentaire liée à un scénario donné d'une pandémie et I est la fonction indicatrice définie par :

$$1_{\{I=1\}} = \begin{cases} 1 & \text{si } I = 1 \text{ (i.e. la pandémie se réalise au cours de l'année)} \\ 0 & \text{si } I \neq 1 \text{ (i.e. la pandémie ne se réalise pas au cours de l'année)} \end{cases}$$

Chercher le niveau de mortalité supplémentaire annuelle provoquée par un scénario bicentenaire de cette pandémie revient à imposer que : $P(X \geq x) = 0,5\%$

On déduit par la suite le quantile d'ordre α (noté q_α) calculé sur la distribution de Y , telle que : $P(X \geq x) = P(Y \geq q_\alpha)P(I=1) = (1-\alpha).3,33\% = 0,5\%$. Ce quantile correspond au niveau de la mortalité supplémentaire provoquée par un scénario bicentenaire d'une pandémie. Cela implique de déterminer le quantile d'ordre 85 %.

Cette méthodologie reste applicable pour les autres paramètres liés au risque de morbidité. Dans ce cas, il suffit de déterminer le quantile d'ordre 85 % sur la distribution du nombre de jours d'hospitalisation ou sur la distribution du nombre de jours de maladie pour déduire respectivement le nombre de jours d'hospitalisation et le nombre de jours de maladie provoqués par un scénario bicentenaire d'une pandémie.

Nous supposons par la suite qu'une pandémie a une probabilité de survenance annuelle de 3,33 %. Nous allons estimer et analyser les paramètres caractérisant les risques de morbidité et de mortalité d'un scénario bicentenaire de cette pandémie.

3.1 Taux de mortalité supplémentaire

Pour chaque scénario d'une pandémie, nous avons supposé que les décès surviennent uniquement parmi les infections provoquées par la deuxième vague pandémique. De ce fait, nous ne considérons que la distribution du nombre d'infections issu de la deuxième vague de chaque scénario.

Pour chaque classe d'âge (de taille $n_{\text{classe d'âges}} = 1000$) que ce soit de la population française fictive ou de la population assurée, on définit $\lambda_{\text{à risque}}$ le taux de mortalité supplémentaire par population à risque par :

$$\lambda_{\text{à risque}} = (m_{\text{à risque}} \times l_{\text{à risque}}) / n_{\text{à risque}}$$

Où :

- $m_{\text{à risque}} \times l_{\text{à risque}}$ est le nombre de décès supplémentaires relatif à chaque population à risque, tel que : $m_{\text{à risque}} = m \times \tau_{\text{à risque}}$ (avec : m est le nombre d'infections et $\tau_{\text{à risque}}$ est la proportion de la population à risque) et $l_{\text{à risque}}$ est le taux de létalité.
- $n_{\text{à risque}}$ est la taille d'une population à risque, telle que : $n_{\text{à risque}} = n_{\text{classe d'âges}} \times \tau_{\text{à risque}}$

Puisque nous disposons une distribution du nombre d'infections $m_{\text{à risque}}$, nous obtenons une distribution des taux de mortalité (*i.e.* une distribution de $\lambda_{\text{à risque}}$) pour chaque sous population à risque d'une classe d'âge donnée. Pour chacune de ces populations, le taux de mortalité supplémentaire lié à un scénario bicentenaire d'une pandémie correspond au quantile d'ordre 85 % calculé sur la distribution empirique des taux de mortalité (*cf.* Fig.7).

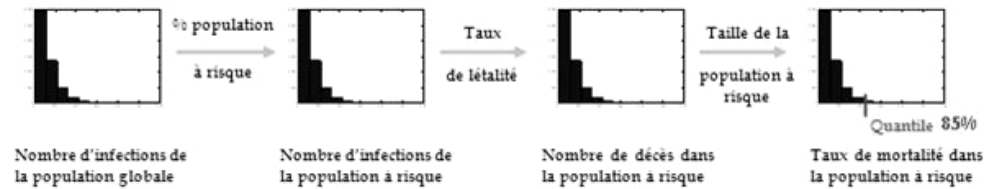


Fig. 7. Estimation de distribution de taux de mortalité supplémentaire pour une population à risque (élevé ou faible) d'une classe d'âge donnée

La figure Fig.8 présente les taux de mortalité supplémentaire correspondant à un scénario bicentenaire de pandémie pour chaque sous population à risque des classes d'âge de la population générale (ou encore de la population assurée).

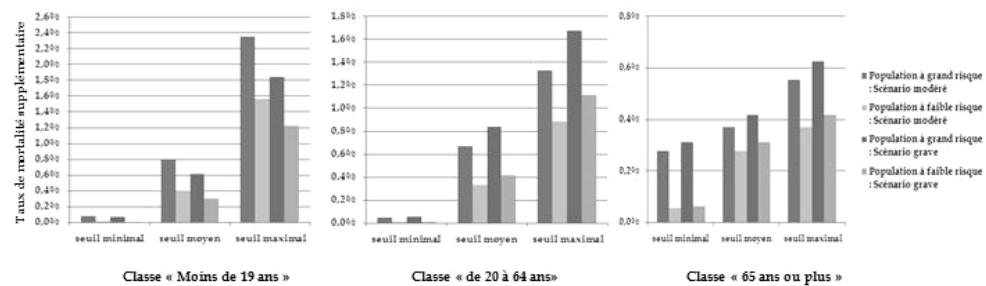


Fig. 8. Taux de mortalité supplémentaire par population à risque

Pour un scénario de pandémie (grave ou modéré), la mortalité est plus élevée chez la sous population à grand risque de complications liées à la grippe dans toutes les classes d'âge. La mortalité supplémentaire augmente ainsi avec le taux de létalité.

Quelle que soit la nature de sous population à risque, la classe d'âge « moins de 19 ans » est caractérisée par une mortalité plus élevée dans le scénario modéré alors que les deux autres classes d'âge présentent une mortalité plus élevée dans le scénario grave. Rappelons nous que d'un côté, le scénario modéré de la classe « moins de 19 ans » était

calibré par un taux d'infection plus élevé que celui du scénario grave¹ et vice versa pour les autres classes d'âge. D'un autre côté, le taux de létalité est identique pour chaque scénario. La mortalité dans les sous populations à risque augmente ainsi avec les taux d'infection d'un scénario donné.

Une fois qu'on a calculé les taux de mortalité par population à risque $\lambda_{\text{à risque}}$, on applique ces taux à la structure par risque des classes d'âge de la population générale et à la structure par risque des classes d'âge de la population assurée pour aboutir finalement à un taux de mortalité par classe d'âge $\lambda_{\text{classe d'âges}}$. On définit ce taux par la formule suivante :

$$\lambda_{\text{classe d'âges}} = (\lambda_{\text{à faible risque}} \times n_{\text{à faible risque}} + \lambda_{\text{à grand risque}} \times n_{\text{à grand risque}}) / n_{\text{classe d'âges}}$$

Où : $n_{\text{classe d'âges}}$ est la taille de la classe d'âge (supposée fixée à 1000).

Les taux de mortalité par classe d'âge liés au scénario bicentenaire que se soit pour la population assurée ou la population générale sont présentés dans la figure **Fig.9**.

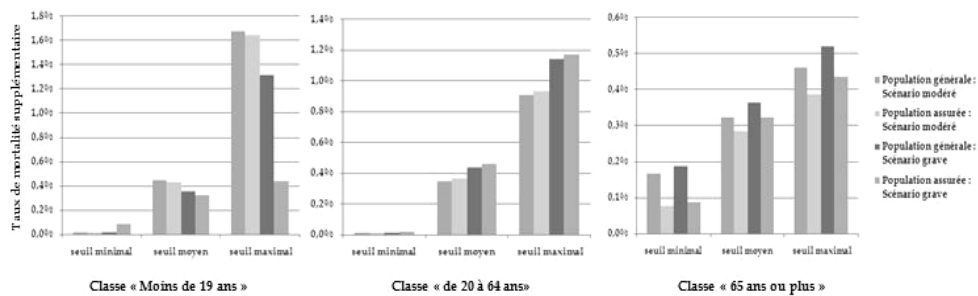


Fig. 9. Taux de mortalité supplémentaire : population générale vs population assurée

Les différents seuils du taux de mortalité présentent la même allure dans une classe d'âge donnée. Globalement, le taux de mortalité varie selon les classes d'âge : une mortalité élevée caractérise les jeunes et les adultes par rapport aux aînés. Bien que les aînés possèdent une létalité relativement plus élevée, ils sont caractérisés par des taux d'infection plus faibles du fait qu'ils sont en partie immunisés contre les virus grippaux.

La comparaison des taux de mortalité entre la population générale et la population assurée diffère d'une classe d'âge à une autre. Pour les jeunes, la mortalité dans la population générale est plus élevée quelque soit le scénario de pandémie. Pour les adultes, les mortalités des deux populations sont relativement les mêmes. Concernant les aînés, la

¹ Soit 54 % pour le scénario modéré et 39 % pour le scénario grave. Ces taux sont relatifs à la deuxième vague de chaque scénario puisque la mortalité était calculée sur les infections du deuxième vague.

mortalité la plus élevée caractérise la population générale dans le scénario grave alors qu'elle caractérise la population des assurés dans le scénario modéré. Cette différence s'explique essentiellement par la structure par risque dans la population générale qui diffère de celle dans la population assurée.

Quelle que soit la population considérée, le scénario grave conduit à des taux de mortalité plus élevés dans les classes des adultes et des âgés. Par contre, c'est le scénario modéré qui donne des taux de mortalité plus élevés dans la classe des jeunes. La mortalité augmente ainsi avec les taux d'infection par lesquels les scénarios ont été calibrés aussi bien pour la population générale que pour la population des assurés.

Vu que les proportions de la population à risque sont fixées dans chaque classe d'âge de la population générale et de la population assurée, les taux de mortalité par classe d'âge restent applicables à n'importe quelle structure par âges des deux populations. Il suffit d'appliquer ensuite ces taux à la population globale en fonction de sa structure par âges pour aboutir finalement à un taux de mortalité globale.

Afin de faciliter la comparaison des taux de mortalité globale entre la population générale et la population assurée. Nous avons appliqué les taux de mortalité par classe d'âge à la population française fictive et à la population assurée supposées de même structure d'âges (soit $n_{\text{classe d'âges}} = 1000$ dans chaque classe d'âge d'une population).

Le taux de mortalité global λ_{global} est donné par :

$$\lambda_{\text{global}} = \frac{\left(\sum_{i=1}^3 \lambda_{\text{classe d'âges } i} \times n_{\text{classe d'âges } i} \right)}{n_{\text{population}}}$$

Où : $n_{\text{population}}$ est la taille de la population (supposée égale à 3000) et $\lambda_{\text{classe d'âges } i}$ et $n_{\text{classe d'âges } i}$ sont respectivement le taux de mortalité et la taille d'une classe d'âge donnée i .

La figure **Fig. 10** montre que les seuils des taux de mortalité globale diffèrent entre la population assurée et la population générale. Cela se justifie par la différence entre les taux de mortalité par classes d'âge des deux populations mêmes si elles ont une structure d'âges identique.

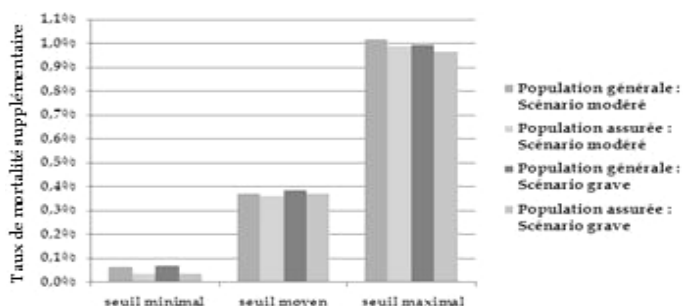


Fig.10. Taux de mortalité globale : population générale vs population assurée

Nous avons appliqué également les taux de mortalité par classes d'âge de la population globale à la structure par âges de la population française provisoire de 2010. La figure **Fig.11** donne les seuils minimal, moyen et maximal du taux de mortalité globale lié aux scénarios grave et modéré d'une pandémie bicentenaire.

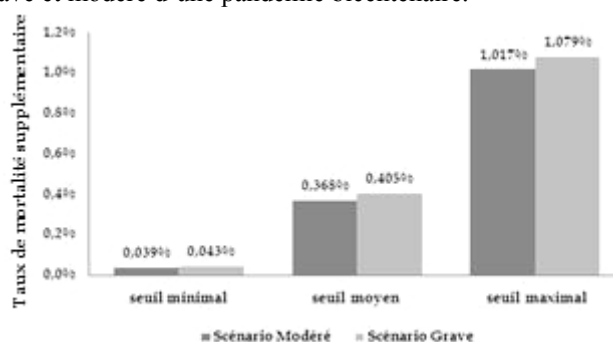


Fig.11. Taux de mortalité globale estimé sur la structure par âges de la population française provisoire de 2010

Dans le QIS 5, le CEIOPS a retenu un taux de mortalité de 0,15 % lié à un scénario bicentenaire d'une pandémie grippale. Pour estimer ce taux, le CEIOPS s'est basé sur les données historiques de pandémie de grippe espagnole de 1918 et sur l'étude de SwissRe (cf. SwissRe (2007,1)). A l'aide d'un modèle épidémiologique, cette étude a estimé un taux de surmortalité compris entre 0,1 % et 0,15 % dans le cas d'un scénario bicentenaire d'une pandémie. Nous constatons que ce taux se trouve entre les seuils minimal et moyen des scénarios grave et modéré du notre étude. Les seuils moyen et maximal sont largement supérieurs aux taux donnés par SwissRe (ou encore par le CEIOPS). Les résultats obtenus par notre modèle sont également plus élevés que ceux obtenus par d'autres études appliquées sur la population française. Le taux de surmortalité moyen obtenu pour un

scénario modéré, à savoir 0,368 %, est plus élevé que le taux de 0,26 % obtenu par Corlosquet-Habart (2010,1) pour un scénario modéré avec prise en compte de stratégies d'intervention ou encore le taux de 0,25 % obtenu par Guette (2010). Cela est dû essentiellement à la différence entre les hypothèses sous-jacentes dans la modélisation des scénarios. En effet, SwissRe et Corlosquet-Habart (2010,1) prennent en compte dans la calibration de leurs modèles certains facteurs qui n'ont pas été pris en compte dans notre modèle comme par exemple les progrès des interventions pharmaceutiques (disponibilité des antibiotiques, vaccins, antiviraux et ressources en soins de santé, ...) ou la réduction du trafic aérien. La prise en compte de ces interventions diminue la mortalité causée par la pandémie.

3.2 Nombre de jours d'hospitalisation

Nous considérons désormais les deux vagues de chaque scénario pandémique. Pour chaque vague, nous disposons de la distribution des infections par classes d'âge. Nous avons également les taux d'hospitalisation parmi les cas infectés et le nombre de jours d'hospitalisation par individu hospitalisé (cf. **Tab.3**, **Tab.4** et **Tab.5**).

Afin d'estimer le nombre total des cas hospitalisés résultants d'une vague pandémique, nous avons suivi une démarche qui reste applicable pour chaque classe d'âge que ce soit pour la population générale ou pour la population assurée :

- On détermine d'abord la distribution du nombre total de jours d'hospitalisation par population à risque (cf. **Fig. 12**). Ce nombre est défini par :

$$\xi_{\text{classe d'âges}}^{\text{pop à risque}} = n_{\text{hosp}}^{\text{à risque}} \times j$$

Avec : j est le nombre de jours d'hospitalisation par individu hospitalisé et $n_{\text{hosp}}^{\text{à risque}}$ est le nombre de cas hospitalisés par population à risque (tel que :

$$n_{\text{hosp}}^{\text{à risque}} = \xi_{\text{classe d'âges}}^{\text{à risque}} \times m_{\text{à risque}} \text{ et } \xi_{\text{classe d'âges}}^{\text{à risque}} \text{ est le taux d'hospitalisation}).$$

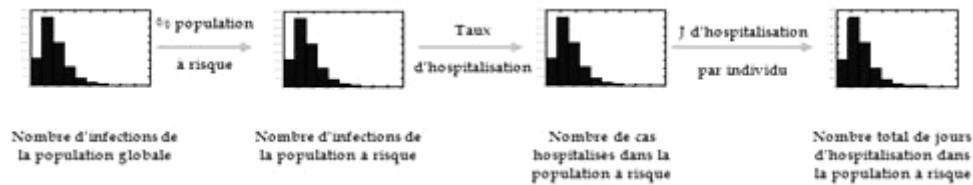


Fig.12. Estimation de distribution du nombre total de jours d'hospitalisation pour une population à risque (élevé ou faible) d'une classe d'âge donnée pendant une vague pandémique

- La somme des distributions du nombre total de jours d'hospitalisation relatives aux deux populations à risque conduit à avoir finalement une distribution du nombre total de jours d'hospitalisation (noté $\xi_{\text{classe d'âges/vague}}$) relative à une classe d'âge et une vague pandémique. On le définit par :

$$\xi_{\text{classe d'âges/vague}} = \xi_{\text{classe d'âges}}^{\text{pop à grand risque}} + \xi_{\text{classe d'âges}}^{\text{pop à faible risque}}$$

- Deux hypothèses sont faites concernant l'importance des deux vagues pandémiques pour chaque scénario (cf. Doyle et al. (2005)) : soit deux vagues identiques, soit respectivement un tiers et deux tiers pour la première et la seconde. Cela nous aboutit finalement à une distribution du nombre total de jours d'hospitalisation pour chaque scénario $\xi_{\text{classe d'âges/scénario}}$ selon l'hypothèse retenue. $\xi_{\text{classe d'âges/scénario}}$ se définit par : $\xi_{\text{classe d'âges/scénario}} = \alpha_1 \cdot \xi_{\text{classe d'âges/vague 1}} + \alpha_2 \cdot \xi_{\text{classe d'âges/vague 2}}$ où : $(\alpha_1, \alpha_2) \in \{(1/2, 1/2), (1/3, 2/3)\}$.

Le nombre total de jours d'hospitalisation lié à un scénario bicentenaire correspond au quantile d'ordre 85 % calculé sur la distribution empirique du nombre total de jours d'hospitalisation d'un scénario donné (cf. Fig.13).

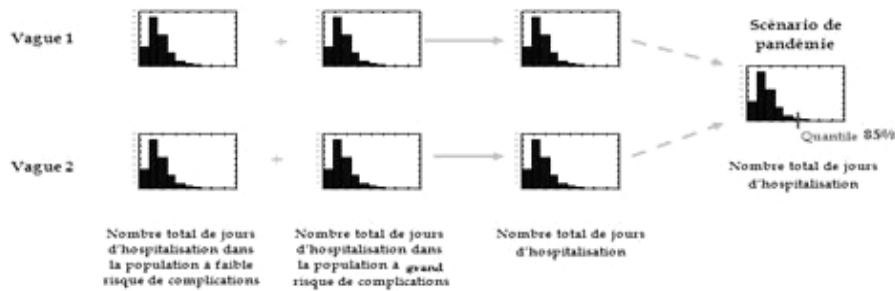


Fig.13. Estimation du nombre total de jours d'hospitalisation pour une classe d'âge donnée pendant un scénario de pandémie bicentenaire

Les résultats d'estimation de ce quantile relatifs à chaque classe d'âge pour la population générale et la population assurée sont présentés dans la figure Fig.14.

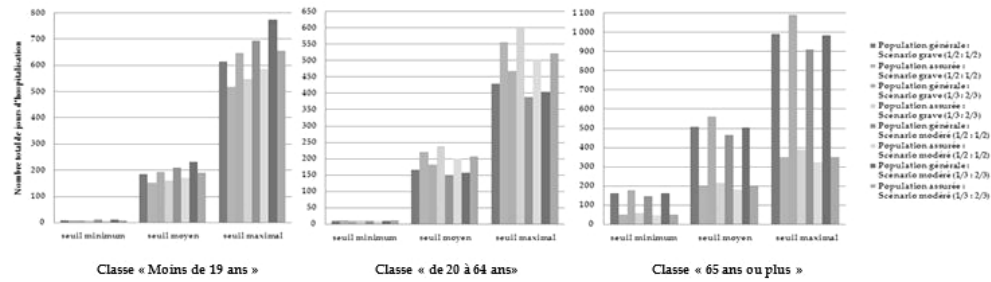


Fig.14. Nombre total de jours d'hospitalisation : population générale vs population assurée

Les séjours d'hospitalisation diffèrent globalement d'une classe d'âge à une autre. En particulier, les séjours d'hospitalisation les plus élevés caractérisent les aînés.

En s'intéressant aux séjours d'hospitalisation pour une classe d'âge (quelque soit le scénario de pandémie), nous remarquons qu'ils diffèrent entre la population assurée et la population générale. Les séjours d'hospitalisation les plus élevés caractérisent les aînés et les jeunes dans la population générale et caractérisent les adultes dans la population assurée. Cette différence s'explique par la structure par risque de complications qui diffère entre les deux populations : la proportion de la population à risque est plus élevée dans la population générale par rapport à la population assurée pour les jeunes et les aînés (14 % pour les jeunes et 50 % pour les aînés dans la population générale contre 10 % pour les jeunes et pour les aînés assurés) et vice versa pour les adultes (5 % dans la population générale contre 10 % dans la population assurée). Cela nous montre que les séjours d'hospitalisation dépendent de la structure par risque d'une classe d'âge et qu'ils augmentent avec la proportion de la population à grand risque de complications.

Intéressons nous maintenant aux séjours d'hospitalisation entre les scénarios de pandémie (quelle que soit la pondération faite sur les deux vagues). Nous constatons que le scénario grave présente les séjours les plus élevés pour les jeunes et les aînés alors que le scénario modéré présente les séjours les plus élevés pour les adultes. Ainsi et comme nous l'avons déjà remarqué dans l'analyse des taux de mortalité, les séjours d'hospitalisation augmentent avec les taux d'infection relatifs au scénario de pandémie. Par ailleurs, la pondération des vagues pandémiques affecte les séjours d'hospitalisation : la prise en compte des deux vagues identiques pour un scénario engendre des séjours d'hospitalisation plus faibles.

3.3 Nombre de jours de maladie

La dynamique de la grippe est décrite par deux périodes caractérisant la durée de la maladie : Une période latente suivie d'une période d'infection (cf. **Fig.2**). Durant la période latente, les symptômes de la maladie apparaissent chez un infecté. Ce dernier reste malade durant la période d'infection jusqu'à sa guérison. La période de la maladie d'un individu s'étale ainsi sur la période latente et la période d'infection.

La modélisation épidémiologique de chaque vague pandémique nous a fourni des distributions empiriques de la période latente moyenne T_E^{mean} et de la période d'infection moyenne T_I^{mean} pour une tête appartenant à une classe d'âge donnée.

Afin d'estimer la distribution du nombre de jours de maladie pour un individu appartenant à une classe d'âge donnée, nous avons suivi la démarche suivante :

- En faisant la somme des distributions empiriques de la période latente moyenne et de la période d'infection moyenne, nous obtenons une distribution empirique pour la période moyenne de la maladie $\gamma_{\text{classe d'âges/vague}}^{maladie}$ durant une vague pandémique. Soit :

$$\gamma_{\text{classe d'âges/vague}}^{maladie} = T_E^{mean} + T_I^{mean} .$$

- Chaque scénario de pandémie inclut deux vagues pandémiques qui sont soit d'importance identique, soit d'une importance relative de 1/3 et 2/3 respectivement pour la première et la seconde. La pondération des distributions empiriques de la période moyenne de la maladie selon l'importance relative des deux vagues conduit finalement à avoir une distribution empirique du nombre moyen de jours de maladie $\gamma_{\text{classe d'âges/scénario}}^{maladie}$ correspondant à un scénario pandémique. Soit :

$$\gamma_{\text{classe d'âges/scénario}}^{maladie} = \alpha_1 \cdot \gamma_{\text{classe d'âges/vague1}}^{maladie} + \alpha_2 \cdot \gamma_{\text{classe d'âges/vague2}}^{maladie}$$

$$\text{où : } (\alpha_1, \alpha_2) \in \{(1/2, 1/2), (1/3, 2/3)\} .$$

Le nombre de jours moyen attendu de maladie lors d'un scénario pandémique bicentenaire, pour un individu appartenant à une classe d'âge donnée, correspond au quantile d'ordre 85 % calculé sur la distribution du nombre moyen de jours de maladie relatif à ce scénario (cf. **Fig.15**).

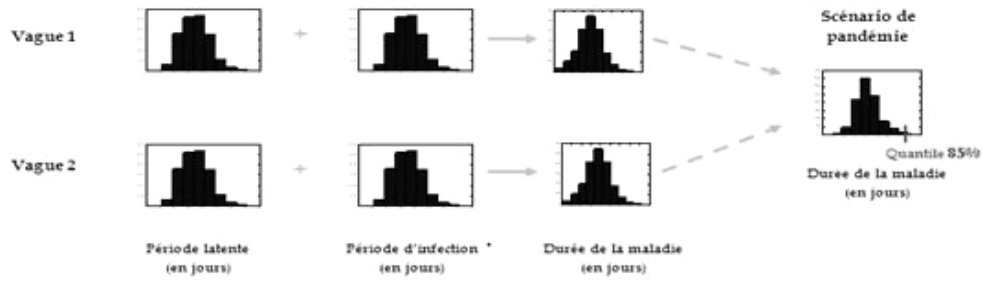


Fig.15. Distribution du nombre moyen de jours de maladie pour un individu (appartenant à une classe d'âge donnée) pendant une pandémie

Les résultats pour les différentes classes d'âge et les scénarios sont illustrés dans la figure **Fig.16**.

Bien que les données retenues dans la calibration des durées latente et d'infection du modèle épidémiologique fussent supposées identiques quelle que soit la classe d'âge, nous constatons que le nombre de jours de maladie diffère d'une classe d'âge à une autre. Cela s'explique notamment par la prise en compte d'autres facteurs qui rentrent dans la modélisation des durées latente et d'infection et qui diffèrent d'une classe d'âge à une autre comme le taux d'infection et le taux de contacts sociaux.

La durée de la maladie est croissante avec l'âge : les aînés ont une durée plus élevée par rapport aux jeunes et aux adultes. Cela semble adéquat avec la réalité.

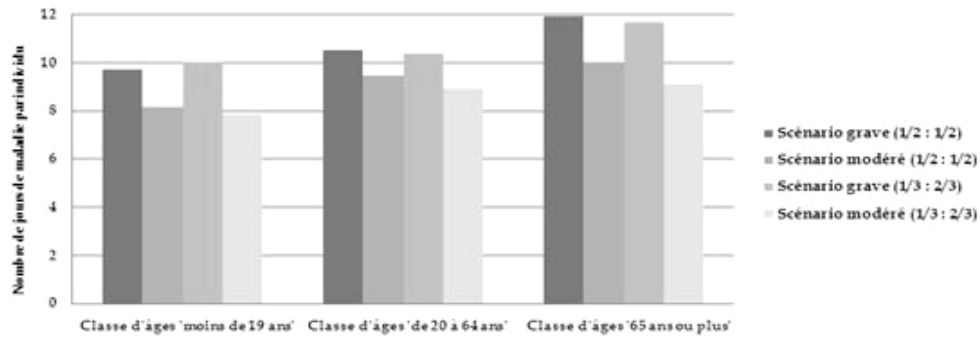


Fig.16. Nombre de jours de maladie par individu lors d'un scénario pandémique bicentenaire

Comme il était attendu, le nombre de jours de maladie dans un scénario grave est plus élevé puisque ce scénario était calibré avec des périodes latente et d'infection plus élevées qu'un scénario modéré.

Par ailleurs, le nombre de jours de maladie diffère selon les pondérations des vagues d'un scénario de pandémie. La prise en compte d'une importance relative d'un tiers et deux tiers respectivement pour la première et la deuxième vague conduit à un nombre de jours de maladie plus faible par rapport au cas où on considère que les deux vagues sont d'importance identiques. Nous déduisons ainsi que la durée de maladie lors de la deuxième vague est plus faible. En réalité, l'individu acquiert une immunité partielle contre le virus grippal après la première vague et même si ce virus subit une mutation et devient plus dangereux dans la deuxième vague, la maladie causée par le nouveau virus aura un impact plus faible sur la santé de l'individu et la durée de la maladie sera relativement plus faible.

Après avoir estimé et analysé les paramètres caractérisant le risque de mortalité (*i.e.* le taux de mortalité supplémentaire) et le risque de morbidité (*i.e.* le nombre de jours d'hospitalisation et le nombre de jours d'incapacité) liés à un scénario bicentenaire d'une pandémie grippale, nous allons proposer dans la partie suivante une évaluation de chargement en capital de couverture des prestations de prévoyance à l'aide de ces paramètres.

4. EVALUATION DU SCR DU RISQUE CATASTROPHE D'UNE PANDEMIE GRIPPALE EN ASSURANCE PREVOYANCE

Nous considérons un portefeuille d'assurance prévoyance collectif ou individuel. Ce portefeuille inclut des garanties vie et santé :

- **Une garantie vie** qui est le décès. Elle permet le versement d'un capital ou d'une rente à un bénéficiaire en cas de décès de l'assuré.
- **Des garanties santé** à savoir :
 - La garantie arrêt de travail. Nous nous intéressons particulièrement à la garantie incapacité temporaire de travail causée par une maladie. Elle permet le versement d'une indemnité journalière forfaitaire supposée payable dès le premier jour de la maladie jusqu'au dernier jour.
 - La garantie frais de santé qui permet le remboursement total ou partiel des dépenses de soins et de biens médicaux suite à une maladie. Parmi les frais de soins garantis, nous nous intéressons au forfait journalier hospitalier et les autres frais de santé (e.g. les frais pharmaceutiques, les frais d'analyse et de laboratoire, ...)

Une pandémie grippale engendre des risques de mortalité et de morbidité qui

peuvent toucher toutes ces garanties prévoyance : le risque de mortalité touche la garantie décès et le risque de morbidité touche les garanties incapacité temporaire de travail et la garantie frais de santé.

Les préconisations mentionnées dans les spécifications techniques du QIS 5 précisent que l'évaluation du besoin en capital requis (SCR) des garanties vie et santé (et donc des garanties prévoyance) en cas d'un risque de catastrophe doit être basée sur un scénario d'une pandémie bicentenaire. Ce SCR sert à couvrir le surcoût éventuel engendré par une pandémie.

Dans ce qui suit, nous allons commencer par définir l'approche générale d'évaluation du SCR. Après avoir caractérisé la distribution des surcoûts liés aux garanties prévoyance, nous allons appliquer ensuite cette approche pour calculer le SCR relatif à un portefeuille prévoyance réel.

4.1 Présentation de l'approche générale

L'approche générale était présentée par Planchet et *al.* (2010) afin d'évaluer le SCR relatif aux garanties d'assurance de personnes dans un modèle interne partiel. En l'adaptant à notre contexte, cette approche se base sur une approximation gaussienne des surcoûts engendrés par une pandémie en prenant en compte un facteur de risque systémique.

Soit I un ensemble des contrats prévoyance supposés indépendants et soit X le surcoût total engendré par ces contrats en cas d'une catastrophe de pandémie grippale.

On considère β un facteur de risque systémique conditionnellement à la réalisation d'une pandémie. Ce facteur est défini comme le risque que se produise la pandémie pour déclencher les risques de mortalité et de morbidité touchant les contrats prévoyance. Puisque les garanties d'un portefeuille ne seront pas touchées par la pandémie que si les assurés sont infectés, c'est donc l'infection par la pandémie qui génère les risques de morbidité et de mortalité. Or l'infection est aléatoire, l'aléa se définit alors par la probabilité qu'un assuré soit infecté par la pandémie (ou encore par le taux d'infection décrivant la probabilité de transmission de la maladie). De ce fait, on peut assimiler le taux d'infection à un facteur de risque systémique.

Si on introduit le facteur de risque systémique β alors X/β est asymptotiquement gaussienne puisqu'elle est soumise aux risques mutualisables de mortalité et de morbidité.

La loi asymptotique de X est décrite par l'expression suivante :

$$F_X(x) = P(X \leq x) = E\left[P(X \leq x | \beta = y)\right] \xrightarrow{|\mu| \rightarrow +\infty} \int \Phi\left(\frac{x - \mu(y)}{\sigma(y)}\right) F_\beta(dy), \forall x \in \mathfrak{R}^+$$

Où : $\mu(y)$ et $\sigma^2(y)$ sont respectivement l'espérance et la variance de X conditionnellement à une réalisation y de β et Φ est la fonction de répartition d'une loi Normale centrée réduite.

Pour caractériser X , il s'agit donc de calculer les moments $\mu(y)$ et $\sigma^2(y)$.

En pratique, l'expression de la loi de X est approximée par :

$$\tilde{F}_X(x) = \frac{1}{K} \sum_{k=1}^K \Phi\left(\frac{x - \mu(\beta_k)}{\sigma(\beta_k)}\right)$$

Où : β_1, \dots, β_K est un échantillon simulé de K réalisations de facteur de risque systémique (*i.e.* taux d'infection). Ces réalisations sont issues de la modélisation épidémiologique d'une pandémie grippale et dépendent de la nature des risques. Pour le risque de mortalité, nous ne retenons que l'échantillon des taux d'infection issus de la modélisation de la deuxième vague pandémique. Concernant le risque de morbidité, l'échantillon retenu est la somme pondérée des deux échantillons des taux d'infection issus de la modélisation des deux vagues pandémiques. La pondération se fait selon l'importance de ces vagues ($\{1/2 ; 1/2\}$ ou $\{1/3 ; 2/3\}$).

Une fois qu'on a caractérisé la distribution de surcoût X , le SCR correspond au quantile d'ordre 99,5 % calculé sur cette distribution.

Afin d'évaluer le SCR des garanties prévoyance, notre démarche est décomposée en deux étapes :

- Calcul des moments d'ordre 1 et 2 conditionnels à chaque valeur simulée β_k du taux d'infection (*i.e.* $\mu(\beta_k)$ et $\sigma^2(\beta_k)$). Cela caractérise la distribution de surcoût $\tilde{F}_X(x)$.
- A partir de la distribution $\tilde{F}_X(x)$, on cherchera la valeur x qui correspond au quantile d'ordre 99,5 %. Cette valeur correspond au SCR.

4.2 Caractérisation de la distribution de surcoût engendré par les garanties prévoyance

Nous supposons que les assurés du portefeuille prévoyance sont segmentés en trois classes d'âge : « moins de 19 ans », « de 20 à 64 ans » et « 65 ans ou plus ». Pour chaque classe d'âge, nous rappelons que nous disposons des paramètres caractérisant les risques de

mortalité et de morbidité relatifs aux assurés touchés par une pandémie bicentenaire :

- Le taux de mortalité supplémentaire par classe d'âge (noté $\lambda_{\text{classe d'âges}}$). Puisque ce taux est donné en pourcentage conformément à la structure par risque de la population assurée, il reste applicable pour n'importe quelle taille d'une classe d'âge donnée.
- Le nombre total de jours d'hospitalisation par classe d'âge (noté $\xi_{\text{classe d'âges}}$). Ce nombre est calculé sur une population de référence de 1000 assurés. Il peut être ainsi appliqué proportionnellement sur une taille différente de la même classe d'âge.
- Le nombre de jours de maladie par individu appartenant à une classe d'âge donnée (noté $\gamma_{\text{classe d'âges}}$). En particulier, pour un individu actif appartenant aux classes d'âge « de 20 à 64 ans » et « 65 ans ou plus », ce nombre correspond également au nombre de jours d'incapacité de travail (noté δ).

Nous allons présenter par la suite comment l'approximation décrite ci-dessus est appliquée pour calculer les deux premiers moments conditionnels du surcoût (*i.e.* $\mu(\beta_k)$ et $\sigma^2(\beta_k)$). Cela permet de caractériser la distribution des surcoûts engendrés par les garanties prévoyance en cas d'une pandémie bicentenaire. Dans un premier temps, nous nous intéressons à un portefeuille de contrats où une seule garantie prévoyance est souscrite. Nous nous intéressons, dans un second temps, à un portefeuille de contrats en régime de croisière.

4.2.1 Distribution des surcoûts relatifs à une seule garantie prévoyance

Une seule garantie prévoyance est supposée souscrite dans le portefeuille prévoyance à N assurés appartenant à la même classe d'âge. Selon la nature de garantie souscrite, nous retenons les hypothèses et les notations suivantes :

4.2.1.1 Garantie décès

Dans un scénario d'une pandémie bicentenaire, le décès d'un assuré survient conditionnellement à l'infection selon un taux de mortalité supplémentaire $\lambda_{\text{classe d'âges}}$. Sa probabilité de décès q est donnée alors par : $q = \beta_k \cdot \lambda_{\text{classe d'âges}}$. Sous l'hypothèse d'indépendance entre les assurés, le décès dans l'ensemble des assurés d'une classe d'âge survient avec un tirage binomial selon la probabilité de décès q .

La somme assurée exposée au risque de mortalité se définit par $N \cdot C_{\text{Décès}}$, où : $C_{\text{Décès}}$ est le capital décès moyen par tête assurée.

4.2.1.2 Garantie incapacité

Les assurés appartiennent aux classes d'âge « de 20 à 64 ans » et « 65 ans ou plus » et sont supposés actifs et indépendants. L'incapacité d'un assuré causée par un scénario d'une pandémie bicentenaire survient conditionnellement à l'infection et s'étale sur un nombre de jours d'incapacité δ relatif à cette pandémie.

La somme assurée exposée au risque de morbidité est donnée par $N.C_{\text{Incap}}$, où : C_{Incap} est le montant d'indemnité journalière moyenne versée pendant toute la durée d'incapacité.

4.2.1.3 Garantie frais de santé

La garantie frais de santé couvre les frais d'hospitalisation et les autres frais de santé (e.g. consultation d'un médecin, frais pharmaceutiques, ...).

Les frais de santé liés à un scénario bicentenaire d'une pandémie sont engendrés conditionnellement à l'infection pendant un certain nombre de jours selon la nature de garantie frais de santé couverte.

- **Cas des frais d'hospitalisation** : Pour une classe d'âge de N assurés supposés indépendants entre eux. L'hospitalisation de ces assurés survient conditionnellement à l'infection pendant la pandémie. Un scénario bicentenaire de cette pandémie engendre un nombre total de jours d'hospitalisation $\xi_{\text{classe d'âges}}$.

Pour les frais d'hospitalisation, la somme assurée exposée au risque de morbidité est définie par $N.C_{\text{hosp}}$, où : C_{hosp} est le montant du forfait journalier moyen d'hospitalisation versé pendant toute la durée d'hospitalisation.

- **Cas des autres frais de santé** : Pour les N assurés appartenant à une classe d'âge donnée, on suppose que le montant total des autres frais de santé est proportionnel au nombre de jours de maladie $\gamma_{\text{classe d'âges}}$ (calculé par tête) *via* une constante c . Le calcul de cette constante se base sur des montants réels de frais de santé. Dans ce cas, la somme assurée exposée au risque de morbidité se définit par : Nc .

A partir de ces hypothèses et notations retenues pour chacune des garanties prévoyance, nous pouvons calculer les deux premiers moments conditionnels du surcoût

$\mu(\beta_k)$ et $\sigma^2(\beta_k)$. Ces moments sont donnés dans le tableau **Tab.7**.

Tab.7. Moments caractérisant la distribution des surcoûts liés à un portefeuille à une seule garantie prévoyance

Garanties		$\mu(\beta_k)$	$\sigma^2(\beta_k)$
Décès		$\beta_k \cdot \lambda_{\text{classe d'âges}} \cdot N \cdot C_{\text{Décès}}$	$\beta_k \lambda_{\text{classe d'âges}} (1 - \beta_k \cdot \lambda_{\text{classe d'âges}}) N C_{\text{Décès}}^2$
Incapacité		$\beta_k \cdot N \cdot \delta \cdot C_{\text{Incap}}$	$\beta_k \cdot (1 - \beta_k) \cdot N \cdot \delta \cdot C_{\text{Incap}}^2$
Frais de santé	Frais d'hospitalisation	$\beta_k \cdot N \cdot (\xi_{\text{classe d'âges}} / 1000) \cdot C_{\text{hosp}}$	$\beta_k \cdot (1 - \beta_k) \cdot N \cdot (\xi_{\text{classe d'âges}} / 1000) \cdot C_{\text{hosp}}^2$
	Autres frais de santé	$\beta_k \cdot c \cdot \gamma_{\text{classe d'âges}} \cdot N$	$\beta_k \cdot (1 - \beta_k) \cdot c^2 \cdot \gamma_{\text{classe d'âges}} \cdot N$

4.2.2 Distribution des surcoûts relatifs à plusieurs garanties prévoyance

Nous considérons désormais un portefeuille prévoyance de contrats en régime de croisière. Trois garanties prévoyance peuvent être souscrites : décès, frais de santé et incapacité.

Quatre combinaisons possibles des garanties sont possibles : décès et frais de santé, décès et incapacité, frais de santé et incapacité et finalement frais de santé, incapacité et décès.

En retenant les mêmes notations décrites précédemment et sous les hypothèses de mutualisation des risques de mortalité et de morbidité et de l'indépendance entre les assurés, les moments du surcoût lié aux différentes combinaisons des garanties dans une classe d'âge de N assurés sont donnés dans le tableau **Tab.8**.

Tab.8. Moments caractérisant la distribution des surcoûts liés à un portefeuille à plusieurs garanties prévoyance

Garanties	$\mu(\beta_k)$	$\sigma^2(\beta_k)$
Décès & Incapacité	$q \cdot N \cdot C_{\text{Décès}} + \beta_k \cdot N \cdot \delta \cdot C_{\text{Incap}}$	$q \cdot (1 - q) \cdot N \cdot C_{\text{Décès}}^2 + \beta_k \cdot (1 - \beta_k) \cdot N \cdot \delta \cdot C_{\text{Incap}}^2$
Décès & Frais de santé	$q \cdot N \cdot C_{\text{Décès}} + \beta_k \cdot N \cdot (\xi_{\text{classe d'âges}} / 1000) \cdot C_{\text{hosp}}$	$q \cdot (1 - q) \cdot N \cdot C_{\text{Décès}}^2 + \beta_k \cdot (1 - \beta_k) \cdot N \cdot (\xi_{\text{classe d'âges}} / 1000) \cdot C_{\text{hosp}}^2$
	$q \cdot N \cdot C_{\text{Décès}} + \beta_k \cdot c \cdot \gamma_{\text{classe d'âges}} \cdot N$	$q \cdot (1 - q) \cdot N \cdot C_{\text{Décès}}^2 + \beta_k \cdot (1 - \beta_k) \cdot c^2 \cdot \gamma_{\text{classe d'âges}} \cdot N$
Incapacité & Frais de santé	$\beta_k \cdot N \cdot \delta \cdot C_{\text{Incap}} + \beta_k \cdot N \cdot (\xi_{\text{classe d'âges}} / 1000) \cdot C_{\text{hosp}}$	$\beta_k \cdot (1 - \beta_k) \cdot N \cdot \delta \cdot C_{\text{Incap}}^2 + \beta_k \cdot (1 - \beta_k) \cdot N \cdot (\xi_{\text{classe d'âges}} / 1000) \cdot C_{\text{hosp}}^2$
	$\beta_k \cdot N \cdot \delta \cdot C_{\text{Incap}} + \beta_k \cdot c \cdot \gamma_{\text{classe d'âges}} \cdot N$	$\beta_k \cdot (1 - \beta_k) \cdot N \cdot \delta \cdot C_{\text{Incap}}^2 + \beta_k \cdot (1 - \beta_k) \cdot c^2 \cdot \gamma_{\text{classe d'âges}} \cdot N$

Décès & Incapacité & Frais de santé	$q.N.C_{\text{Décès}} + \beta_k.N.\delta.C_{\text{Incap}} + \beta_k.N.(\xi_{\text{classé d'âges}} / 1000).C_{\text{hosp}}$	$q.(1-q).N.C_{\text{Décès}}^2 + \beta_k.(1-\beta_k).N.\delta.C_{\text{Incap}}^2 + \beta_k.(1-\beta_k).N.(\xi_{\text{classé d'âges}} / 1000).C_{\text{hosp}}^2$
	$q.N.C_{\text{Décès}} + \beta_k.N.\delta.C_{\text{Incap}} + \beta_k.c.\gamma_{\text{classe d'âges}}.N$	$q.(1-q).N.C_{\text{Décès}}^2 + \beta_k.(1-\beta_k).N.\delta.C_{\text{Incap}}^2 + \beta_k.(1-\beta_k).c^2.\gamma_{\text{classe d'âges}}.N$

Une fois que \tilde{F}_X la distribution des surcoûts engendrés par un portefeuille de contrats prévoyance (à une seule garantie ou en régime de croisière) soit caractérisée, il convient par la suite de résoudre numériquement $\tilde{F}_X(x) = 0,995$. Cette résolution fournit le SCR de couverture des garanties prévoyance en cas d'une pandémie bicentenaire.

Le paragraphe suivant présente une application de notre approche afin d'évaluer le SCR de couverture d'un portefeuille prévoyance réel.

4.3 Application à l'évaluation du SCR d'un portefeuille prévoyance réel

Nous disposons un portefeuille réel de 163 250 contrats prévoyance individuelle d'un assureur français où deux garanties sont souscrites : la garantie décès et la garantie incapacité temporaire du travail causée par une maladie.

Tout au long de cette application, nous allons ignorer les durées de franchise pour la garantie incapacité temporaire du travail causée par une maladie. Néanmoins, nous notons que la présence des franchises, dont les durées sont supérieures ou égales aux durées d'incapacité estimées sur un scénario bicentenaire d'une pandémie grippale, conduit à exclure certains contrats de l'étude ce qui diminue le risque supporté par l'assureur prévoyance. Pour plus de détails sur la prise en compte des franchises en prévoyance, le lecteur intéressé pourra se référer à Corlosquet-Habart (2010,1).

Nous supposons qu'une pandémie grippale bicentenaire peut toucher toutes les garanties souscrites. Afin d'évaluer le SCR de couverture des surcoûts engendrés par une telle pandémie, nous avons suivi les étapes suivantes :

- **Étape 1** : On segmente les assurés en trois classes d'âge : Classe 1 (moins de 19 ans), Classe 2 (de 20 à 64 ans) et Classe 3 (65 ans ou plus).
- **Étape 2** : Dans chaque classe d'âge, on segmente une deuxième fois les contrats par type de garanties souscrites : à une seule garantie (décès ou incapacité) ou en régime de croisière (décès et incapacité).

On a à cette étape des classes croisées par classes d'âge et par types des garanties souscrites (cf. Fig. 17).

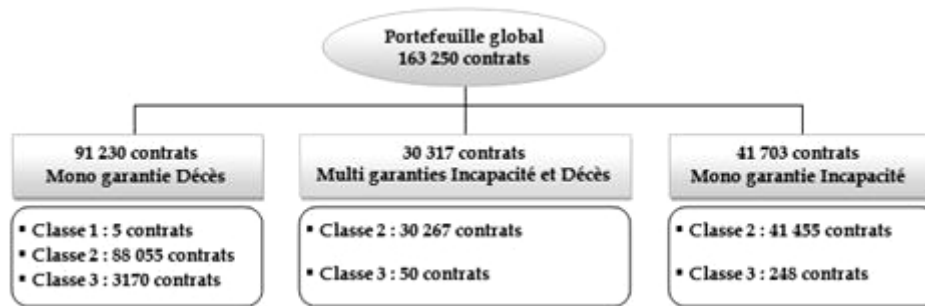


Fig.17. Structure du portefeuille global par classes croisées

- **Etape 3** : Dans chaque classe croisée, on calcule, selon les types des garanties souscrites, les montants exposés aux risques de mortalité et de morbidité c'est-à-dire le capital décès moyen assuré et l'indemnité journalière moyenne d'incapacité.
- **Etape 4** : En retenant les paramètres du risque de mortalité et de morbidité (i.e. taux de mortalité supplémentaire et le nombre de jours d'incapacité) caractérisant un scénario de pandémie bicentenaire grave ou modéré, on peut calculer les deux premiers moments conditionnels du surcoût relatif à chaque classe croisée en appliquant les formules données précédemment selon le type des garanties prévoyance souscrites (cf. **Tab.7** et **Tab.8**).
- **Etape 5** : Une fois la fonction de répartition du surcoût est caractérisée, on calcule par une résolution numérique le SCR de couverture des garanties dans chaque classe croisée ainsi que le SCR global par types de garanties. L'ensemble des résultats est présenté dans les tableaux **Tab.9**, **Tab.10** et **Tab.11**.

Tab.9. SCR de couverture de la garantie Décès (en millions d'euros)

	Scénario Modéré			Scénario Grave		
	min	moyenne	max	min	moyenne	max
Classe 1 : "moins de 19 ans"	0,003	0,017	0,035	0,002	0,013	0,027
Classe 2 : "de 20 à 64 ans"	1,266	29,765	75,371	1,812	44,419	112,086
Classe 3 : "65 ans ou plus"	0,173	0,457	0,587	0,193	0,509	0,652
Somme des SCR	1,442	30,240	75,993	2,008	44,941	112,764
SCR global	1,296	29,850	75,489	1,838	44,495	112,176

Tab.10. SCR de couverture de la garantie Incapacité (en millions d'euros)

	Scénario Modéré		Scénario Grave	
	vagues (1/2:1/2)	vagues (1/3:2/3)	vagues (1/2:1/2)	vagues (1/3:2/3)
Classe 2 : "de 20 à 64 ans"	20,552	20,969	24,686	28,119
Classe 3 : "65 ans ou plus"	0,078	0,084	0,094	0,108
Somme des SCR	20,630	21,053	24,780	28,227
SCR global	20,580	21,002	24,710	28,175

Tab.11. SCR de couverture des contrats en régime de croisière (en millions d'euros)

		Classe 2 "de 20 à 64 ans"		Classe 3 "65 ans ou plus"	Somme des SCR	SCR global
		min	moyenne	max		
Scénario Modéré	vagues (1/2:1/2)	min	14,613	0,025	14,637	14,617
		moyenne	21,945	0,040	21,985	21,952
		max	34,449	0,046	34,495	34,457
	vagues (1/3:2/3)	min	15,001	0,029	15,027	15,007
		moyenne	22,939	0,041	22,980	22,945
		max	35,711	0,047	35,758	35,718
Scénario Grave	vagues (1/2:1/2)	min	17,775	0,029	17,804	17,781
		moyenne	29,193	0,046	29,238	29,200
		max	47,717	0,052	47,769	47,724
	vagues (1/3:2/3)	min	20,121	0,031	20,151	20,126
		moyenne	22,802	0,039	22,841	22,809
		max	50,506	0,054	50,560	50,513

Les résultats nous montrent que le SCR dans un scénario grave est relativement plus élevé par rapport à celui dans un scénario modéré. Dans chaque classe d'âge, le capital de couverture augmente donc avec les risques de morbidité et de mortalité liés au scénario pandémique. Cela reste vérifié quelles que soient les garanties souscrites.

Pour les contrats couvrant la garantie incapacité ou encore ceux en régime de croisière, le SCR diffère selon les pondérations des vagues pandémiques. En particulier, pour un scénario modéré, le SCR obtenu avec une importance relative d'un tiers et deux tiers respectivement pour la première et la deuxième vague est plus élevé que celui obtenu avec une importance relative identique des deux vagues. Cela s'explique par le nombre de jours d'incapacité qui est plus faible dans le cas d'une pondération identique (cf. Fig. 16).

L'évaluation du SCR de couverture des contrats en régime de croisière prend en compte l'éventuelle dépendance existante entre les garanties décès et incapacité. Vu la différence entre les montants des SCR selon certains facteurs comme les classes d'âge et les scénarios, cette dépendance peut dépendre également de ces facteurs.

Pour un type donné de garanties souscrites, la somme des SCR relatifs aux

différentes classes croisées est supérieure au SCR global. Cette comparaison montre que le SCR vérifie le critère de sous additivité et nous indique ainsi l'existence d'une éventuelle diversification entre les différentes classes croisées (par type de garantie).

- **Étape 6** : Le SCR global de couverture du portefeuille se calcule en caractérisant la distribution des surcoûts globaux (sous l'hypothèse d'indépendance entre les têtes assurées appartenant aux différentes classes croisées conditionnellement aux facteurs de risque systémique). Cette distribution se caractérise également en calculant les deux premiers moments des surcoûts globaux selon la démarche décrite précédemment. Le calcul de ces moments se fait cette fois en sommant les moments des surcoûts de toutes les classes croisées.

Tab.12. SCR de couverture des contrats en régime de croisière (en millions d'euros)

		Somme des SCR	SCR global	
Scénario Modéré	vagues (1/2:1/2)	min	36,493	36,030
		moyenne	72,382	70,590
		max	130,526	128,915
	vagues (1/3:2/3)	min	37,305	37,086
		moyenne	73,798	73,566
		max	132,214	132,209
Scénario Grave	vagues (1/2:1/2)	min	44,328	44,123
		moyenne	98,404	93,380
		max	184,610	114,861
	vagues (1/3:2/3)	min	50,139	49,804
		moyenne	95,478	96,390
		max	190,865	189,183

Le tableau **Tab.12** présente les résultats relatifs au SCR global du portefeuille et à la somme des SCR des classes croisées de toutes les garanties par scénario pandémique. La comparaison de la somme des SCR avec le SCR global permet d'identifier l'existence d'une diversification entre les différentes classes croisées.

Par ailleurs, le SCR global du portefeuille diffère selon le scénario et selon les pondérations des vagues pandémiques. D'un côté, il est plus élevé dans un scénario grave (où les taux de mortalité supplémentaire et le nombre de jours d'incapacité sont les plus élevés, cf. **Fig.10** et **Fig.16**). Ainsi, plus les risques de mortalité et de morbidité causés par un scénario de pandémie sont importants, plus important sera le capital global de couverture du portefeuille. D'un autre côté, il est plus faible pour une pondération identique des vagues d'un scénario pandémique donné.

5. CONCLUSION

Même si la modélisation épidémiologique présentée dans cet article est complexe et fait intervenir plusieurs jeux d'hypothèses auxquels dépendent fortement les résultats, elle présente deux avantages importants. Le premier est qu'elle est assez transparente et qu'elle produise des résultats qui restent applicables sur un portefeuille prévoyance réel dont les assurés sont structurés par classes d'âge. Le deuxième avantage est qu'elle fournit un outil robuste et complet permettant aux assureurs prévoyance d'intégrer le risque catastrophe dans leur modèle interne (total ou partiel). En effet, cette modélisation génère des scénarios personnalisés de pandémie et permet d'évaluer le SCR nécessaire à la couverture de toutes les garanties prévoyance sur la base de leurs expositions au risque et en retenant une calibration basée sur des scénarios de pandémie bicentennaires communs à toutes les garanties. L'évaluation de ce SCR sur un portefeuille réel permettra d'étendre notre étude vers une modélisation de la structure de dépendance existante entre les différentes garanties à l'aide des corrélations linéaires ou non linéaires (*e.g.* les copules).

Finalement, notre étude pourra s'étendre à des modélisations épidémiologiques intégrant des facteurs autres que l'hétérogénéité de la structure sociale de population. Nous pouvons citer notamment les stratégies d'intervention qui réduisent les risques provoqués par une pandémie grippale comme la vaccination (*cf.* Gaff et *al.* (2009)) et la réduction du trafic aérien (*cf.* Habart et *al.* (2009) et Corlosquet-Habart (2010,1)).

BIBLIOGRAPHIE

ALLEN, L.J.S., BAUCH, C.T., CASTILLO-CHAVEZ, C., EARN, D.J.D., FENG, Z., LEWIS, M.A., LI, J., MARTCHEVA, M., NUNO, M., WATMOUGH, J., WONHAM, M.J., YAN, P. (2008). *Mathematical Epidemiology With Contributions*. Springer

ANDERSSON, H., BRITTON, T. (2000). *Stochastic Epidemic Models and their Statistical analysis, 2000, Lecture notes in statistics*, Springer.

BERNARDO, J.M., SMITH, A.F.M. (1994). *Bayesian Theory*. Chichester, UK: John Wiley and Sons.

BERNILLON, P., LEON, L., BOELLE, P.Y., DESENCLOS, J.C. (2009). Le point sur les paramètres épidémiologiques dans l'épidémie due au nouveau virus de la grippe A(H1N1). *Numéro spéciale. Chronique d'un début de pandémie. BEH WEB 2009 (1). Publication de l'Institut National de Veille Sanitaire.*

BONMARIN, I., LEVY-BRUHL, D. (2007). Apport des modélisations des

pandémies dans la décision de santé publique : exemple de la pandémie grippale. *Médecine et maladies infectieuses*, 37, 204-209.

BRITTON, T., O'NEILL, P. (2002). Bayesian Inference for Stochastic Epidemics in Populations with Random Social Structure. *Scandinavian Journal of Statistics*, 29(3), 375–390.

CAMUS, D., WACHTEL, C. (2008). Pandémie grippale: Les avancées françaises et européennes. *Colloque technique du Haut Comité Français de la Défense civile avec la délégation interministérielle à la lutte contre la grippe aviaire*.

CDC (CENTER FOR DISEASE CONTROL AND PREVENTION). (2009). Update: novel influenza A(H1N1) virus infections-worldwide. *MMWR Morb. Mortal. Wkly. Rep.*, 58(17), 453-8.

CEIOPS. (2010). Technical specifications for QIS 5. *April, 2010*. (<http://www.ceiops.eu>).

CEIOPS. (2003). « Conception d'un futur système de contrôle prudentiel applicable dans l'Union Européenne – Recommandation des services de la commission ». *MARKT/2509/03*.

CHOWELL, G., HIROSHI, N. (2008). Quantifying the transmission potential of pandemic influenza. *Physics of life reviews*, 5, 50-77.

COHUET, S., AÏT EL-BELGHITI, F., BARBOZA, P., BAUDON, C., CHERIE-CHALLINE, L., DEGAIL, MA et al. (2009). Grippe A(H1N1) 2009 : Les principaux enseignements à l'échelle mondiale après les six premiers mois de la pandémie. *BEHWeb 2009 (3)*. *Publication de l'Institut National de Veille Sanitaire*.

CORLOSQUET-HABART, M. (2010,1). *Modélisation, impact et gestion du risque de pandémie de grippe en assurance prévoyance dans le cadre de la Solvabilité II*. Thèse de doctorat, Telecom Bretagne et Université de Bretagne Occidentale.

CORLOSQUET-HABART, M. (2010,2). Taking into account the pandemic risk in a partial internal model. *Bulletin Français d'Actuariat*, vol.11, n°20.

DAVET, J.L., CHEVREAU, A., RAVIARD, F. (2008). Solvabilité 2, pré-test QIS 4. Calibrage du risque catastrophe en assurance complémentaire santé. *Mutualité Française. Note de synthèse*.

DELOITTE., STIPP, E., STAPLES, G., HAMMAN, C., VAN DER MERWE, J. (2006). The potential demographic impact of an avian flu pandemic in South Africa. *Deloitte*.

DESENCLOS, J.C. (2005). Les ingrédients d'une réussite d'une pandémie. Département Maladies infectieuses, *Institut de Veille Sanitaire Saint Maurice*.

<http://www.infectio-lille.com/diaporamas/invites/epidemie-duatb05-desenclos.pdf>

DIETZ, K., SCHENZLE, D. (1985). *Mathematical models for infectious disease statistics*. Springer-Verlag. New York, USA.

DOYLE, A., BONMARIN, I., LEVY-BRUHL, D., LE STRAT, Y., DESENCLOS, J-C. (2005). Préparations à la lutte contre une pandémie grippale. *Institut National de Veille Sanitaire (INVS)*.

DROESBEKE, J.J., FINE, J., SAPORTA, G. (2002). *Méthodes bayésiennes en statistiques*. Edition Technip, Paris.

ERDŐS, P., RÉNYI, A. (1960). The Evolution of Random Graphs. *Publ. Math. Inst. Hung. Acad. Sci*, Vol. 5, 17-61.

ERDŐS, P., RÉNYI, A. (1959). On Random Graphs. *Publicationes Mathematicae*, **6**, 290–297.

FFSA. (2008). Les assurances de personnes : données clés 2008. *Publication de la Fédération Française des Sociétés d'Assurances*.

FINK, D. (1995). A compendium of conjugate priors. *Technical report, Cornell University*.

GAFF, H., SCHAEFER, E. (2009). Optimal control applied to vaccination and treatment strategies for various epidemiological models. *Math Biosci Eng.* **6(3)**:469-92

GEENHALGH, D. (1986). Control of an epidemic spreading in a heterogeneous mixing population. *Math Biosci*, **80**, 23–45.

GHENDON, Y. (1994). Introduction to pandemic influenza through history. *European Journal of Epidemiology*, **10**, 451-453.

GILKS, W. R., RICHARDSON, S., SPIEGELHALTER, D. J. (1995). *Markov chain Monte Carlo in practice*. Chapman & Hall, London.

GLEZEN, W.P. (1996). Emerging infections: pandemic influenza. *Epidemiol Rev*, **18(1)**, 64-76.

GROENDYKE, C., WELCH, D., HUNTER, D.R. (2010,1). Bayesian Inference for Contact Networks Given Epidemic Data. *Technical reports and preprints*, **02(10)**. Department of Statistics-The Pennsylvania State University.

<http://www.stat.psu.edu/~dhunter/papers/tr1002.pdf>

GROENDYKE, C., WELCH, D., HUNTER, D.R. (2010,2). Package “epinet”: A collection of epidemic/network-related tools. February 14, 2010.

<http://cran.r-project.org/web/packages/epinet/index.html>

GROUPE CONSULTATIF ACTUARIEL EUROPEEN. (2006). *Actuarial reflections on pandemic risk and its consequences*.

GUETTE, V. (2010). Détermination d'un taux de surmortalité pour une catastrophe de période de retour de 200 ans. *Bulletin Français d'Actuariat*, vol.10, n°19.

HABART, M., LENCA, P., HILLION, A. (2009). Modeling the spread of pandemic influenza for insurance industry, *The XIIIth International Symposium on Applied Stochastic Models and Data Analysis* (eds. Sakalauskas, L., Skiadas, C., Zavadskas, E. K.), Vilnius, Lithuania, pp. 531-535, June 30-July 3, 2009.

INSTITUT CANADIEN DES ACTUAIRES. (2009). Considérations relatives à l'élaboration d'un scénario de pandémie. *Document de recherche*.

KEELING, M., ROHANI, P. (2008). Modeling infectious diseases in humans and animals. *Clinical Infectious Diseases*, **47**, 864–6.

KERMACK, W.O., McKENDRICK, A.G. (1932). Contributions to the mathematical theory of epidemics, part. II. *Proc. R. Soc. Lond. B Biol. Sci*, **138**, 55–83.

KERMACK, W.O., McKENDRICK, A.G. (1932). Contributions to the mathematical theory of epidemics, part. III. *Proc. R. Soc. Lond. B Biol. Sci*, **141**, 94–112.

KERMACK, W.O., McKENDRICK, A.G. (1927). A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proc. R. Soc. Lond. B Biol. Sci.*, **115**, 700–721.

MANDHOUI, K. (2010). *Analyse du Risque Catastrophe d'une P andémie en Assurance Prévoyance par une Approche Épidémiologique*. Mémoire d'actuariat, ENSAE - Paris Tech.

MELTZER, M.I., COX, N.J., FUKUDA, K. (1999). The economic impact of pandemic influenza in the United States: priorities for intervention. *Emerg.Infect.Dis*, **5**, 659-71.

MILLS, C.E., ROBINS, J.M., LIPSITCH, M. (2004). Transmissibility of 1918 pandemic influenza, *Nature*, **432** (7019), p.904–6.

MOLARD, J. (2005). *L'assurance de personnes*. SEFI Editions, 2005.

Munich Re Group. (2007). Topics - pandémie, risk trading, les systèmes d'information géographique.

- NEAL, P. (2003). SIR epidemics on a Bernoulli Random Graph. *J. Appl. Prob.* **40**(3), 779-782.
- OSTERHOLM, M. (2005). Preparing for the next pandemic. *Foreign Affairs*
- PATTERSON, KD. (1986) .Pandemic influenza 1700-1900: A study in historical epidemiology. Rowman & Littlefield Totowa, NJ, 1986.
- PLANCHET, F., GUIBERT, Q., JUILLARD, M. (2010). Un cadre de référence pour un modèle interne partiel en assurance de personnes : application a un contrat de rentes viagères. *Bulletin Français d'Actuariat*, vol.**10**, n°20.
- ROSS, S.M. (2002). *Simulation*. 3rd Edition. Academic Press.
- SIMONSEN, L., CLARKE, M. (1997). The impact of influenza epidemics on mortality: introducing severity index. *American Journal of Public Health.* **87** (12).
- SMITH, A.F.M., ROBERTS, G.O. (1993). Bayesian computation via the Gibbs sampler and related Markov Chain Monte Carlo Methods. *J. Roy. Statist. Soc .B*, **55**, 3-23.
- SOCIETY OF ACTUARIES. (2007). Potential Impact of Pandemic Influenza on the U.S. Life Insurance Industry. *Research project*.
- STOCKEY, N.L., LUCAS, R.E. (1989). *Recursive Methods in Economic Dynamics*, Harvard University Press.
- STRACKE, A. (2007). Pandémie de grippe – Impact sur le portefeuille d'assurance-vie. *Gen Re Risk Insights*. Nov. 2007,**11** (4).
- Swiss Re. (2009). Catastrophes naturelles et techniques en 2008. *Sigma n°2/2009*. SwissRe.
- Swiss Re. (2007,1). Pandemic influenza: A 21st century model for mortality shocks. *Technical publishing, life and health*. SwissRe.
- Swiss Re. (2007,2). Pandémies de grippe : Qu'en est-il vraiment ? , *Focus Report*, Swiss Re.
- Swiss Re. (2006,1). Solvabilité II: une approche intégrée des risques pour les assureurs européens. *Sigma : publications de Swiss Re*, n°4, 2006.
- TAUBENBERGER, JK., MORENS, DM. (2006). 1918 Influenza: The mother of all pandemics. *Emerging Infectious Diseases.* **12**(1), 15-22.
- TURBELIN,C., PELAT, C., BOËLLE, PY., LÉVY-BRUHL, D., CARRAT, F., BLANCHON, T., HANSLIK, T. (2009). Early estimates of 2009 pandemic influenza A (H1N1) virus activity in general practice in France: incidence of influenza-like illness and age distribution of reported cases. *Euro Surveill*, **14**(39).

WHO. (2009). WHO guidelines for pandemic preparedness and response in the non health sector. (Geneva, July 2009).

http://www.who.int/csr/disease/influenza/CP045_20090808_WOS_Pandemic_Readiness-FINAL.pdf

WHO. (2005). Avian Influenza: Assessing the pandemic threat.

WILLETS, R. (2005). The facts behind the hype. *The actuary*, December 2005.

BIBLIOGRAPHIE DES DONNEES EPIDEMIOLOGIQUES¹

BONMARIN, I., LEVY-BRUHL, D. (2005). Estimation du nombre hebdomadaire d'admissions et de journées d'hospitalisation lors d'une pandémie grippale. *Institut National de Veille Sanitaire (INVS)*.

http://www.invs.sante.fr/publications/2005/pandemie_grippale_170205/estimation_admissions_pandemie_grippale.pdf

Bulletins hebdomadaires de l'INVS sur les cas humains de grippe A(H1N1) 2009 et de grippe saisonnière.

http://www.invs.sante.fr/display/?doc=surveillance/grippe_dossier/index_h1n1.htm

COHUET, S., AÏT EL-BELGHITI, F., BARBOZA, P., BAUDON, C., CHERIE-CHALLINE, L., DEGAIL, MA et al. (2009). Grippe A(H1N1) 2009 : Les principaux enseignements à l'échelle mondiale après les six premiers mois de la pandémie. *BEHWeb 2009 (3)*. Publication de l'Institut National de Veille Sanitaire.

<http://www.invs.sante.fr/behweb/2009/03/pdf/a-3.pdf>

DOYLE, A., BONMARIN, I., LEVY-BRUHL, D., LE STRAT, Y., DESENCLOS, J-C. (2005). Préparations à la lutte contre une pandémie grippale. *Institut National de Veille Sanitaire (INVS)*.

http://www.invs.sante.fr/publications/2005/pandemie_grippale_170205/estimation_impact_pandemie_grippale.pdf

FUHRMAN C, BONMARIN I, PATY AC, DUPORT N, MAILLES A, HERIDAM, ET AL. (2009). Bilan épidémiologique des premiers cas hospitalisés de grippe A(H1N1)2009 en France au 10 octobre 2009. *BEHWeb 2009 (3)*. Publication de l'Institut National de Veille Sanitaire.

<http://www.invs.sante.fr/behweb/2009/03/pdf/a-4.pdf>

¹ Cette bibliographie concerne les références des données épidémiologiques présentées au niveau des tableaux **Tab.3**, **Tab.4** et **Tab.5**.

GLEZEN, W.P. (1996). Emerging Infections: Pandemic influenza. *Epidemiologic Reviews*. **18** (1). 64-76.

<http://epirev.oxfordjournals.org/cgi/reprint/18/1/64.pdf>

TURBELIN, C., PELAT, C., BOËLLE, P.Y, LÉVY-BRUHL, D, CARRAT, BLANCHON, T., HANSLIK, T. (2009). Early estimates of 2009 pandemic influenza A (H1N1) virus activity in general practice in France: incidence of influenza-like illness and age distribution of reported cases. *Rapid Communication. Euro surveillance*, **14**(39).

<http://www.eurosurveillance.org/images/dynamic/EE/V14N39/art19341.pdf>

