ECOLE NATIONALE DE LA STATISTIQUE ET DE L'ADMINISTRATION ECONOMIQUE
3, avenue Pierre Larousse – 92245 Malakoff CEDEX, FRANCE

Mémoire d'Actuariat – Promotion 2010

Analyse du Risque Catastrophe d'une Pandémie en Assurance Prévoyance par une Approche Épidémiologique

Khouloud MANDHOUJ

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

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

ENCADREMENT : Christian-Yann ROBERT

CORRESPONDANT E.N.S.A.E : Christian-Yann ROBERT

Je dédie ce travail

A mes chers parents à qui je dois la vie : Fouzia et Mohammed El Hédi

A ma sœur Meyssoun et mon frère Khaled

A mon âme sœur : ma tante Nahla

et A toutes les personnes qui m'aiment...

REMERCIMENTS

*J*e tiens à remercier M. Christian-Yann ROBERT, le directeur de ce mémoire, et M. Frédéric PLANCHET, le directeur de ma thèse de doctorat, qui m'ont constamment guidé, soutenu et encouragé. Leurs conseils, leurs remarques constructives, leur expérience et leur confiance m'ont permis de franchir un par un les obstacles qui se dressaient sur mon chemin pour atteindre les objectifs fixés…

*J*e voudrais également remercier M. Tran VIET CHI, le professeur de cours de statistiques pour l'épidémiologie à l'ENSAE, pour ses conseils prolifiques sur l'étude épidémiologique dans ce mémoire.

*J*e me permets d'adresser tous mes respectueux sentiments de gratitude à tout le personnel enseignant et administratif de l'ENSAE.

Enfin,

*J*e tiens à remercier les membres du jury qui ont eu l'amabilité d'accepter de juger ce travail.

SOMMAIRE

INTRODUCTION **6**

PARTIE 1. LE RISQUE CATASTROPHE D'UNE PANDEMIE DE GRIPPE EN ASSURANCE PREVOYANCE **9**

INTRODUCTION **10**

CHAPITRE 1. PRESENTATION GENERALE DES GARANTIES D'ASSURANCE PREVOYANCE ET DU RISQUE CATASTROPHE D'UNE PANDEMIE GRIPPALE **11**

1. Présentation d'un Portefeuille d'Assurance Prévoyance 11
2. Le Risque Catastrophe en Assurance Prévoyance 15
3. Le Risque Catastrophe d'une pandémie de grippe en Assurance Prévoyance 17

CHAPITRE 2. EVALUATION DU RISQUE CATASTROPHE D'UNE PANDEMIE EN ASSURANCE PREVOYANCE DANS LE CADRE DE SOLVABILITE 2 ..... **24**

1. Evolution du contexte réglementaire européen de solvabilité en assurance vie et en assurance santé : De Solvabilité 1 à Solvabilité 2 24
2. Calibration du risque de catastrophe d'une pandémie en assurance prévoyance dans le cadre de Solvabilité 2 29
3. Calibration des corrélations dans l'évaluation de capital de solvabilité du risque catastrophe d'une pandémie de grippe en assurance prévoyance 36

CHAPITRE 3. ANALYSE DES ETUDES ET DES MODELES DE RISQUE D'UNE PANDEMIE GRIPPALE SUR LES GARANTIES D'ASSURANCE PREVOYANCE ET PISTES DE REFLEXIONS **38**

1. Modèles et études de mortalité liée à une pandémie de grippe 38
2. Modèles et études de morbidité liée à une pandémie de grippe 45
3. Analyse des études et des modèles de mortalité et de morbidité liées à une pandémie de grippe et pistes de réflexions 46

CONCLUSION **50**

PARTIE 2. MODELISATION EPIDEMIOLOGIQUE D'UNE PANDEMIE GRIPPALE : FONDEMENTS THEORIQUES **52**

INTRODUCTION **53**

CHAPITRE 1. LE MODELE SEIR STANDARD : UN APERÇU GENERAL **54**

1. Dynamiques d'une maladie de grippe 54
2. Le modèle SEIR standard 55

CHAPITRE 2. LE MODELE SEIR STOCHASTIQUE : CAS DES DONNES PARTIELLES ET PRISE EN COMPTE DE L'HETEROGENEITE **61**

1. Introduction de l'hétérogénéité de la structure sociale de population 61
2. Présentation du modèle SEIR stochastique en présence d'une hétérogénéité de la structure sociale 63
3. Inférence Bayésienne par la méthode MCMC du modèle SEIR stochastique en présence d'une hétérogénéité de la structure sociale 64

CONCLUSION **72**

PARTIE 3. CONSTRUCTION D'UN MODELE INTERNE D'EVALUATION DU RISQUE CATASTROPHE D'UNE PANDEMIE GRIPPALE EN ASSURANCE PREVOYANCE 73

INTRODUCTION 74

CHAPITRE 1. PRESENTATION DES SCENARIOS DE PANDEMIE GRIPPALE 75

1. Considérations générales d'un scénario de pandémie grippale 75
2. Présentation des scénarios de pandémie grippale 78

CHAPITRE 2. MODELISATION DES SCENARIOS DE PANDEMIE GRIPPALE SUR LA POPULATION FRANÇAISE 86

1. Hypothèses et modélisation retenues 86
2. Méthodologie retenue dans l'estimation des modèles épidémiologiques 88
3. Analyse des résultats 99

CHAPITRE 3. MODELISATION DE L'IMPACT D'UNE PANDEMIE GRIPPALE SUR LES GARANTIES PREVOYANCE 112

1. Estimation des paramètres caractérisant les risques de mortalité et de morbidité d'une pandémie grippale 112
2. Evaluation du SCR du risque catastrophe d'une pandémie grippale en assurance prévoyance 129

CONCLUSION 141

CONCLUSION 143

BIBLIOGRAPHIE 147

BIBLIOGRAPHIE DES DONNEES EPIDEMIOLOGIQUES 151

ANNEXE 152

INTRODUCTION

Les risques catastrophiques peuvent provoquer des pertes financières et économiques importantes. Ces catastrophes sont de différentes natures : naturelles (tempêtes, séismes, ...), pandémiques (grippe, ...), technologiques (explosion d'une industrie, ...) ou humaines (terrorisme, ...). C'est au niveau de l'indemnisation et la couverture des risques causés par les catastrophes qu'intervient l'assureur. Historiquement, de nombreux risques catastrophiques ont montré les difficultés financières rencontrées par les assureurs pour pouvoir les couvrir comme par exemple les trois violentes tempêtes de 1999 (*Anatol*, *Lothar* et *Martin*) qui ont causé plus de 10 milliards d'euros de dommages.

En particulier, le risque de catastrophe d'une pandémie grippale a été périodiquement observé dans le temps. Malgré sa rareté, une pandémie de grippe se caractérise par ses effets néfastes à la fois sur la vie et la santé des êtres humains. L'histoire de la grippe espagnole de 1918 est restée vivante dans les esprits avec des millions de décès, des millions de personnes contaminées et des hôpitaux bondés à l'époque. Récemment, la pandémie de la grippe porcine A(H1N1) de 2009-2010 s'est propagée dans la plupart des pays du monde avec des milliers de personnes contaminées. 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.

Pour le secteur de l'assurance prévoyance 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 (*i.e.* la contamination par la maladie et ses effets sur la santé comme l'incapacité et l'hospitalisation) parmi la population assurée entraînerait l'augmentation des prestations à verser pour de nombreux produits prévoyance comme par exemple le décès, l'incapacité temporaire de travail causée par une maladie ou encore les frais de santé. C'est donc le rôle des assureurs prévoyance de quantifier le plus exactement possible les charges supplémentaires que représenterait une éventuelle pandémie.

Dans les directives du futur référentiel de solvabilité « Solvabilité 2 », la Commission Européenne a pris en compte la pandémie grippale comme un module sous jacent pour calibrer le chargement en capital nécessaire à la couverture du risque catastrophe en assurance vie et santé et donc en assurance prévoyance. « Solvabilité 2 » a notamment encouragé les assureurs à utiliser des modèles internes personnalisés pour l'évaluation de ce chargement en capital et qui soient en adéquation avec la réalité économique des risques assurés.

Cependant, les approches de calibrage proposées par « Solvabilité 2 » sont incohérentes entre le risque catastrophe en vie et le risque catastrophe en santé avec pourtant le même sous jacent qu'est une pandémie grippale. De plus, les préconisations de mise en place d'un modèle interne (total ou partiel) sont insuffisantes à l'heure actuelle et ne fournissent aucune orientation précise sur la modélisation de l'impact du risque catastrophe en assurance prévoyance.

De nombreuses études ont développé des modèles afin d'étudier l'impact d'une catastrophe de pandémie grippale en termes de mortalité sur l'assurance vie. Nous pouvons citer à titre d'exemple l'étude de Swiss Re (*cf.* SwissRe (2007,1)). Dans cette étude, SwissRe a développé une modélisation épidémiologique du choc de mortalité causée par une éventuelle pandémie grippale. Malgré sa complexité, l'approche épidémiologique de Swiss Re est actuellement l'approche la plus sophistiquée permettant aux assureurs vie d'intégrer ce choc de mortalité dans leurs modèles internes tout en respectant les exigences de « Solvabilité 2 ». L'étude de Swiss Re a été déjà retenue comme référence par « Solvabilité 2 » pour calibrer le risque catastrophe d'une pandémie grippale en vie.

Des études ont été menées également pour modéliser l'impact d'une pandémie grippale en termes de morbidité que ce soit par des assureurs santé ou par les autorités de veille sanitaire (dans le cadre d'une politique publique de prévention contre une pandémie de grippe).

Malgré la pertinence des modèles de mortalité et de morbidité développés, leurs mises en œuvre restent confidentielles et leurs résultats qui en découlent sont souvent relativement différents d'un modèle à un autre. De plus, même si le modèle de Swiss Re est retenu pour mettre un modèle interne du choc de mortalité *via* une approche épidémiologique, 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 liés à une pandémie grippale.

Dans ce mémoire, nous nous intéressons de plus près aux études existantes actuellement pour modéliser la mortalité et la morbidité engendrées par une pandémie grippale. Une analyse synthétique de ces études permettra de comprendre d'où vient l'hétérogénéité des résultats et de déceler l'incohérence des modèles avec les exigences de « Solvabilité 2 ». La finalité de ce mémoire est également de 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 dans leur modèle interne (total ou partiel).

Ce mémoire s'articule autour de trois parties.

La première partie présente la manière dont est appréhendée le risque catastrophe, en générale, et le risque d'une pandémie grippale, en particulier, en assurance prévoyance. Le contexte actuel d'évaluation de l'impact du risque catastrophe en assurance vie et santé dans « Solvabilité 2 » et une étude synthétique des modèles actuels de mortalité et de morbidité liées à une pandémie grippale seront également présentés. Une attention particulière sera apportée à la modélisation épidémiologique de Swiss Re concernant les chocs de mortalité. Nous mettrons en évidence les hétérogénéités des résultats de ces modèles et leurs incohérences observées avec les exigences réglementaires de « Solvabilité 2 ».

La deuxième partie est consacrée à la présentation théorique du modèle épidémiologique stochastique dite du type SEIR (*Susceptible-Exposed-Infectious-Recovered*) utilisé actuellement pour comprendre la dynamique d'une pandémie de grippe. Nous allons nous intéresser tout particulièrement à une version complexe de ce modèle qui tient compte de l'hétérogénéité dans la structure de la population en incluant à la fois les contacts sociaux et l'âge des individus comme des facteurs de modélisation. Nous mettrons en évidence également la méthode d'estimation de ce modèle par des techniques bayésiennes du type MCMC (*Markov Chain Monte Carlo*).

La troisième partie est l'étude empirique du notre mémoire dont l'objectif est de proposer une évaluation de l'impact d'une pandémie grippale sur les garanties prévoyance dans le cadre d'un modèle interne (total ou partiel). Nous présenterons, tout d'abord, les scénarios de pandémies grippales à retenir et les données associées à chaque scénario. Nous procéderons, ensuite, à la modélisation épidémiologique de ces scénarios sur une population française supposée à structure sociale hétérogène et divisée en classes d'âges. L'estimation de ces scénarios par la méthode MCMC permettra de fournir au final des distributions empiriques des variables caractérisant la dynamique de la maladie dans chaque scénario (*e.g.* durée de la maladie, nombre totale d'infections, ...). Ces distributions permettront d'estimer les paramètres liés aux risques de mortalité et de morbidité d'un scénario bicentenaire d'une pandémie grippale que ce soit sur la population française ou sur une population assurée. A l'aide de ces paramètres, nous proposerons une évaluation du chargement en capital nécessaire à la couverture d'un portefeuille prévoyance (à seule ou à plusieurs garanties) contre le risque catastrophe tout en respectant les exigences réglementaires de Solvabilité 2.

PARTIE 1

LE RISQUE CATASTROPHE D'UNE PANDEMIE DE GRIPPE EN ASSURANCE PREVOYANCE

INTRODUCTION

Une catastrophe de pandémie de grippe touche directement les secteurs d'assurance vie et santé dans le sens où une maladie infectieuse menace la vie des êtres humains et leur santé. De ce fait, une pandémie de grippe peut avoir des effets significatifs sur l'assurance prévoyance qui inclut à la fois des garanties vie et santé.

En 2001, la Commission Européenne a lancé pour le secteur des assurances une réforme de la réglementation européenne, sur les nouvelles normes de solvabilité, dites les directives «Solvabilité 2». Cette réforme a introduit de profonds changements en ce qui concerne la mesure du niveau des fonds propres (ou un chargement en capital de solvabilité) à constituer pour la couverture des risques du passif dont le risque catastrophe fait partie.
Ce nouveau contexte réglementaire illustre donc l'importance cruciale pour les assureurs d'une évaluation correcte du potentiel de pertes inhérent aux risques catastrophes.

La finalité de cette première partie est de présenter le contexte actuel d'évaluation de l'impact du risque catastrophe d'une pandémie grippale en assurance prévoyance.

Nous allons commencer par un premier chapitre présentant l'assurance prévoyance ainsi que le risque catastrophe d'une pandémie grippale. Le deuxième chapitre exposera l'évaluation du risque catastrophe d'une pandémie grippale dans le contexte du futur référentiel de solvabilité «Solvabilité 2». Le troisième chapitre présentera une revue et une analyse des études et modèles actuels du risque catastrophe d'une pandémie grippale en assurance prévoyance.

CHAPITRE 1

PRESENTATION GENERALE DES GARANTIES D'ASSURANCE PREVOYANCE ET DU RISQUE CATASTROPHE D'UNE PANDEMIE GRIPPALE

Le secteur des assurances englobe l'assurance de personnes et l'assurance dommage. L'assurance prévoyance inclut des garanties faisant partie de l'assurance de personnes. Les garanties des contrats de prévoyance couvrent plusieurs risques dont les risques de mortalité et de morbidité font partie. L'un des facteurs déclencheurs de ces risques est le risque catastrophe d'une pandémie de grippe.

Ce chapitre vise à présenter les différentes garanties de l'assurance prévoyance ainsi que le risque catastrophe d'une pandémie de grippe auquel ces garanties peuvent être exposées.

Nous allons commencer par la présentation d'un portefeuille d'assurance prévoyance. Ensuite, nous allons exposer les risques catastrophiques pouvant les toucher. Nous allons nous concentrer enfin sur le risque catastrophe d'une pandémie de grippe tout en précisant ses effets spécifiques sur les garanties prévoyance.

1. Présentation d'un Portefeuille d'Assurance Prévoyance

Selon la Fédération Française des Sociétés d'Assurances (*cf*. FFSA. (2008)), le marché total de l'assurance française en 2008 représentait 183,3 milliards d'euros en termes de cotisations (affaires directes) réparties en 75,6 % pour l'assurance de personnes et en 24,4 % pour l'assurance dommages (ou IARD pour Incendie Accidents et Risques Divers).

L'assurance de personnes désigne tout type d'assurance couvrant les risques qui portent atteinte à la personne, soit dans son intégrité physique, soit dans son existence. Elle englobe ainsi l'assurance vie, l'assurance maladie (ou l'assurance santé), l'assurance accidents corporels, l'assurance dépendance et l'assurance emprunteur.

La figure **Fig.1.1** présente l'ensemble des garanties couvertes par les différents types d'assurance de personnes.

Communément, les assurances de personnes regroupent des garanties relatives à la retraite (*i.e.* garanties de l'assurance en cas de vie), la complémentaire santé (*i.e*. garanties de l'assurance maladie) et la prévoyance (*i.e*. garanties de l'assurance en cas de décès, l'assurance accidents corporels, l'assurance dépendance et l'assurance emprunteur). Notons que nous trouvons parfois une garantie couverte par un type d'assurance de personnes inclus dans un autre type. C'est l'exemple de la garantie frais de santé couverte par l'assurance complémentaire santé mais qui fait partie également des garanties de prévoyance.

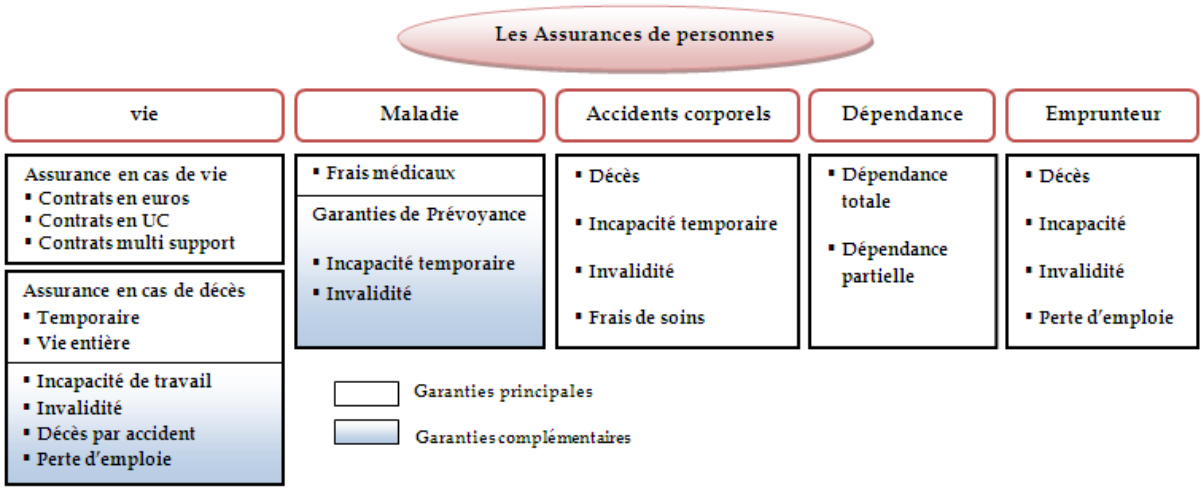


Fig.1.1 Les garanties couvertes par les assurances de personnes

En 2008, le marché d'assurance de personnes représentait 138,5 milliards d'euros en termes de cotisations (affaires directes) dont 18 % en prévoyance et 82 % en épargne retraite. Cette part de l'épargne retraite avait une tendance à la baisse depuis 2007 à cause du contexte économique et financier défavorable (*e.g.* aversion au risque des ménages croissante, baisse du pouvoir d'achat, ...) tandis que les cotisations en prévoyance avaient continué à croître (*cf.* FFSA. (2008)).

Dans le cadre de ce mémoire, nous allons nous intéresser principalement à la prévoyance que nous allons détailler dans ce qui suit en se référant à Molard (2005).

1.1 Les garanties de la Prévoyance

Un portefeuille de prévoyance couvre divers garanties vie et non vie à savoir : le décès, l'arrêt de travail (invalidité et /ou incapacité), frais de santé et la dépendance.

1.1.1 Le décès

La garantie décès permet le versement d'un capital ou d'une rente à un bénéficiaire en cas de décès de l'assuré avant le terme du contrat. Cette garantie peut être souscrite soit pour une durée limitée (cas de la garantie temporaire décès) soit pour toute la vie (cas de la garantie vie entière).

a. La garantie temporaire décès

En cas de décès de l'assuré durant la période de validité du contrat, la garantie temporaire décès prévoit le versement soit d'un capital pour rembourser un emprunt par exemple, soit d'une rente pour financer l'éducation des enfants.

b. La garantie vie entière

Cette garantie est souscrite pour une durée indéterminée et se dénoue à la survenance de décès de l'assuré, quelle qu'en soit la date. Elle prévoit le versement d'un capital ou d'une rente aux bénéficiaires pour assurer l'avenir des proches, pour assurer des revenus à un enfant handicapé, pour financer les obsèques, ...

1.1.2 L'arrêt de travail

En cas d'un arrêt de travail causé par un accident ou une maladie, cette garantie prévoit le versement d'un complément de revenu. Elle regroupe la garantie incapacité temporaire de travail et la garantie invalidité.

a. Garantie Incapacité temporaire de travail

L'incapacité est l'inaptitude temporaire (partielle ou totale) à exercer une activité professionnelle suite à un accident ou à une maladie. Dans ce cas, une indemnité journalière forfaitaire sera versée à l'assuré. Cette indemnité est généralement payable dés le premier jour de la maladie ou de l'accident, mais, il existe, le plus souvent, une durée maximale d'indemnisation.

Si l'incapacité temporaire est supérieure à 1095 jours d'arrêt d'activité consécutifs, elle devient une invalidité.

b. Garantie Invalidité

L'invalidité est la réduction permanente (partielle ou totale) de certaines aptitudes. Il peut s'agir soit d'une invalidité fonctionnelle, soit d'une inaptitude à exercer une activité professionnelle. Cette garantie prévoit le versement d'un capital ou d'une rente en cas d'invalidité permanente, totale ou partielle, consécutive à un accident.

1.1.3 Les frais de santé

La garantie frais de santé est couverte par l'assurance complémentaire santé mais elle fait partie également des garanties de prévoyance. Elle permet le remboursement total ou partiel des dépenses de soins et de biens médicaux suite à un accident ou à une maladie[1]. Parmi les frais de soins garantis, nous pouvons citer : les frais d'hospitalisation médicale ou chirurgicale, le forfait journalier hospitalier, les frais pharmaceutiques, les frais d'analyse et de laboratoire, les consultations et visites de médecins généralistes ou spécialistes, ...

1.1.4 La dépendance

Appelée également la perte totale et irréversible d'autonomie, la dépendance concerne principalement les tranches d'âges élevées qui sont les plus concernées par la perte d'autonomie. Elle se définit par l'impossibilité d'accomplir les actes essentiels de la vie courante sans le recours à un tiers, en raison de l'âge ou d'un handicape.

Cette garantie prévoit le versement d'indemnités sous forme de rente ou de capital en cas de perte d'autonomie.

Les garanties de prévoyance sont gérées par trois acteurs : les régimes obligatoires de sécurité sociale, les organismes complémentaires (sociétés d'assurance, institutions de prévoyance et mutuelles[2]) et les ménages.

En 2008, les dépenses de soins de santé étaient de 171,6 milliards d'euros. 13,9 % de ces dépenses étaient prises en charge par les organismes complémentaires (dont 3,4 % pour les sociétés

[1]Ces dépenses sont non remboursées par le régime obligatoire de sécurité sociale.
[2] Relevant du code de la mutualité.

d'assurance). Les prestations versées au titre des garanties incapacité, invalidité, dépendance et décès étaient de 33 milliards d'euros. 36,9 % de ces prestations étaient à la charge des organismes complémentaires (dont 21,9 % pour les sociétés d'assurance).

Un portefeuille d'assurance prévoyance, géré par une société d'assurance, regroupe plusieurs types de contrats qui différent selon la nature des garanties souscrites. La présentation de ces contrats fait l'objet de paragraphe suivant.

1.2 Les contrats d'Assurance Prévoyance

Un contrat d'assurance prévoyance est un contrat qui couvre diverses garanties. Certaines de ces garanties font partie de l'assurance vie (*i.e*. liées à la durée de vie de l'assuré comme la garantie décès) et d'autres font partie de l'assurance non vie (*i.e* liées à la santé de l'assuré ou à un accident survenu comme les garanties arrêt de travail, frais de santé et dépendance).

Nous distinguons trois types de contrats d'assurance prévoyance à savoir : les contrats classiques de prévoyance individuelle et collective, les contrats d'assurance emprunteur et les contrats d'assurance dépendance.

1.2.1 Les contrats classiques de prévoyance individuelle et collective

Les contrats de prévoyance peuvent se conclure entre un individu et la société d'assurance. Nous parlons dans ce cas des contrats de prévoyance individuelle. Ils peuvent se conclure également à un niveau collectif. Dans ce cas, nous parlons des contrats de prévoyance collective et c'est généralement une entreprise qui souscrit les contrats pour l'ensemble de ses salariés.

Les contrats classiques de prévoyance garantissent le versement d'une ou de plusieurs prestations liées aux garanties décès, arrêt de travail et frais de santé. A titre d'exemple, un contrat classique de prévoyance peut couvrir le décès comme garantie principale et l'incapacité et les frais de soins de santé comme des garanties complémentaires.

1.2.2 Les contrats d'assurance emprunteur

Les établissements de crédit exigent aujourd'hui quasi-systématiquement la souscription d'une assurance pour autoriser l'emprunt. De ce fait, le marché d'assurance emprunteur est un marché qui arrive actuellement à maturité.

L'assurance emprunteur est une assurance temporaire, limitée à la durée du crédit. Elle garantit le versement des prestations suivantes :

- Le paiement du capital restant dû en fonction de la part assurée du crédit en cas de décès et/ou dépendance et/ou invalidité.

- Le paiement des échéances de prêt en fonction de la part assurée du crédit en cas d'invalidité et/ou d'incapacité.

1.2.3 Les contrats d'assurance dépendance

Les contrats d'assurance dépendance, faisant partie des contrats de prévoyance, peuvent être souscrits comme des contrats prévoyance collectifs ou individuels. La dépendance constitue la garantie principale pour ces contrats. Si l'assuré devient dépendant, il perçoit une prestation soit sous forme de rente mensuelle, soit sous forme de capital.

Dans le cadre de ce mémoire, nous allons nous intéresser uniquement aux contrats de prévoyance classique individuels et collectifs. Comme nous l'avons vu, un portefeuille de contrats classiques de prévoyance individuels et collectifs fait intervenir à la fois la garantie décès qui est une garantie vie et les garanties arrêt de travail et frais de soins de santé qui sont des garanties non vie. De ce fait, le risque auquel sera soumis ce portefeuille de prévoyance est double. Il s'agit d'un événement déclencheur du versement des prestations par l'assureur suite au décès de l'assuré et/ou à une maladie (et/ou un accident) lui a été survenue. Parmi ces événements nous citons le risque catastrophe que nous allons présenter dans le paragraphe suivant.

2. Le Risque Catastrophe en Assurance Prévoyance

Couramment, une catastrophe se définit comme « *un événement soudain qui provoque directement des atteintes graves à plusieurs personnes victimes ou à des biens et dont l'origine peut être un phénomène naturel, une intervention humaine ou la combinaison des deux* », (Conseil National de l'aide aux Victimes). Cette définition reste néanmoins très large et médiatique par rapport à la définition donnée en droit des assurances. En effet, l'article 1382 du Code civil précise que « *un événement qualifié ou non de catastrophe peut constituer une catastrophe naturelle, un attentat, un dommage causé par les effets du vent, une calamité agricole ou encore un sinistre d'ampleur exceptionnelle engendrant une indemnisation fondée sur le dommage causé* ». En droit des assurances, une catastrophe ne mérite ce qualitatif, donné par le code civil, qu'à partir du moment où elle génère un coût élevé.

Nous retiendrons donc que du point de vu assurantiel, les catastrophes sont des événements engendrant un coût anormalement élevé pour l'assureur. Dans le cas des garanties classiques de portefeuille prévoyance, les risques catastrophiques seront par conséquent des événements entraînant un nombre anormalement élevé de décès, d'incapacité (et/ou d'invalidité). Certains de ces risques sont contrôlables a priori par les assureurs, d'autres sont incontrôlables.

2.1. Risques Catastrophes contrôlables

Parmi les risques catastrophes contrôlables par les assureurs, nous pouvons citer les comportements à risque et le risque d'auto sélection.

- Les comportements à risque : les conséquences que ce soit en décès, en incapacité (et/ou invalidité) et en frais de santé issues de la pratique des activités dangereuses (*e.g*. Sport aériens, ...) ou des professions dangereuses (*e.g*. militaires, pompiers,...) sont généralement non couvertes par le contrat d'assurance prévoyance.

- Le risque d'auto sélection : L'assuré cherche toujours à maximiser l'utilité de son contrat. Ainsi, certaines personnes en mauvaise santé peuvent être attirées par les garanties proposées dans les contrats de prévoyance classique. Cela peut entraîner une augmentation de la sinistralité du portefeuille de prévoyance. Cependant, ce risque est contrôlable par les assureurs à travers l'imposition d'une sélection médicale à la souscription par exemple.

2.2. Risques Catastrophes incontrôlables

Les risques catastrophes incontrôlables par les assureurs sont particuliers dans la mesure où ils peuvent entraîner un nombre anormalement élevé de décès, d'incapacité et d'invalidité pendant une très courte période. Ces risques peuvent être répertoriés en deux catégories : les risques de concentration (ou les risques liés à un événement) et les risques de masse (ou les risques structurels).

- Les risques de concentration : ce sont principalement les risques engendrant une forte augmentation de la mortalité ou d'incapacité (et/ou d'invalidité) dans un groupe de têtes au sein de la population des assurés du fait de la survenance des catastrophes naturelles (tempêtes, séismes,...), des événements accidentels (crashs d'avions, explosions d'usines, ...) ou d'attaques terroristes.

  Notons qu'en particulier les catastrophes naturelles sont aujourd'hui de plus en plus nombreuses à cause de réchauffement climatique (SwissRe (2003)). Elles se sont devenues également de plus en plus meurtrières à cause d'une forte concentration des individus dans les zones géographiques et d'une urbanisation poussée de certaines zones sujettes à des séismes. Le tableau **Tab.1.1** présente les dégâts humains causés par les dix catastrophes naturelles les plus meurtrières de la période 1970-2008.

Tab.1.1 : Dégâts humains (en nombre de victimes) des dix catastrophes naturelles les plus meurtrières de la période 1970-2008

Victimes[16]	Dommages assurés (en millions USD, aux prix 2008)[17]	Date (début)	Evénement	Pays
300000	–	14.11.1970	Tempête et inondations	Bangladesh, golfe du Bengale
255000	–	28.07.1976	Séisme (M 7,5)	Chine
220000	2280	26.12.2004	Séisme (M_W 9), tsunami dans l'Océan Indien	Indonésie, Thaïlande et al.
138373	–	02.05.2008	Cyclone tropical Nargis ; inondation du delta de l'Irrawaddy	Birmanie (Myanmar), golfe du Bengale
138000	3	29.04.1991	Cyclone tropical Gorky	Bangladesh
87449	366	12.05.2008	Séisme (M_W 7,9) au Sichuan, répliques	Chine
73300	–	08.10.2005	Séisme (M_W 7,6) ; répliques, glissements de terrain	Pakistan, Inde, Afghanistan
66000	–	31.05.1970	Séisme (M 7,7) ; éboulements	Pérou
40000	190	21.06.1990	Séisme (M 7,7) ; glissements de terrain	Iran
35000	–	01.06.2003	Vague de chaleur et sécheresse en Europe	France, Italie, Allemagne et al.

(Source : SwissRe (2009), Catastrophes naturelles et techniques en 2008. Sigma n°2/2009)

- Les risques de masse : la mortalité ou l'incapacité (et/ou l'invalidité) dans la population des assurés augmentent brutalement du fait de facteurs qui touchent indistinctement toutes les catégories de cette population. Un exemple type des risques de masse est le risque d'une pandémie.

  Avant de définir le risque de pandémie, il convient de définir d'abord le risque d'une épidémie.

  Une épidémie est la survenance d'une maladie infectieuse chez un grand nombre de personnes, restant localisée dans l'espace et dans le temps. Toute maladie dans laquelle les agents pathogènes infectieux (généralement des virus ou des bactéries) sont facilement transmissibles, peut être à l'origine d'une épidémie.

  Selon l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS), une pandémie est une épidémie qui doit respecter les critères suivants : elle doit être une maladie infectieuse causée par un agent pathogène[3] nouveau ou qui ne s'est pas manifesté depuis longtemps. L'agent en question touche les humains et entraîne des maladies. De plus, cet agent se propage facilement et de façon soutenue d'un être humain à un autre de telle sorte que la maladie infectieuse atteint un très grand nombre de personnes dans une

[3]Un agent pathogène est un organisme ou micro-organisme pouvant provoquer des maladies d'origine parasitaires ou microbiennes. Plus précisément, le terme agent dans cette utilisation signifie : tout principe ou substance capable de produire un effet biologique et le terme pathogène dans sa généralité signifie : tout micro-organisme pouvant provoquer des maladies. Un agent pathogène peut prendre la forme d'un virus, d'une bactérie, d'un champignon ou de mycoplasme. On retrouve souvent le terme d'un virus hautement pathogène ou d'une bactérie faiblement pathogène, cela est une indication sur leur puissance et leur gravité.

zone géographique très étendue. Notons qu'une maladie ne constitue pas une pandémie du seul fait qu'elle est répondue ou qu'elle entraîne la mort de plusieurs personnes. Elle doit également être infectieuse.

Certes la peste, le choléra, la tuberculose et d'autres agents ont causé des pandémies remarquables et graves dans l'histoire de l'humanité, mais ils sont peu susceptibles d'entraîner une pandémie future parce qu'ils présentent des virus à caractéristiques stables et qu'il existe des antibiotiques ou des vaccins efficaces pour les traiter. Aujourd'hui la grippe (ou l'*influenza*) reste le virus qui présente le plus grand risque d'une pandémie. En effet, les souches de virus de la grippe sont hautement pathogènes et peuvent muter facilement. Elles peuvent créer ainsi un nouveau type de souche contre lequel l'homme n'a pas encore développé de défenses immunitaires et seules des mesures rapides de lutte peuvent limiter sa propagation. En cas d'échec de ces mesures, les assureurs seront largement touchés.

Dans le présent mémoire nous insisterons uniquement sur les pandémies de grippe. Nous allons détailler dans le paragraphe suivant le risque catastrophe d'une pandémie de grippe tout en présentant ses effets spécifiques sur les garanties de l'assurance prévoyance.

3. Le Risque Catastrophe d'une pandémie de grippe en Assurance Prévoyance

Avant de donner une définition à une pandémie de grippe dans notre contexte actuel, il nous a paru intéressant de rappeler la définition de la grippe aviaire.

La grippe aviaire est une infection dûe à un virus qui comprend plusieurs genres (ou types) dont le type A. Celui-ci est divisé en souches (ou sous types) parmi les quelles H5 et H7 (*cf.* **Tab.1.2**).

Tab.1.2 : Caractéristiques des souches H5 et H7 de la grippe aviaire

Period	Region/country	Subtype causing the outbreak
1997	Australia	H7N4
	Hong Kong	H5N1
	Italy	H5N2
1999–2000	Italy	H7N1
2002 onwards	Hong Kong	H5N1
	Chile	H7N3
2003	Netherlands	H7N7
2004	Pakistan	H7N3
	United States	H5N2
	Canada	H7N3
	South Africa	H5N2

(Source : World Health Organisation, (2005))

Cette infection touche principalement les espèces des oiseaux. Lorsque la souche est hautement pathogène, le virus de la grippe aviaire peut parfois être transmis à l'homme par contact direct avec l'espèce infectée comme c'est le cas de la souche H5N1. De toutes les souches qui ont muté vers les humains, celle-ci a entrainé un grand nombre de décès (parmi les infectés) et elle s'est attaquée à l'homme à trois occasions différentes : la première en 1997 quand les 18 premiers cas de la H5N1 ont été déclarés. Aucun autre cas n'a par la suite été déclaré jusqu'en 2003. De 2003 à fin avril 2009, 421 cas

ont été déclarés dans 16 pays du monde. De ce nombre, 257 ont décédé soit donc un pourcentage de mortalité de 61 % parmi les infectés. Bien que l'infection chez l'homme provienne du contact direct avec les oiseaux blessés ou morts, rien n'empêche la possibilité d'une transmission interhumaine directe si le virus se transforme en une variante très contagieuse pour l'homme.

Une pandémie de grippe correspond alors à l'émergence d'une nouvelle souche de grippe facilement transmissible entre les humains. Cette nouvelle souche résulterait d'une éventuelle mutation de la souche H5N1. Le nouveau virus aurait une structure génétique unique contre laquelle la population n'est pas immunisée. De ce fait, une pandémie de grippe a la caractéristique d'être virulente. Elle est caractérisée par :

- La contagiosité (ou la morbidité) : c'est la proportion des personnes contaminées par le virus de pandémie de grippe. A ce titre, nous définissons deux notions : le taux d'attaque et le taux de complication. Le taux d'attaque est le nombre de malades rapporté à la population à la fin d'une pandémie ou d'une vague pandémique. Le taux de complication peut être approché par le taux d'hospitalisation quand celui-ci reflète la prise en charge des cas graves. Il est également nécessaire de caractériser une pandémie par la vitesse de propagation du virus. Cette vitesse mesure le temps nécessaire pour que les personnes susceptibles soient contaminées.

- La virulence (ou la mortalité) : c'est le nombre des personnes qui décèdent à cause de la pandémie. Nous distinguons entre deux notions : le taux de létalité et le taux de surmortalité. Le taux de létalité est le rapport entre le nombre de personnes contaminées qui décéderont de la pandémie et le nombre des personnes contaminées. Le taux de surmortalité est le rapport entre le nombre des personnes décédées à cause de la pandémie et le nombre des personnes décédées à cause de la grippe saisonnière.

- La date d'occurrence : la date qui correspond à la mutation du virus de grippe aviaire (de souche H5N1 ou d'autres souches) sous une forme transmissible entre les humains.

- La durée : une pandémie de grippe pourrait se déclarer en une seule vague ou en plusieurs vagues, d'une durée approximative de six mois. La durée totale d'une pandémie pourrait être en moyenne de 12 à 36 mois.

Les premières épidémies de grippe répertoriées remontent à 412 avant J.C. L'une des premières pandémies de grippe à conséquences graves s'est produite en 1580. Dans les 300 dernières années, 13 pandémies de grippes sont survenues à des intervalles plus ou moins réguliers[4]. Bien que nous ne disposions pas de données détaillées et fiables sur toutes les pandémies historiques, les pandémies de grippe de 20ème siècle ont été caractérisées par une contagiosité plus grave (*cf.* Osterholm (2005) et Patterson (1986)). Ces dernières feront l'objet du paragraphe suivant.

[4] Le lecteur intéressé peut consulter Ghendon (1994) pour une revue complète sur l'historique des pandémies.

3.1. Les pandémies de grippe de 20ème siècle

Le siècle dernier a connu trois pandémies imputables à des souches H1 (grippe espagnole), H2 (grippe asiatique) et H3 (grippe de Hong Kong). En se référant à World Health Organisation (2005), l'impact de ces pandémies sur la vie et la santé de la population est résumé dans le tableau **Tab.1.3** et sera décrit dans ce qui suit[5].

Tab.1.3 : Caractéristiques des pandémies de grippe de 20ème siècle

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

(Source : World Health Organisation, (2005))

3.1.1. La grippe espagnole A(H1N1) : 1918-1919

Cette pandémie a été causée par la souche H1N1 et elle était la plus connue et la plus mortelle. Elle s'est propagée principalement en trois vagues : Une première faible vague au printemps 1918 en Europe et aux Etats-Unis. La deuxième vague était très virulente et meurtrière, elle s'est rapidement propagée dans le monde entier à l'automne 1918. D'autres vagues de moindre intensité ont été enregistrées en 1919 et 1920.

A l'échelle mondiale, environ le tiers de la population a été infecté et a présenté les symptômes cliniques de la maladie. La morbidité était extrêmement élevée et estimée entre 50 % et 70 % de la population mondiale atteinte. Selon les dernières estimations, le nombre total de décès est évalué entre 40 et 50 millions victimes dans le monde. Cette grippe a donc décimé, à l'époque, environ 4 % de la population mondiale.

En Europe, le nombre de décès est estimé à 30 millions dont 408 000 morts en France (avec une morbidité de 60 %).

Par rapport à d'autres pandémies, la grippe espagnole n'était pas particulièrement contagieuse : les taux d'infection ont été estimés à 30 % par vague ce qui est courant dans le cas d'une pandémie. Elle avait toutefois des caractéristiques inhabituelles. Les taux de mortalité étaient élevés par rapport aux vagues de grippes saisonnières normales. La mortalité par groupe d'âges était également assez différente : habituellement, les décès causés par une grippe frappent les enfants et les aînés ce qui correspond à une courbe de mortalité de la forme de « U ». Par contre, la grippe espagnole a tué un nombre très élevé de jeunes adultes et sa courbe de mortalité était de la forme « W » (*cf.* **Fig.1.2**).

[5] Il est évident qu'une pandémie de grippe présente des risques plus sérieux sur l'économie, les actifs financiers, ... et qui sont beaucoup plus complexes à évaluer. Dans ce mémoire, nous nous intéressons uniquement aux effets d'une pandémie de grippe sur la vie et la santé de la population.

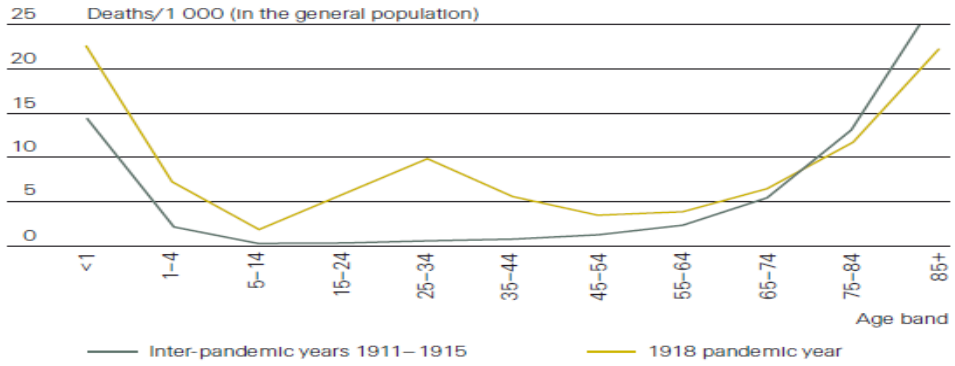


Fig.1.2 : courbe de mortalité de la grippe espagnole (forme W) *vs* courbe de mortalité d'une grippe habituelle saisonnière[6]

D'après certaines théories, le virus de la grippe espagnole proviendrait d'une souche déjà apparue en 1889 (*cf.* Taubenberger et *al.* (2006)). Une partie de la population adulte de 1918 aurait acquis par conséquent une certaine immunité contre le virus de la grippe espagnole. Sans ce degré d'immunisation parmi la population adulte, les effets de la pandémie auraient pu être pires (*cf.* Willets (2005)).

Notons finalement que nombreuses études avaient révélé l'impact dangereux de cette pandémie sur les femmes enceintes. Ces dernières avaient des taux de létalité 10 à 30 fois supérieurs à ceux du reste de la population.

3.1.2. La grippe asiatique A(H2N2) : 1957-1958

La grippe asiatique a été causée par la souche H2N2. Les premiers cas touchés par cette grippe ont été identifiés en Chine en fin février 1957. Elle s'est propagée ensuite dans le monde et atteint les Etats-Unis en juin 1957. A l'échelle mondiale, environ un à deux millions de personnes sont décédées durant cette pandémie. Pendant la première vague en 1957, près de 40 % de décès imputables à la grippe sont survenus chez les moins de 65 ans. Dans la deuxième vague survenue en 1958, les taux de mortalité les plus élevés ont été enregistrés chez les aînés.

La grippe asiatique était d'une ampleur plus faible avec une surmortalité à moins de 10 % de celle de la pandémie de 1918.

3.1.3. La grippe de Hong Kong A(H3N2) : 1968-1969

La grippe de Hong Kong a été causée par la souche H3N2. Elle est apparue en Chine en juillet 1968 et sa propagation dans le monde était similaire à celle de la grippe asiatique. Les taux de mortalité les plus élevés ont été enregistrés dans les pays européens et au Canada. En France, la mortalité est estimée à 18 000 décès (*cf.* Camus et *al.* (2008)).

La surmortalité rattachée à cette pandémie était inférieure à 5 % de celle de la pandémie de 1918. Cela était justifié par le fait que ce virus avait une pathogénie similaire à celle des virus des pandémies antérieures (en particulier le virus de la grippe asiatique). Les personnes âgées ont développé ainsi

[6] Source : SwissRe (2007, 2), courbes basées sur la population américaine donnée dans Taubenberger et *al.* (2006)

une immunité contre la souche H3 ce qui avait entraîné un taux de létalité plus faible chez les aînés par rapport à celui de la grippe asiatique.

Ces pandémies de grippe historiques ont révélé un risque sérieux pour la population que ce soit sur leur vie ou leur santé. Il est évident que d'un côté, si une pandémie de grippe surviendra aujourd'hui elle n'aurait pas la même ampleur grâce à la progression de médecine depuis 1918-1919. Mais d'un autre côté, la mobilité croissante de la population pourrait accélérer considérablement la propagation du virus. Une seule chose restera claire finalement : plus nombreuses sont les personnes atteintes par la maladie et victimes d'une pandémie, plus graves seront les conséquences économiques et assurantielles et en particulier en assurance prévoyance.

Le paragraphe suivant traite les effets spécifiques d'une pandémie de grippe sur les garanties de l'assurance prévoyance.

3.2. Effets spécifiques d'une pandémie de grippe sur les garanties de l'assurance prévoyance

Pour un portefeuille de contrats de prévoyance classique individuelle ou collective, le risque de mortalité rattaché à la garantie décès représente probablement le risque susceptible d'être le plus touché par une pandémie, mais les répercussions possibles sur le risque de morbidité lié aux garanties invalidité, incapacité et frais de santé devraient être prises en compte également.

En se référant aux pandémies de grippes historiques, ce paragraphe vise à introduire le risque de mortalité et le risque de morbidité sans présenter leurs modèles d'évaluation. Une revue des études des organismes actuariels et de réassurance pour évaluer l'impact éventuel d'une pandémie de grippe sur ces risques sera exposée dans le troisième chapitre de la première partie de ce mémoire.

3.2.1. Le risque de mortalité

Malgré l'évidence d'une augmentation des prestations de décès versées en cas de pandémie, l'ampleur de cette augmentation demeure spéculative. Les taux de mortalité de même que leurs distributions par groupe d'âges auraient un effet indéniable sur les montants des prestations décès.

Comme nous l'avons mentionné précédemment, la mortalité liée à la grippe selon l'âge est habituellement en forme de « U », c'est-à-dire un taux de mortalité élevé chez les très jeunes et chez les plus âgés. L'impact ne serait sans doute que très modéré puisque les tranches d'âges touchées ne sont généralement pas des grands consommateurs des garanties d'assurance vie (comme la garantie décès). Ce type de courbe de mortalité est typique de la mortalité causée par la grippe nous affectant annuellement (*i.e.* grippe saisonnière). La courbe de surmortalité d'une pandémie, qui représente la différence entre la mortalité causée par une pandémie de grippe et la mortalité attendue de la grippe saisonnière, peut présenter une courbe différente.

La SOA (Society Of Actuaries) a publié en 2007 une étude donnant une perspective sur la mortalité attribuable à une pandémie (*cf.* Society of Actuaries (2007)). L'étude était basée sur des données historiques des pandémies du 20ème siècle. La courbe de mortalité de la pandémie de grippe de 1918 était inhabituelle en forme de « W », où les classes d'âges intermédiaires étaient les plus affectées. Par contre, la courbe de surmortalité qui découlait de cette pandémie était de la forme de « V\ ». Cela nous montre que les tranches d'âges les plus touchées avaient une surmortalité importante par

rapport aux personnes âgées. Compte tenu que les tranches d'âges intermédiaires incluent un grand nombre de consommateurs des garanties de l'assurance vie, l'impact sur les prestations de la garantie décès serait très élevé. La pandémie de 1957 avait une courbe de surmortalité très différente : une absence de surmortalité à l'âge 0, aucun pic aux âges moyens, mais des niveaux élevés de surmortalité importante à partir de 65 ans. La courbe de surmortalité de la pandémie de 1968 était en forme de « U ».

Face à cette connaissance limitée de l'allure des courbes de surmortalité résultantes d'une pandémie de grippe, l'une des premières hypothèses à formuler au sujet du risque de mortalité porte sur la forme de la courbe de surmortalité. Dans le cas où les contrats prévoyance, incluant la garantie décès, seront répartis par classes d'âges, les prestations prévues engendrées par une pandémie varient sensiblement selon la forme de la courbe de surmortalité par classe d'âges.

3.2.2. Le risque de morbidité

La morbidité est un terme qui décrit le nombre de personnes atteintes par une maladie. Elle est liée à la contagion (*e.g.* plus une maladie est contagieuse, plus sa morbidité est forte) mais elle est liée également à d'autres facteurs comme l'état de santé et les cas hospitalisés.

Nous avons vu que les pandémies historiques avaient été caractérisées par une morbidité très élevée (*e.g.* 70 % dans la pandémie de grippe de 1918). Une pandémie peut accroître, par conséquent, les taux d'incidence de l'incapacité causée par une maladie. Elle peut accroître également les taux d'incidence de l'invalidité pour la population à risque de complication élevée. Cela impliquera une éventuelle augmentation des prestations versées au titre de la garantie arrêt de travail. Puisque cette garantie prévoit le versement d'une indemnité journalière par jour d'incapacité (et/ou d'invalidité), les prestations dépendront des durées d'incapacité (et/ou d'invalidité).

Par ailleurs, la garantie de frais de santé prévoit le versement de prestations ou d'indemnités journalières pour hospitalisation ou le remboursement des frais médicaux découlant de la maladie. Cette garantie peut ainsi être durement touchée par une pandémie.

Conclusion

L'assurance prévoyance fait partie de l'assurance de personne. Elle présente la particularité qu'elle inclut à la fois la garantie décès, faisant partie des garanties de l'assurance vie, et les garanties arrêt de travail (incapacité et invalidité causées par une maladie) et frais de santé, faisant partie des garanties de l'assurance santé. L'examen des pandémies de grippe historiques de 20ème siècle nous a montré qu'une catastrophe de pandémie de grippe pourrait avoir des effets importants sur les secteurs d'assurance vie et santé et donc sur les garanties d'assurance prévoyance. Malgré la rareté d'une pandémie de grippe, rien n'empêche sa survenance dans le futur.

Dans son rapport annuel de 2009, l'OMS a déclaré que toutes les conditions préalables d'une pandémie de grippe chez les êtres humains ont maintenant été réunies, sauf une condition : la souche H5N1 responsable de la grippe aviaire actuellement, n'a toujours pas acquis la capacité de se transmettre entre les humains. Toutefois, l'OMS considère qu'une pandémie pourrait survenir si cette souche subissait une mutation le rendant transmissible entre les humains. C'était récemment le cas de la grippe porcine causée par le virus A(H1N1). Cette grippe était le résultat d'une mutation de la souche H5N1 avec des souches grippales humaine et porcine. Bien que les conséquences humaines et

économiques de la grippe porcine ne fussent pas graves, les experts sont convaincus qu'une prochaine pandémie arrivera inévitablement.

Dans ce contexte, un assureur prévoyance doit se tenir prêt à une éventuelle catastrophe de pandémie de grippe. Il doit répondre ainsi à certains critères de solvabilité afin de faire face à ses engagements envers les assurés en cas d'une catastrophe.

Afin de protéger les assurés et d'établir un calcul de la solvabilité reflétant mieux les risques catastrophiques encourus par les assureurs, le risque catastrophe a été explicité par le législateur européen à travers le référentiel de solvabilité « Solvabilité 2 ».

Le chapitre suivant vise à présenter de quelle manière était appréhendé le risque catastrophe d'une pandémie dans le cadre de « Solvabilité 2 ».

CHAPITRE 2

EVALUATION DU RISQUE CATASTROPHE D'UNE PANDEMIE EN ASSURANCE PREVOYANCE DANS LE CADRE DE SOLVABILITE 2

Une société d'assurance se doit d'être solvable, c'est-à-dire de disposer un niveau de passif (fonds propres et provisions techniques) permettant d'assumer ses engagements vis-à-vis des assurés. L'importance des sommes en jeu a conduit l'Etat à établir des normes permettant le contrôle de la solvabilité des compagnies d'assurance. Ces enjeux ont été repris au niveau européen dans le but d'harmoniser les systèmes des différents Etats membres. Dans cette optique d'harmonisation européenne, la Commission Européenne s'est attachée à établir un système de solvabilité commun. Dans un premier temps, elle a harmonisé les systèmes de marge de solvabilité (Solvabilité 1). Puis elle a commencé à élaborer un référentiel unique dit « Solvabilité 2 » visant à mieux évaluer et intégrer le risque dans les contraintes imposées aux assureurs. Le but est d'assurer un niveau suffisant des fonds propres pour couvrir tous les risques liés à l'activité de la compagnie, en particulier le risque de souscription qui constitue le principal risque de passif en assurance vie et santé.

Comme nous l'avons vu dans le premier chapitre, les garanties d'un contrat de prévoyance classique couvrent à la fois des risques liés à l'assurance vie (la mortalité) et à l'assurance santé (invalidité et incapacité liées à une maladie et frais de santé). Nous avons mis également le point sur les effets spécifiques d'une catastrophe de pandémie de grippe sur ces risques.

Le nouveau contexte réglementaire « Solvabilité 2 » a introduit le risque catastrophe d'une pandémie comme un sous jacent aux risques de souscription vie et santé.

Après avoir rappelé l'évolution du contexte réglementaire de solvabilité en assurance vie et en assurance santé entre les dispositifs « Solvabilité 1 » et « Solvabilité 2 », nous allons présenter les différentes méthodes d'évaluation du risque catastrophe d'une pandémie en assurance prévoyance dans le cadre de « Solvabilité 2 ».

1. Evolution du contexte réglementaire européen de solvabilité en assurance vie et en assurance santé : De Solvabilité 1 à Solvabilité 2

Dans cette partie, nous allons rappeler, d'abord, la réglementation actuelle d'évaluation du risque de passifs en assurance santé et vie dans le cadre de « Solvabilité 1 », puis nous allons présenter le contexte réglementaire de l'évaluation de ce risque dans le cadre de futur référentiel « Solvabilité 2 ».

1.1. Cadre de « Solvabilité 1 »

En Europe, les premières réglementations sur la solvabilité ont été énoncées en 1973 pour le secteur non-vie et en 1979 pour le secteur vie[7]. Elles imposaient aux assureurs de constituer un «matelas» de fonds propres pour faire face aux aléas de leur activité. L'objectif du contrôle de la solvabilité était de permettre aux autorités de contrôle d'identifier en amont les cas problématiques parmi les assureurs et donc de mieux protéger les preneurs d'assurance.
La réglementation sur la solvabilité n'a subi que peu de modifications depuis l'adoption des directives dites « Solvabilité 1 » en février 2002, devenues plus contraignantes depuis 2004. En effet, la législation n'a pas modifié le calcul de solvabilité en assurance non-vie ou vie, se contentant d'ajouter certaines règles relatives aux passifs pour mieux refléter la situation réelle à savoir : la marge de solvabilité réglementaire et le fonds minimum de garantie (*cf.* Commission Européenne [1973,2002]).

Remarque : Dans « Solvabilité 1 », le calcul de solvabilité en assurance santé se fait de la même manière que celui en assurance non vie.

1.1.1 La Marge de Solvabilité Réglementaire (MSR)

La ***MSR*** vise à définir le montant des fonds propres indispensable à l'activité courante de l'entreprise.

En assurance non vie, la marge de solvabilité est calculée en pourcentage des primes émises ou des sinistres. Pour cela, la réglementation exige une dotation à hauteur soit de l'indice de primes, soit de l'indice de sinistres, le plus élevé étant retenu. Ces indices sont calculés à l'aide des formules suivantes:

Indice des primes= [(18%× première tranche de 50 millions EUR de primes brutes) + (16%× primes brutes restantes)] × taux de rétention[8] (50% au minimum)

Indice des sinistres = [(26% ×première tranche de 35 millions EUR de sinistres brutes) + (23% × sinistres brutes restants)] ×taux de rétention

Pour l'assurance vie, l'exigence de marge de solvabilité est calculée à l'aide des formules suivantes :

MSR vie = 4% × provisions mathématiques brutes × taux de rétention en matière de provisions mathématiques[9] + 3‰ ×capital sous risque× taux de rétention en matière de capital sous risque[10]

1.1.2 Fonds Minimum de Garantie

Il permet de garantir la solvabilité exigée qui désigne le niveau des fonds propres auquel l'assureur est tenu de se conformer.

En assurance non-vie et en assurance vie, le fonds minimum de garantie est constitué du tiers de la marge de solvabilité, avec un minimum de 0,2 à 1,4 millions d'euros selon la branche d'activité.

[7] Les exigences de solvabilité ont été définies dans la première directive 73/239/CEE du Conseil pour les assureurs non vie et dans la première directive 79/267/CEE du conseil pour les assureurs vie.
[8] Taux de rétention = sinistres nets (après déduction de réassurances)/ (moyenne des sinistres bruts sur 3 mois).
[9] Taux de rétention en matière de provisions mathématiques=provisions nettes ÷ provisions brutes (85 % minimum).
[10] Taux de rétention en matière de capital sous risque= capital sous risque net ÷ capital sous risque brut (50 % minimum).

En imposant ces règles, « Solvabilité 1 » a conféré des droits d'intervention étendus aux autorités de contrôle des sociétés d'assurance et elle a pu renforcer les contrôles en imposant le respect permanent des exigences de solvabilité pour le passif. Malgré la simplicité et la robustesse de ce dispositif actuel, ses avantages masquent certaines critiques quantitatives et qualitatives.

Sur l'aspect quantitatif, « Solvabilité 1 » ne fait aucune distinction entre les profils du risque des différentes lignes d'activité faisant partie du risque de souscription. En particulier, pour le risque de Catastrophe, aucune méthode n'a été définie et seul le montant souscrit impacte le calcul.

L'aspect qualitatif est complètement négligé dans « Solvabilité 1 ». Cela peut être expliqué notamment par l'absence de surveillance sur le contrôle interne (pistes d'audit, méthodes de gestion,…) et par la non-conformité aux exigences internationales des normes IAS-IFRS[11].

A cause de ces critiques formulées à l'encontre de la réglementation en vigueur, la commission européenne a été amenée à proposer une révision du système régissant actuellement le contrôle de solvabilité dans l'Union Européenne à travers le projet « Solvabilité 2 ».

1.2. Cadre de « Solvabilité 2 »

En 2001, la Commission Européenne a lancé « Solvabilité 2 » afin de revoir le dispositif européen actuel de surveillance prudentielle des compagnies d'assurance. Après le lancement d'une large consultation organisée par le CEIOPS [12] en fin de 2005 et à travers des études d'impact sur le marché (par le biais des QIS [13]), ce projet de directive européenne a été présenté à la commission 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 (*cf.* **Fig.1.3**). 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.

[11] ***IAS*** (*International Accounting Standards*) : c'est l'ancien nom des normes comptables internationales. Les normes comptables internationales développées à partir du 1 Avril 2001 s'appellent ***IFRS*** (*International Financial Reporting Standards*). Certaines IAS ont été remplacées par des ***IFRS***, d'autres sont toujours en vigueur. L'ensemble ***IAS/IFRS*** a été imposé comme cadre comptable par l'UE afin d'harmoniser la présentation et la clarté des états financiers des entreprises cotées.

[12] ***CEIOPS*** (*Committee of European Insurance and Occupational Pensions Supervisors*): c'est le Comité Européen des Contrôleurs d'Assureurs et de Pensions Privées créé par la Commission Européenne en 2003. Son rôle principal consiste à fournir à la Commission une expertise technique concernant les règles, les recommandations et les directives pour le projet Solvabilité 2.

[13] ***QIS*** (*Quantitave Impact Studies*) : Etudes Quantitatives d'Impact.

Fig.1.3 : Les trois Piliers du Projet Solvabilité 2

Ce mémoire est centré uniquement sur les exigences quantitatives, et concerne donc exclusivement le Pilier 1 pour le risque de passif.

En assurance vie et santé, le principal objectif de « Solvabilité 2 » était de fournir aux autorités du contrôle les outils reflétant mieux les risques encourus par les assureurs (que le permettent les critères actuels de « Solvabilité 1 ») et la capacité d'évaluer le passif des sociétés d'assurance. Il a imposé ainsi des règles concernant l'évaluation du niveau des fonds propres et le niveau des provisions techniques (*cf.* **Fig.1.4**).

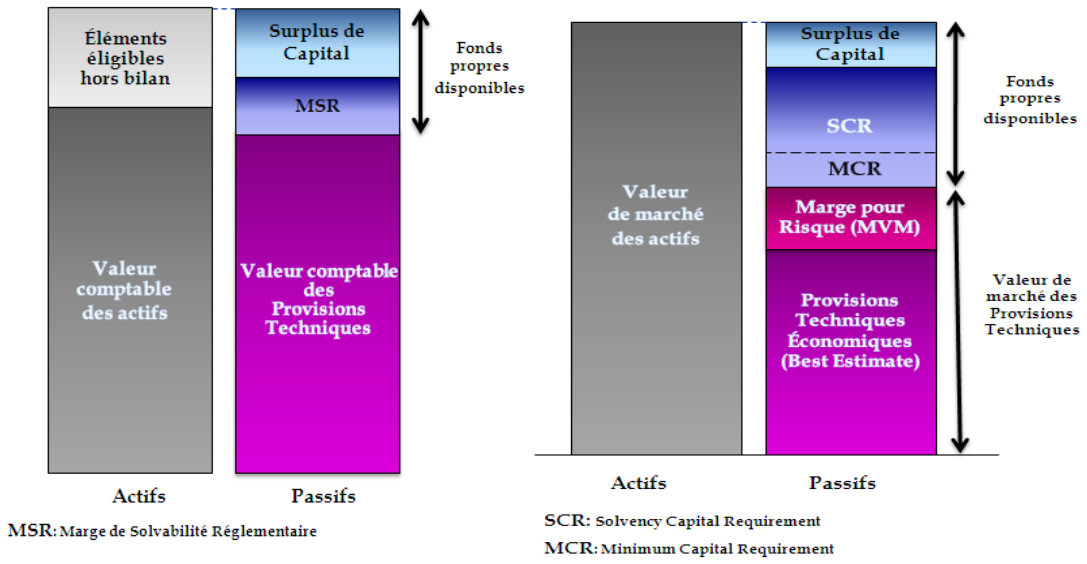


Fig.1.4: Actifs et Passifs de bilan d'une société d'assurance :
Du Solvabilité 1 (*à gauche*) à Solvabilité 2

Nous allons nous intéresser dans ce qui suit aux exigences quantitatives concernant le niveau des fonds propres à savoir : le Capital Minimum de Solvabilité (***MCR*** pour *Minimum Capital Requirement*) et le Capital Requis de Solvabilité (***SCR*** pour *Solvency Capital Requirement*).

1.2.1 Capital Minimum de Solvabilité (MCR)

C'est le niveau du capital au dessous duquel il n'est plus possible pour la compagnie d'assurance d'opérer. Il doit constituer un indicateur simple, robuste, objectif et facile à calculer afin de permettre des évaluations fréquentes et idéalement additives sur les filiales d'un groupe (*cf.* Commission Européenne (2007)).

1.2.2 Capital Requis de Solvabilité (SCR)

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*" (Commission Européenne (2003)). Il s'agit donc du capital nécessaire à la société pour qu'elle soit quasi-certaine de demeurer solvable et de pouvoir poursuivre son activité dans les années futures.

Le SCR 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 adaptée 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 d'impact « le QIS 4 », publiée par le CEIOPS en décembre 2008, précise que le calcul de SCR doit tenir compte des modules de risques suivants (*cf.* **Fig.1.5**) : le risque opérationnel (SCR_{op}), le risque de marché (SCR_{mkt}), le risque de contrepartie (SCR_{df}), le risque de souscription vie (SCR_{life}), le risque de souscription santé (SCR_{health}) et le risque de souscription non-vie (SCR_{nl}).

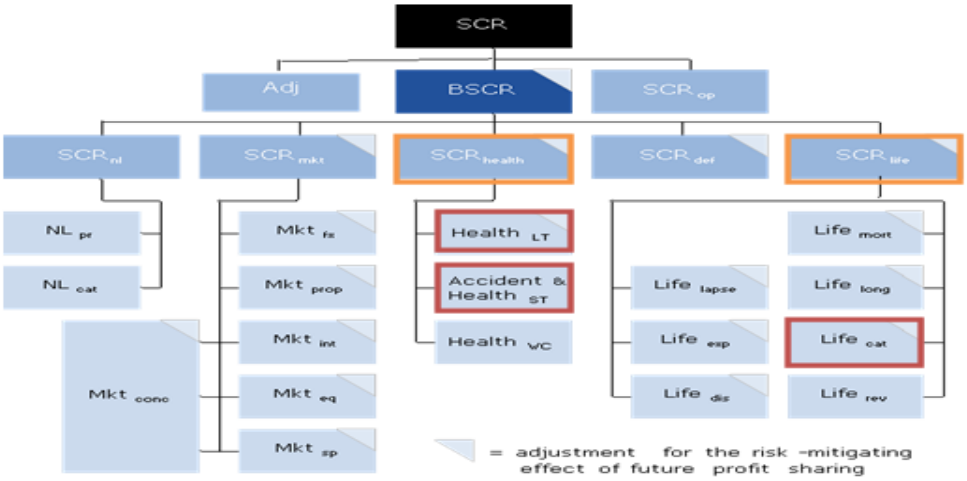


Fig.1.5 : Les risques pris en compte au calcul du SCR dans le QIS4[14]

[14] Source : Ceiops (2008) : Spécifications Techniques du QIS4 (Mars 2008).

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 à travers : le sous module *Health Long Term* (santé long terme) et le sous module *Accident & Health Short Term* (Accident et santé court terme) pour le risque de souscription santé et le sous module *Life Catastrophe* (Catastrophe vie) pour le risque de souscription vie.

Après le lancement de plusieurs *Consultations Papers* (CP) depuis la publication des spécifications techniques du QIS 4, le CEIOPS a publié un « draft » sur les spécifications techniques de la cinquième étude quantitative d'impact «le QIS 5» en début avril 2010. La version finale de ces spécifications techniques sera publiée en juin 2010. Dans ce contexte évolutif, certains changements seront introduits dans l'évaluation du SCR (*cf.* **Fig.1.6**) et en particulier le SCR du risque catastrophe en vie et santé.

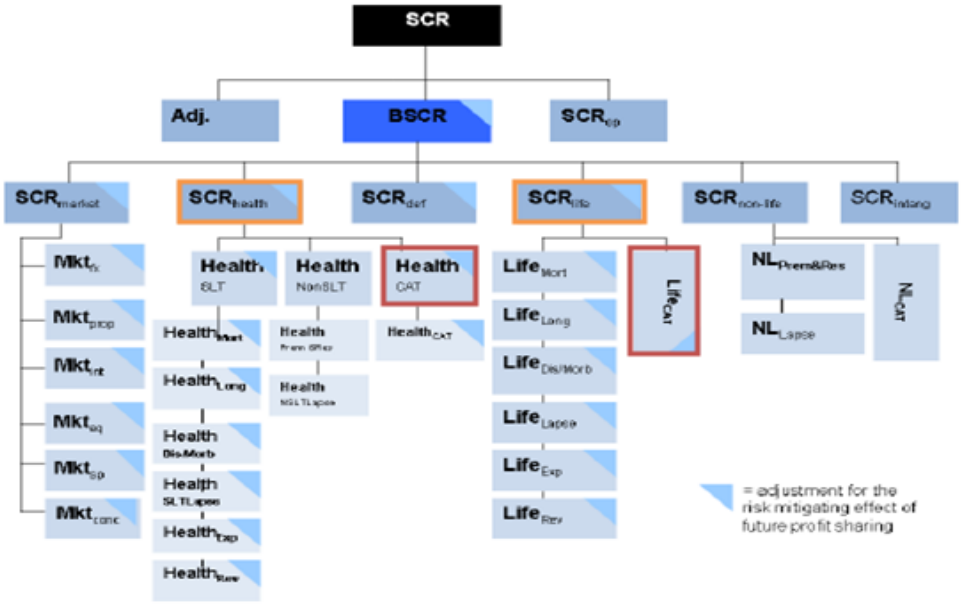


Fig.1.6 : Les risques pris en compte au calcul du SCR dans le « draft » du QIS 5[15]

Dans la suite nous allons nous intéresser à décrire les préconisations du QIS4 pour le risque catastrophe d'une pandémie ayant un impact sur l'activité de l'assurance prévoyance. Nous allons présenter également les changements mentionnés dans les CP et le « draft » du QIS5.

2. Calibration du risque de catastrophe d'une pandémie en assurance prévoyance dans le cadre de « Solvabilité 2 »

En se référant aux spécifications techniques du QIS 4 (*cf.* Ceiops (2008)), les CP et le « draft » des spécifications techniques du QIS 5 (*cf.* Commission Européenne (2010)), nous allons présenter comment le risque catastrophe d'une pandémie a été calibré dans le calcul du capital de solvabilité pour le risque de souscription santé et le risque de souscription vie liés à l'activité de l'assurance prévoyance.

[15] Source : Commission Européenne (2010) : « draft » Technical specifications for QIS 5 (Avril 2010).

2.1 Le risque de souscription santé

Cette partie décrit l'évolution de calibration du risque catastrophe d'une pandémie pour le risque de souscription santé. Nous présentons, d'bord, les spécifications techniques actuelles du QIS 4 et ensuite les règles mentionnées dans le CP n°72 relatif au risque de souscription santé et dans le « draft » des spécifications techniques du QIS 5.

2.1.1 Spécification techniques du QIS4

Le capital de solvabilité lié au module de risque de souscription santé couvre trois sous modules de risque à savoir : *Long Term Health* (santé long terme), *Short Term Accident & Health* (Accident et santé court terme) et *Health Workers Compensation* (accidents du travail).

Le risque catastrophe d'une pandémie a été pris en compte dans le calcul de capital de solvabilité lié aux deux sous modules *Long Term Health* (santé long terme) et *Short Term Accident & Health* (Accident et santé court terme). La Figure **Fig.1.7** nous montre que sa calibration intervient plus précisément dans le calcul du capital de solvabilité de ***risque catastrophe en assurance complémentaire santé*** (*Short Term Catastrophe Accident & Health*) relatif au sous module *Short Term Accident & Health* et dans le capital de solvabilité de ***risque catastrophe en assurance santé au premier euro*** (*Health Accumulation*) relatif au sous module *Long Term Health*.

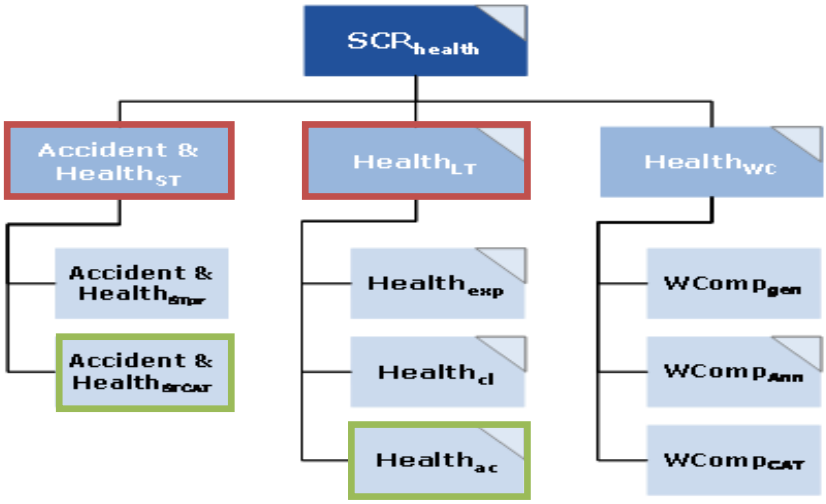


Fig.1.7 : Les risques pris en compte dans le calcul du SCR de risque de souscription santé dans le QIS4 [16]

a. Risque catastrophe en assurance complémentaire santé (*Accident & Health Short Term Catastrophe*)

L'activité de l'assurance complémentaire santé fait partie de *lob* (ou *line of business* ou branche) *Short Term Health*. Cette dernière a récemment migré de module de risque de souscription Non vie (*Non Life*) vers le module de risque de souscription Santé (*Health*) entre le QIS 3 et le QIS 4.

[16] Source : Ceiops (2008) : Spécifications Techniques du QIS4 (Mars 2008).

Les spécifications techniques du QIS 4 précisent que l'évaluation du SCR relatif au risque catastrophe en assurance complémentaire santé sera effectuée de la même manière que celle du SCR catastrophe non vie. Ainsi, trois méthodes sont proposées :

- **Méthode 1 : Formule standard**

  Une formule standard sera appliquée si aucun scénario catastrophe n'est formalisé par l'autorité de contrôle. Cette formule consiste à appliquer un coefficient forfaitaire ***c*** fixé à 10 % sur le montant estimé des primes nettes émises sur l'exercice à venir (noté ***P***):

$$SCR_{Health_{STCAT}} = cP$$

- **Méthode 2 : Scénarios catastrophes régionaux**

  Cette méthode se base sur des scénarios catastrophes régionaux fixés par l'autorité du contrôle du territoire local auquel appartient l'exposition au risque du portefeuille d'assurance (et non pas l'autorité du contrôle de l'assureur). Le CEIOPS a proposé plusieurs scénarios régionaux comprennent des catastrophes naturelles et d'origine humaine. Le scénario d'une pandémie de grippe (eg. Grippe aviaire) figure parmi les scénarios proposés.

  Dans le cas où plusieurs scénarios de pandémie de grippe seront fournies par l'autorité de contrôle, la formule standard précédente sera remplacée par cette formule :

$$SCR_{Health_{STCAT}} = \sqrt{\sum_i CAT_i^2}$$

  Où, CAT_i est le coût de scénario catastrophe de pandémie i qui doit dépasser 25 % du coût du scénario le plus défavorable parmi tous les scénarios de pandémie régionaux possibles.

- **Méthode 3 : Scénarios catastrophes personnalisés (Modèle interne)**

  Si les deux méthodes précédentes semblent peu pertinentes face à l'exposition aux catastrophes de la compagnie, « Solvabilité 2 » a donné la possibilité à la société d'assurance d'utiliser un modèle interne décrit par une troisième méthode basée sur des scénarios catastrophes personnalisés.

  Selon cette méthode, le calcul des scénarios se fait en fonction des risques souscrits et de leur concentration géographique. La société doit expliquer également le mode de sélection des scénarios et les différentes étapes effectuées pour les construire.

  Deux options de bases de données ont été proposées dans le QIS 4 afin de calibrer le modèle interne :

  - Soit une base de survenance. Dans ce cas, les scénarios de catastrophes sont définis sur la base des pertes évaluées suite à la survenance d'un événement CAT NAT. Le $\boldsymbol{SCR_{CAT}}$ est défini par la même formule que la méthode 2.
  - Soit une base annuelle. Dans ce cas, l'assureur doit simuler une série d'événements catastrophiques basée sur l'exposition annuelle du portefeuille au risque Catastrophe considéré (*i.e.* valeurs assurées et non pas les pertes). Le SCR sera estimé par les coûts agrégés issus des scénarios (*e.g.* scénarios sur plusieurs zones géographiques d'un même pays ou scénarios sur plusieurs pays, …). Cette estimation doit être conforme aux exigences de base de « Solvabilité 2 » à savoir un horizon d'un an et une mesure de risque définie par une probabilité de ruine de 0,5 %.

b. Risque catastrophe en assurance santé au premier euro (*Health Accumulation*)

L'activité de l'assurance santé au premier euro fait partie de *lob* « *Long Term Health* ». Cette dernière est pratiquée sur une base technique similaire à celle de l'assurance vie et assortie de restrictions supplémentaires prévues par la législation nationale comme il en existe en Allemagne et en Autriche.

Le risque catastrophe en assurance santé au premier euro est composé de sous modules de risque d'épidémie/d'accumulation en santé (*Health accumulation*). Ce dernier concerne les risques découlant d'épisodes épidémiques importants (*eg*. Une forte épidémie de grippe).

Le chargement en capital au titre de risque d'épidémie/accumulation est calculé comme suit :

$$SCR_{Health_{ac}} = \lambda_{ac} \times claims_{ay} \times \frac{P_{ay}}{MP_{ay}}$$

Avec :

$Claims_{ay}$: Frais de sinistre de l'exercice comptable sur le marché de l'assurance santé.

P_{ay} : Primes brutes acquises sur l'exercice comptable.

MP_{ay} : Total des primes brutes acquises sur l'exercice comptable sur le marché de l'assurance santé.

λ_{ac} : facteur de risque $Health_{ac}$. Ce facteur était fixé à 6,5 %. Pour fixer cette valeur, le CEIOPS s'est basé sur des études menées par une institution responsable du contrôle et de la prévention des maladies en Allemagne. Le but de ces études était d'estimer le pourcentage de la population ayant effectué des consultations médicales ou ayant été hospitalisé suite à une épidémie de grippe de huit semaines avec un taux d'infection de 50 %. Il en résulte que 25 % de la population a consulté un médecin et 0,75 % de la population ont été hospitalisé. Sur la base de ces résultats, le CEIOPS a établi un coefficient de 6,5 %, estimant que le scénario de l'étude est vraisemblable à un quantile à 99,5 % (*i.e.* à un événement de probabilité de survenance de 0,5 % par an, soit de manière équivalente, une période de retour d'une fois tous les deux cents ans). Cela est conforme aux exigences de base de Solvabilité 2 (*cf*. Commission Européenne (2007)).

2.1.2 *Consultation Paper* n°72 et « draft » des spécifications techniques du QIS 5

Le CEIOPS a proposé d'intégrer explicitement le risque CAT dans le risque de souscription santé. En effet, dans le *Consultation Paper* n°72 publié en novembre 2009 et qui concerne la calibration de capital de solvabilité du risque de souscription santé, le CEIOPS a proposé une nouvelle classification des sous modules de risque liés à ce dernier : Le sous module $Health_{SLT}$ (traitant les risques basés sur les mêmes techniques que l'assurance vie) et le sous module $Health_{Non\ SLT}$ (traitant les risques basés sur des techniques différentes à celles de l'assurance vie). Comme le montre la figure **Fig.1.8**, le risque Catastrophe (CAT_{risk}) fait partie des risques de ces deux sous modules.

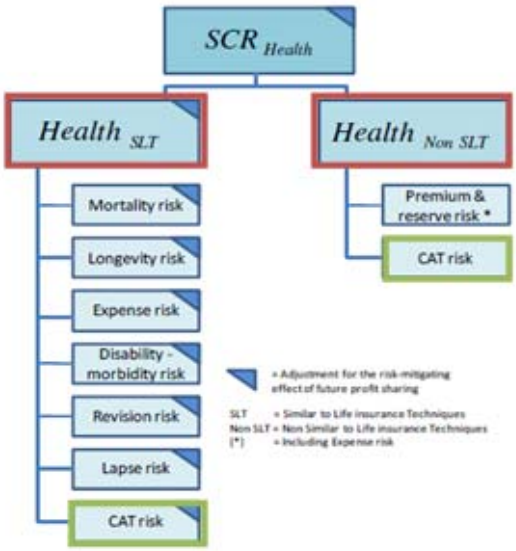


Fig.1.8 : Les risques pris en compte dans le calcul du SCR de risque de souscription santé (CP n°72)[17]

Dans le « draft » des spécifications techniques du QIS 5, le risque catastrophe a été enlevé des sous modules $Health_{SLT}$ et $Health_{Non\ SLT}$ et il était introduit comme un troisième sous module $Health_{CAT}$ du risque de souscription santé (*cf.* **Fig.1.9**).

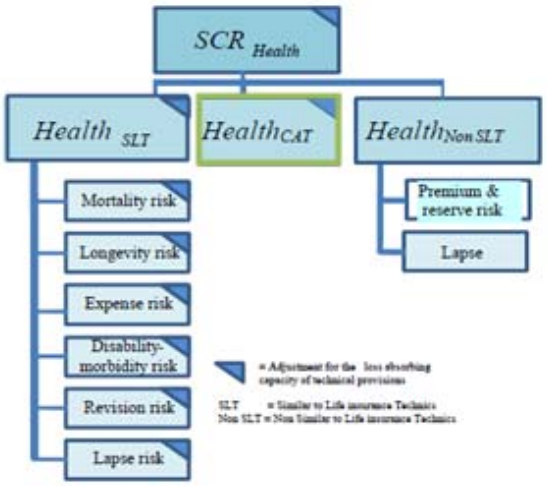


Fig.1.9 : Les risques pris en compte dans le calcul du SCR de risque de souscription santé (draft du QIS5)[18]

Le sous module $Health_{CAT}$ (catastrophe santé) couvre les pertes liées à des scénarios parmi lesquels figure le scénario d'une pandémie.

Le scénario d'une pandémie affecte les garanties invalidité et incapacité (partielles ou totales) qu'elles soient souscrites comme des garanties principales ou souscrites comme des garanties auxiliaires dans un contrat d'assurance (*e.g.* un contrat de prévoyance).

[17] Source : Commission Européenne (2009,1) : *Consultation Paper* n°72 (Novembre 2009).
[18] Source : Commission Européenne (2010) : « draft » Technical specifications for QIS 5 (Avril 2010).

Le chargement de capital relatif au risque catastrophe d'un scénario de pandémie est estimé par :

$$CAT_{PAND} = \sum^{STATES} CAT_{PAN_STATE}$$

avec :

$$CAT_{PAN_STATE} = \sum^{products} E_p$$

R : est la proportion des vies humaines affectées par la pandémie. Elle est estimée à 0,0075 %.

E_p : est une mesure d'exposition. C'est la moyenne des sommes assurées par type de contrat d'assurance souscrit et en prenant en compte certaines considérations (*e.g.* dans le cas où les sommes des payements des garanties d'invalidité et d'incapacité ne sont pas clos, la mesure d'exposition correspond à la valeur actualisée des payements futurs au titre de ces garanties jusqu'à l'échéance du contrat ou le décès de l'assuré).

2.2 Le risque de souscription vie

Le module de risque de souscription vie concerne le risque résultant de la souscription de contrats d'assurance vie. Il est composé de risques biométriques (risque de mortalité, risque de longévité et risque d'invalidité/de morbidité), du risque de rachat, du risque de dépenses, du risque de révision et du risque de catastrophe.

Les risques de catastrophe en vie traitent à des événements extrêmes ou irréguliers (*e.g.* une pandémie, incendie, séisme, ...) qui ne sont pas suffisamment pris en compte par les chargements en capital des autres sous-modules du risque de souscription vie. Pour calibrer le risque catastrophe en assurance vie, le CEIOPS a retenu dans le QIS 4 une démarche consiste à l'assimiler au risque de pandémie de grippe en estimant 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 vie est calculé comme suit :

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

Avec :

ΔNAV : est la variation d'actif net.

lifeCAT 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.

Le QIS 4 propose également une formule simplifiée. La formule suivante peut être appliquée à titre de simplification pour le sous-module Risque de catastrophe en vie : les données sont nécessaires pour

chaque police pour laquelle le versement des prestations (sous forme de capital ou de rente) est subordonné à la mortalité ou à l'invalidité :

$$SCR_{Life_{CAT}} = \sum_i 0{,}0015 \times Capital_at_Risk_i$$

où l'indice *i* dénote chaque police pour laquelle le paiement de prestations (sous forme de capital ou de rente) est subordonné à la mortalité ou à l'invalidité et où $Capital_at_Risk_i$ est déterminé comme suit :

$$Capital_at_Risk_i = SA_i + AB_i \times Annuity_factor - TP_i$$

Avec :

TP_i = Provision technique (nette de réassurance) pour chaque police *i*

SA_i = Pour chaque police *i* : somme assurée (nette de réassurance) au décès ou à l'invalidité lorsque les prestations sont dues sous forme de capital. Autrement, zéro.

AB_i = Pour chaque police *i* : montant annualisé des prestations (net de réassurance) dues au décès ou à l'invalidité lorsque les prestations ne sont pas dues sous forme de capital. Sinon, zéro.

Annuity_factor = Facteur de rente moyen pour la durée de versement des prestations attendue en cas de sinistre.

Comme nous le pouvons remarquer, le QIS 4 a fixé un niveau de choc de surmortalité de 1,5 pour mille (*i.e.* un taux de surmortalité de 0,15 %) dans le scénario catastrophe d'une pandémie de grippe. Pour fixer ce coefficient de 1,5 pour mille, le CEIOPS s'est basé sur les données historiques de pandémie de grippe espagnole de 1918. Selon le CEIOPS, le taux de surmortalité moyen en Europe était estimé à 0,5 % suite à cette pandémie. En imaginant un scénario de pandémie selon lequel le virus de la grippe aviaire H5N1 pourrait subir une mutation et se transformerait en un virus beaucoup plus dangereux pour les humains, le CEIOPS propose de retenir le même impact de pandémie de grippe de 1918 sur la surmortalité issue de ce scénario. Néanmoins, le CEIOPS a réduit le taux de surmortalité de 0,5 % à 0,15 % en prenant en compte le développement en médecine depuis 1918[19].

Dans le Consultation Paper n°49 publié en octobre 2009 et qui concerne la calibration de capital de solvabilité de risque de souscription vie, le CEIOPS a proposé d'enlever le risque catastrophe lié à l'invalidité et d'augmenter le niveau de choc de surmortalité de 1,5 pour mille à 2,5 pour mille (*cf.* Commission Européenne (2009,2)).

Toutefois, le « draft » des spécifications techniques du QIS 5 a retenu exactement la même calibration décrite dans le QIS 4. Ainsi, le niveau de choc de surmortalité de 1,5 pour mille sera maintenu.

[19] L'estimation de ce taux de 0,15 % était basée 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 de pandémie ayant une période de retour de deux cent ans. Cette étude sera présentée plus en détail dans le chapitre suivant.

3. Calibration des corrélations dans l'évaluation de capital de solvabilité du risque catastrophe d'une pandémie de grippe en assurance prévoyance

Comme nous l'avons vu précédemment, le QIS 4 a intégré le risque Catastrophe d'une pandémie de grippe au niveau de risque de souscription vie et de risque de souscription santé.

Pour le risque de souscription santé, la calibration du risque catastrophe d'une pandémie a été prise en compte au niveau des modules de risque :

- *Short Term Health* à travers le sous module : Risque catastrophe en assurance complémentaire santé (*Accident & Health Short Term Catastrophe*).

- *Long Term Health* à travers le sous module Risque catastrophe en assurance santé au premier euro (*Health Accumulation*).

En ce qui concerne le risque de souscription vie, la calibration du risque catastrophe d'une pandémie a été prise en compte au niveau de module Risque Catastrophe vie ($life_{CAT}$).

Pou calculer le chargement de capital de solvabilité global (et/ou par module de risque), le QIS 4 a supposé une structure de dépendance gaussienne entre les modules (et/ou sous modules) avec des corrélations fixées. Concernant l'assurance vie et l'assurance santé qui nous intéressent, un coefficient de corrélation global de 0,25 était fixé entre le risque de souscription vie et le risque de souscription santé, alors qu'un coefficient de corrélation nul était fixé entre les modules *Short Term Health* et *Long Term Health*. Par contre, le QIS 4 n'a fournit aucune précision sur la structure de dépendance sous jacente que ce soit entre les sous modules *Accident & Health Short Term Catastrophe* et *Health Accumulation* ou entre chacun de ces deux sous module et le module $life_{CAT.}$ La dépendance qui peut exister entre les modules de risque de souscription santé et risque de souscription vie en présence de risque catastrophe d'une pandémie a été ainsi omise.

Concernant le QIS 5, la calibration du risque catastrophe d'une pandémie a été prise en compte à travers le sous module $Health_{CAT}$ pour le risque de souscription santé et le sous module $life_{CAT}$ pour le risque de souscription vie. Aucune corrélation n'a été spécifiée pour ces deux sous modules.

Conclusion

Le référentiel européen de solvabilité « Solvabilité 2 » a introduit des changements importants dans l'évaluation du passif. Cette évaluation doit refléter au final tous les risques sous jacents aux activités des assureurs dont le risque de catastrophe d'une pandémie grippale fait partie.

Le risque de souscription vie et le risque de souscription santé sont les principaux risques de passifs en assurance prévoyance. « Solvabilité 2 » a intégré le risque catastrophe d'une pandémie de grippe comme un sous jacent à ces deux risques de souscription.

Au niveau du risque de souscription santé, le chargement de capital retenu actuellement dans le QIS 4 pour couvrir le risque catastrophe d'une pandémie est calibré pour deux modules de risque. En effet, ce capital est calibré comme celui de risque catastrophe non vie en module assurance complémentaire santé (qui couvre la garantie frais de santé), alors qu'il a été calibré à l'aide d'un facteur de risque, prenant en compte des chocs sur les frais de consultation et d'hospitalisation suite à une épidémie, en

module assurance santé au premier euros. La calibration actuelle du risque catastrophe d'une pandémie sera modifiée dans le QIS 5 qui sera retenu en fin juin 2010. Le scénario d'une pandémie sera intégré uniquement dans un nouveau sous module « catastrophe santé » pour le risque de souscription santé.

Concernant le risque de souscription vie, le capital de solvabilité au titre d'une catastrophe de pandémie grippale est calibré à partir des chocs de surmortalité et d'invalidité issus des études actuarielles sur des scénarios de pandémie historiques.

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

Nous ajoutons à ce qui se précède que les autorités du contrôle autorisent les assureurs vie et santé à utiliser leur propre modèle interne (total ou partiel) pour l'évaluation de l'impact d'une pandémie de grippe. Au contraire des formules standards fournies dans le QIS 4, 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.

Dans ce contexte, plusieurs études récentes ont été menées afin de mieux calibrer le risque catastrophe d'une pandémie grippale en assurance vie et santé. Une analyse de ces études fait l'objet de chapitre suivant.

CHAPITRE 3

ANALYSE DES ETUDES ET DES MODELES DE RISQUE D'UNE PANDEMIE GRIPPALE SUR LES GARANTIES D'ASSURANCE PREVOYANCE ET PISTES DE REFLEXIONS

Suite au passage aux exigences de solvabilité visant à bien quantifier le capital de couverture d'une pandémie de grippe *via* une formule standard ou un modèle interne, les autorités du contrôle s'intéressent de plus en plus à l'utilisation d'un modèle interne (total ou partiel).

Dans le même temps, le secteur de l'assurance prévoyance a pris conscience de la menace d'une pandémie de grippe et ses effets importants sur le coût des prestations supplémentaires des garanties vie et santé.

Au vu de ces développements, plusieurs organismes (actuariels, d'assurance et de réassurance, sanitaires, ...) ont mis récemment au point des modèles sophistiqués visant à améliorer le niveau de compréhension des conséquences potentielles d'une pandémie sur des risques touchant les garanties vie (*i.e*. Risque de mortalité) et santé (*i.e*. Risque de morbidité).

Le présent chapitre fournit une présentation de ces études et modèles ainsi qu'une analyse de leurs principaux résultats. A l'issue de cette analyse, nous allons essayer de dégager quelques pistes de réflexion susceptibles d'améliorer la modélisation actuelle du risque d'une pandémie grippale sur les garanties prévoyance.

Les études et modèles présentés dans ce chapitre ne constituent pas une liste exhaustive de tous les modèles et études disponibles à ce jour.

1. Modèles et études de la mortalité liée à une pandémie de grippe

Plusieurs études ont été faites récemment pour étudier les impacts d'une pandémie de grippe sur la mortalité. Certaines de ces études sont présentées dans le tableau **Tab.1.4**, puis décrites par la suite.

Tab.1.4 : Hypothèses et résultats des études de mortalité liée à une pandémie de grippe

Auteur (Année)	Hypothèses du modèle			Taux de surmortalité par 1000			
	Scénario	Forme de la courbe de mortalité	Ratio de mortalité assurés / population générale	Population générale	Population assurée		
				Nombre	Portefeuille	Nombre	Montant
SOA (2007)	Modéré (1957)	U	57,1%	0,70	Indiv. E-U	0,45	0,30
					Coll. E-U	0,32	0,27
					Total E-U	0,38	0,29
	Grave (1918)	V\	76,9%	6,50	Indiv. E-U	4,38	5,22
					Coll. E-U	5,19	5,46
					Total E-U	4,79	5,31
Gen Re (2007)	Grippe Espagnole (1918)	W	100%	6,40	Allemagne	4,6	5,1
GCAE (2006)	« Pire éventualité »	Plate	60%	2,50	Europe	1,5	1,5
Swiss Re (2007)	99e percentile	Multiple	100%		Canada	0,3	
					Etats-Unis	0,6	
					Chine	1,0	
					Inde	1,3	
	99,5e percentile	Multiple	100%		Canada	0,7	
					Etats-Unis	1,0	
					Chine	1,7	
					Inde	2,5	
Mutualité Française (2008)	Faible	Multiple		2,20	France		
	Moyen	Multiple		3,50	France		
	Grave	Multiple		5,00	France		
INVS (2005)		Multiple		3,50	France		

1.1. Gen Re (2007) – Pandémie de grippe : Impact sur un portefeuille d'assurance vie

En novembre 2007, la société de réassurance allemande « Gen Re » a élaboré un modèle pour évaluer et analyser le coût des prestations supplémentaires dans un portefeuille d'assurance vie (allemand) suite à une pandémie (*cf.* Stracke (2007)). Le modèle est calibré à partir d'une base de données américaine provenant de la pandémie de grippe espagnole (1918). L'estimation des taux d'infection et des taux de létalité est faite par groupe d'âges de dix ans pour chacune des trois vagues modélisées dans ce scénario de pandémie[20]. Ces estimations sont appliquées ensuite à la répartition par âges de la population allemande et à un portefeuille d'assurance vie « type ». Le modèle fournit au final une estimation de la hausse du taux de mortalité parmi les vies assurées (pondérée par le nombre d'assurés et la somme assurée). Les résultats obtenus par GenRe sont semblables à une étude de la SOA (Society Of Actuaries, mai 2007) sur l'impact possible d'une pandémie de grippe sur l'industrie américaine de l'assurance vie. Il nous semble important de rappeler d'abord l'étude de la SOA ainsi que ses principaux résultats. Les résultats de GenRe seront présentés par la suite tout en les comparant avec ceux de la SOA.

[20] Les taux d'infection et les taux de létalité pour la première vague et la troisième vague ont été supposés identiques.

1.1.1. SOA (2007) – Etude de l'impact possible d'une pandémie de grippe sur l'industrie américaine de l'assurance-vie

En mai 2007, la SOA a publié une étude sur les effets financiers de divers scénarios d'une pandémie de grippe sur le secteur de l'assurance vie aux Etats-Unis. Cette étude a été faite par groupes d'âges de cinq ans. Elle a utilisé deux scénarios différents dont la calibration était fondée sur la planification de gouvernement américain pour une éventuelle pandémie de grippe :

- Un scénario modéré de pandémie de grippe asiatique (1957).
- Un scénario grave de pandémie de grippe espagnole (1918).

Les hypothèses de ces deux scénarios (taux de surmortalité de la population générale, forme de la courbe de mortalité, ratio de mortalité des assurés par rapport à la population générale) sont présentées au tableau **Tab.1.4**.

Les résultats obtenus dans chacun de ces deux scénarios différent selon les contrats vie souscrits du portefeuille assuré (individuels ou collectifs) et selon la surmortalité (en nombre) comparativement au montant engendré par cette surmortalité. En effet :

- La surmortalité attribuable à une pandémie est plus élevée pour les contrats vie collectifs par rapport aux contrats vie individuels pour le scénario grave et vice versa pour le scénario modéré. Cette différence s'explique par la forme de courbe de surmortalité associée à chaque scénario. Prenons par exemple le scénario grave. Ce scénario en forme de « V\ » affecte plus la population la plus jeune que le scénario modéré en forme de « U ». Or les contrats vie collectifs sont souscrits par une population plus jeune que la population des contrats vie individuels. Ainsi, le scénario grave affecte relativement d'avantage les contrats vie collectifs.
- La surmortalité attribuable à une pandémie est plus élevée pour le montant que pour le nombre dans le scénario grave et vice versa dans le scénario modéré. Cette différence s'explique également par la forme de courbe de surmortalité associée à chaque scénario. Restons toujours dans l'exemple d'un scénario grave dont la courbe de surmortalité est en forme de « V\ ». Ce scénario affecte plus la population la plus jeune, or les contrats à sommes assurées très élevées sont relativement plus récents et caractérisés par des souscripteurs beaucoup plus jeunes que les contrats anciens. Ainsi, le scénario grave touche plus les résultats de surmortalité selon le montant que le nombre.

1.1.2. Résultats du modèle de Gen Re : comparaison avec les résultats de la SOA

Comme nous l'avons déjà mentionné, les résultats du modèle de Gen Re sont semblables aux résultats de scénario d'une pandémie grave de 1918 de l'étude de la SOA. La différence entre les deux études réside dans leurs hypothèses sous jacentes pour calibrer le scénario de pandémie. En voici les principales différences: Gen Re utilise des groupes d'âges de dix ans alors que la SOA a utilisé des groupes d'âges de cinq ans. De plus, Gen Re a utilisé une courbe de mortalité de forme « W » semblable à la pandémie de 1918 et qui inclut tous les décès attribuables à la grippe alors que la SOA a utilisé une courbe de surmortalité de forme « V\ » semblable à la pandémie de 1918 et qui inclut seulement les décès supplémentaires imputables à la pandémie. Malgré cette différence entre les deux courbes, elles ont été calibrées pour donner le même taux de surmortalité de 0,65 % dans la population globale. Finalement, Gen Re suppose qu'il n'existe aucune différence au niveau de la mortalité attribuable à la pandémie entre la population globale et la population des assurés (*i.e.* un ratio de population assurée à la population globale de 100 %). Cette hypothèse lui a permis de construire un portefeuille d'assurance vie « type » sur la base duquel les résultats sur les assurés ont été fournis. Pour la SOA, leurs résultats sont basés sur un portefeuille d'assurance vie réel, c'est pour cela qu'il y avait une différence au niveau de la mortalité liée à la pandémie entre la population globale et la population des assurés.

1.2. GCAE (2006) – Réflexions actuarielles sur le risque de pandémie et ses conséquences

En mai 2006, un groupe de travail composé de représentants du Groupe Consultatif Actuariel Européen (GCAE) et de la Commission Européenne a présenté un document renfermant des réflexions sur l'effet possible d'une pandémie de grippe sur le secteur des assurances.

De point de vu théorique, ce groupe de travail a supposé que la probabilité de survenance d'une pandémie de grippe au cours de n'importe quelle période de dix ans est d'environ 30 %. Il a considéré en outre un taux de surmortalité de 0,25 % dans la population européenne globale (soit 1,1 millions de décès). Ce taux était retenu par la plupart des gouvernements européens comme le taux de surmortalité résultant du pire scénario d'une éventuelle pandémie. Le groupe de travail a supposé également que la mortalité de la population assurée correspond à 60 % de la mortalité de la population globale. La surmortalité pour un portefeuille d'assurance européen est estimée ainsi à 0,15%.

Remarque : En plus de l'impact sur la mortalité, le groupe de travail a étudié l'impact d'une pandémie de grippe sur le risque de morbidité. Il a estimé un taux d'infection entre 25 % et 30 % (soit 110 millions à 140 millions de contaminés en Europe pour une vague de deux mois d'une éventuelle pandémie).

1.3. Swiss Re (2007) – Pandémie de grippe : Modèle du XXIe siècle pour les chocs de mortalité

En Juillet 2007, Swiss Re a publié une étude sur les pandémies de grippe, décrivant un modèle épidémiologique[21] complexe mis au point par la société et présentant les principaux résultats issus de ce modèle.

Avant de décrire le modèle de Swiss Re, nous allons présenter brièvement quelles que analyses pertinentes mentionnées dans l'étude.

L'étude a présenté un recensement des pandémies historiques entre les années 1700 et 2000. Durant ces 300 années, dix à treize pandémies graves ont eu lieu dans le monde, à des intervalles de temps très irréguliers. Cette fréquence historique a montré que la probabilité annuelle de survenance d'une éventuelle pandémie grave est comprise entre 3 % et 4 %. L'impact des pandémies historiques sur la mortalité était régulier à l'exception de celui de pandémie de grippe espagnole (1918). Cette dernière a décimé elle seule environ 4 % de la population mondiale à l'époque et elle était la plus grave parmi toutes les pandémies enregistrées pendant le 20ème siècle.

L'étude expose également la situation actuelle concernant les préparations des organisations sanitaires nationales et internationales. Ces dernières ont construit des stratégies et des plans de réaction contre une éventuelle pandémie de grippe. Ajoutons à cela que le développement en médecine et l'amélioration de l'hygiène ont éliminé certaines causes historiques des maladies infectieuses.

Swiss Re fournit une description de la grippe aviaire[22]. Une analyse des effets de cette grippe sur l'homme montre qu'aujourd'hui le vaccin est le seul moyen préventif efficace permettant d'éviter la contamination des personnes à risque par une grippe. Toutefois, Swiss Re précise que la capacité de production des vaccins contre un nouveau virus de grippe inconnu serait insuffisante en cas de nécessité de vaccination massive au début d'une pandémie de grippe.

En outre, une pandémie causée par la souche H5N1 de la grippe aviaire semble avoir les conséquences les plus graves si la souche mute et devient transmissible entre les êtres humains. Sachant que cette souche n'a jamais provoqué de pandémie de grippe humaine, il est bien possible qu'elle ne puisse jamais le faire mais le modèle de Swiss Re tient compte d'une telle évolution.

---

[21] Une présentation détaillée de la modélisation épidémiologique d'une épidémie grippale fera l'objet de la deuxième partie de ce mémoire.

[22] *Cf.* le premier chapitre de cette partie.

Le modèle de Swiss Re est très différent et bien plus complexe que les autres modèles de mortalité abordés précédemment. De plus, ce modèle présente un grand intérêt pour les assureurs désireux d'intégrer une hypothèse d'un choc de mortalité dans leurs propres modèles internes tout en respectant les exigences de « Solvabilité 2 ».
Nous allons décrire dans ce qui suit le fonctionnement de modèle de Swiss Re ainsi que ses principaux résultats. Nous notons que cette partie reste descriptive étant donné que Swiss Re n'a pas communiqué les détails de son modèle.

1.3.1. Principe de fonctionnement du modèle de Swiss Re

Le modèle de Swiss Re permet de simuler plusieurs milliers de pandémies hypothétiques et de générer pour chaque simulation une estimation de la surmortalité qui en résulterait.
Chaque simulation de scénario de pandémie se base sur des réalisations de deux variables aléatoires : « le taux de létalité » à partir d'une distribution LogNormale et « le taux de reproduction » (qui désigne le nombre moyen de personnes pourraient être contaminées par une autre personne porteuse du virus au début de la pandémie) à partir d'une distribution de Pareto Généralisée. Les distributions de ces deux variables ont été calibrées à partir d'une pondération des données des pandémies historiques du 20ème siècle aux Etats-Unis. Le poids accordé à la grippe espagnole (1918) est réduit en diminuant l'impact de cette pandémie sur les taux de létalité et les taux de reproduction par rapport à celui constaté réellement en 1918. Swiss Re a justifié ce choix par plusieurs changements (démographiques, médicales, ...) depuis 1918 qui ont réduit l'impact pouvant l'avoir le virus de la grippe espagnole de 1918 dans nos jours. Parmi ces changements, nous citons :
- Le changement de la structure de population : la population est plus âgée qu'en 1918 ; les seniors sont moins contagieux que les sujets jeunes, ...
- Le développement en médecine : les antibiotiques sont disponibles maintenant pour traiter les complications (*e.g.* La découverte de pénicilline en 1928), le progrès rapide des recherches en virologie (*e.g.* isolation de virus de grippe pour la première fois en 1933), les vaccins antigrippaux sont disponibles depuis 1950, ...

En plus de la simulation de ces deux variables aléatoires, le modèle prend pour facteurs les différentes caractéristiques des trois pandémies du siècle dernier. Ces facteurs incluent :
- Des caractéristiques épidémiologiques du virus : le taux de propagation du virus, sa létalité et la différence entre le taux d'infection et le taux de létalité selon le groupe d'âges, le profil de mortalité par âge à partir d'une réalisation du taux létalité, ...
- Des caractéristiques démographiques de la population des 37 pays ou régions qui composent le modèle : la population totale et la répartition selon l'âge, les contacts interhumains selon l'âge, l'immunité préexistante et les déplacements de la population entre les régions, ...
- Des progrès des interventions pharmaceutiques : disponibilité des antibiotiques, vaccins, antiviraux et ressources en soin de santé, ... et des interventions comportementales : modifications des contacts, restriction des déplacements, ...

Comme le montre le schéma synthétique du modèle (*cf.* **Fig.1.10**), les réalisations aléatoires des taux de létalité et des taux de reproduction en prenant en compte ces différents facteurs permettent de générer un scénario d'une pandémie potentielle. Ce scénario sera caractérisé par : des profils de contagiosité, d'infection et de létalité par groupe d'âges. L'effet de chaque scénario de pandémie potentielle simulée par le modèle sur le portefeuille d'un assureur peut être estimé en appliquant des pondérations aux expositions par groupe d'âges et par pays.

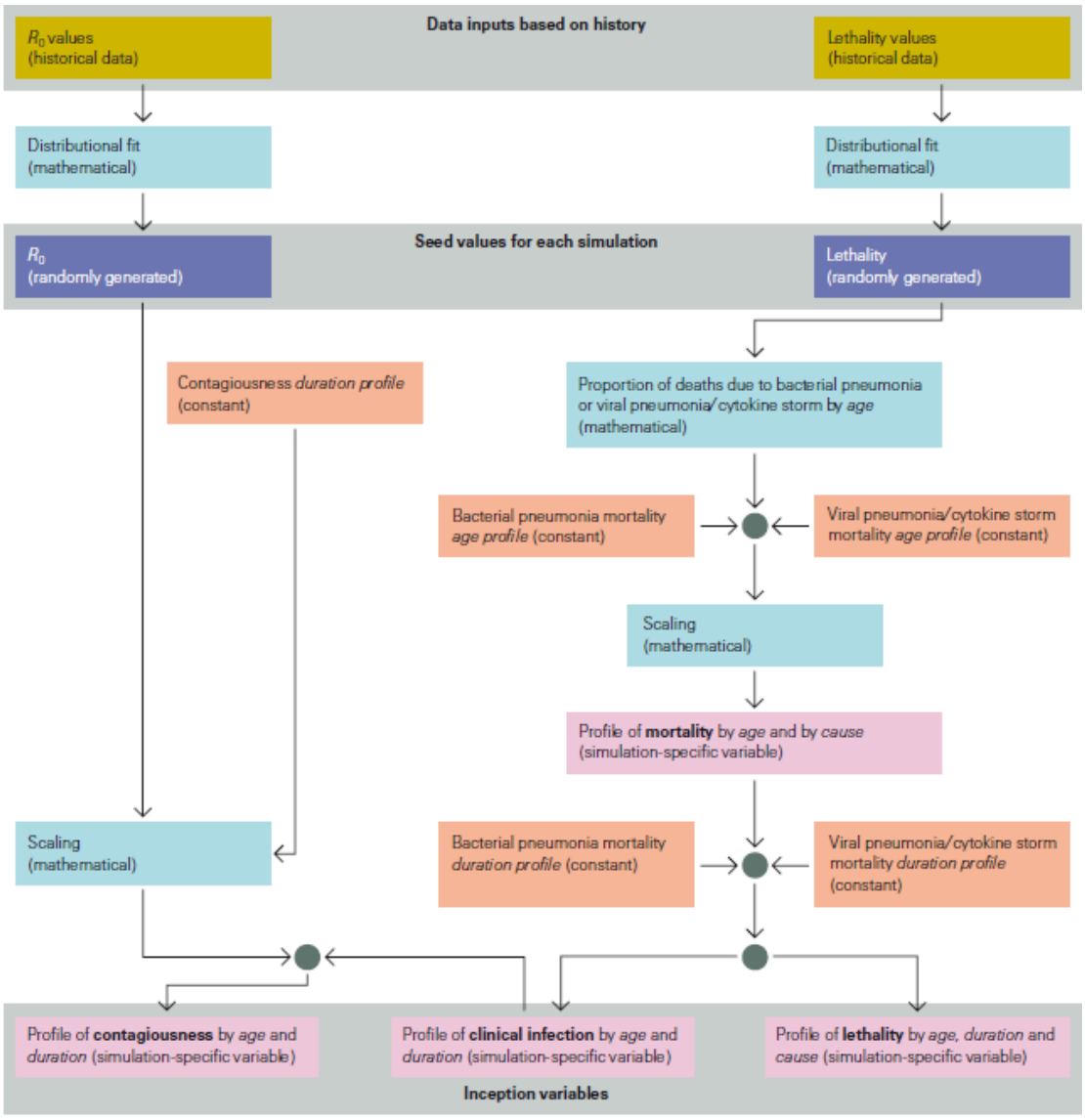


Fig.1.10 : Principe de fonctionnement du modèle de Swiss Re

Le modèle de Swiss Re fournit au final, pour chaque scénario généré de pandémie, une distribution complète de la surmortalité potentielle ainsi que la probabilité que chaque niveau de surmortalité soit atteint. Cela permet d'estimer des quantiles au seuil de 99,5 % pour différentes périodes de retour. En particulier, un choc de surmortalité à un seuil de 99,5 % correspondant à un scénario bicentenaire (*i.e.* scénario de pandémie avec une période de retour de 200 ans ou avec une fréquence de survenance d'une fois tous les deux cents ans) pourra être estimé. Dans le contexte de « Solvabilité 2 », ce modèle sera utilisable par les assureurs souhaitant intégrer une hypothèse d'un choc de surmortalité dans leurs propres modèles internes.

1.3.2 Principaux résultats du modèle de Swiss Re

Après avoir décrire le principe de fonctionnement du modèle de Swiss Re, voila les principaux résultats de ce modèle :

- La pandémie de 1918, aurait un impact beaucoup moindre sur la mortalité de nos jours qu'en 1918.

- Compte tenu des capacités d'intervention actuelles, une pandémie bicentenaire se traduirait par un choc de surmortalité de 0,1 % à 0,15 % dans les pays développés alors que ce choc serait de 0,15 % à 0,4 % pour les pays en voie de développement.

Notons finalement que Swiss Re a étudié la sensibilité de son modèle à certains facteurs. D'un côté, les résultats du modèle sont très sensibles à la calibration du taux de reproduction et du taux de létalité (*i.e.* erreur d'estimation résultante de la calibration sur des données historiques) et à l'efficacité des interventions pharmaceutiques. D'un autre côté, les résultats sont insensibles à plusieurs facteurs comme par exemple la densité de la population et le volume et la vitesse de déplacements au sein de la population. En effet :
- La densité de la population est plus élevée aujourd'hui qu'en 1918. Le modèle a permis d'établir que cela n'a pas d'impact significatif sur la surmortalité.
- Le volume et la vitesse de déplacements au sein de la population sont également plus élevés aujourd'hui qu'en 1918. Bien que ce phénomène se traduise par un accroissement de la vitesse de propagation du virus, il n'aura pas d'incidence sur le niveau global de mortalité durant toute la période de pandémie.

1.4. Mutualité Française (2008)- Calibrage du risque catastrophe en assurance complémentaire santé

En février 2008, la mutualité française a publié une note dans laquelle elle propose d'évaluer les conséquences du risque catastrophe sur la sinistralité d'un assureur en complémentaire santé. Cette évaluation est cohérente avec la démarche retenue dans le QIS 4 dans le sens où le risque catastrophe est assimilé à une pandémie de grippe. La note présente le coût supplémentaire lié à la surmortalité et les frais de santé.
Le modèle utilisé par la mutualité française reprend les résultats de l'étude menée par l'Institut National de Veille Sanitaire (INVS) en 2005 sur l'estimation de l'impact en termes de santé publique d'une pandémie grippale en France (*cf.* Doyle et *al*. (2005)). Cette étude reprend elle-même la modélisation de Meltzer et *al*. (1999) tout en réajustant les résultats de cette modélisation sur la population française de 2003.
L'étude de Meltzer et *al.* (1999) développe une modélisation stochastique du risque de pandémie de grippe afin d'obtenir une distribution des décès et des hospitalisations autour du nombre de cas « attendus ». La calibration des distributions des paramètres du modèle est déterminée à partir des données observées sur les trois pandémies historiques de 20ème siècle. Le modèle génère ainsi une distribution des taux de consultation, d'hospitalisation et de létalité ventilés selon trois classes d'âges et selon deux classes de risque (risque élevé de complications/faible risque de complications).
Afin d'estimer le nombre de cas attendus en hospitalisation et en décès, la mutualité française a développé trois scénarios. Ces scénarios varient selon les hypothèses retenues sur les taux d'infection, d'hospitalisation et de létalité selon l'âge et les classes de risque de la population. Les hypothèses se distinguent elles même suivant la période de retour de l'événement ou sa fréquence : l'hypothèse basse (*i.e.* scénario faible) est équivalente à une pandémie prise au quantile 1/30 ans (*i.e.* une pandémie de période de retour de 30 ans), l'hypothèse moyenne (*i.e.* scénario moyen) au quantile 1/60 ans et l'hypothèse haute au quantile 1/600 ans.
A l'aide de ces scénarios, la mutualité française a appliqué son modèle sur la population française de 2006 et estimé les coûts supplémentaires en termes de surmortalité et de frais de santé induits par une éventuelle pandémie grippale.

Nous nous limitons ici à décrire les résultats concernant la surmortalité. Les conséquences sur les frais de santé seront abordées dans la partie suivante concernant les études de morbidité liée à une pandémie de grippe.

Selon les scénarios de sévérité retenus, le taux de surmortalité varie selon la sévérité de la pandémie entre 0,22 % et 0,50 %, ce qui représente un nombre de décès supplémentaires compris entre 132000 et 300000[23]. Ce taux de surmortalité a été estimé en pourcentage de la population assurée à structure d'âges comparable à celle de la population française (*i.e.* mortalité de la population assurée correspond à 100 % de la mortalité de la population globale).

2. Modèles et études de morbidité liée à une pandémie de grippe

La mobilité croissante de la population pourrait accélérer considérablement la propagation de virus d'une pandémie. Cette propagation rapide peut aggraver un autre risque imputable à une pandémie qui est le risque de morbidité. Une aggravation du risque de morbidité se traduit par une augmentation du taux d'incidence d'invalidité et d'incapacité dans la population ainsi qu'une augmentation des dépenses de frais de soins de santé. Le risque de morbidité lié à une pandémie aura ainsi des effets considérables en assurance prévoyance.
Plusieurs études récentes ont été menées récemment pour étudier les impacts d'une pandémie de grippe sur la morbidité.
La mutualité française a modélisé le coût de risque de morbidité pour un assureur en complémentaire santé (*cf*. Davet et *al*. (2008)). Ce modèle permettra d'estimer les prestations supplémentaires de frais de soins de santé engendrées par une pandémie de grippe.

Nous allons nous limiter ici à présenter l'étude de la mutualité française. Notre choix se justifie par le fait que cette étude a repris et développé elle-même des études antérieures de risque de morbidité à savoir les étude de Meltzer et *al*.(1999) et de l'INVS (2005).

Avant de décrire l'étude de la mutualité française, Nous allons rappeler brièvement le modèle de l'INVS (2005).

2.1. INVS (2005) - Préparation à la lutte contre une pandémie grippale

Le modèle de l'INVS suppose qu'une éventuelle pandémie serait décomposée en deux vagues de dix semaines chacune. En faisant des hypothèses concernant l'importance relative des deux vagues, deux scénarios de pandémie ont été construits : un scénario où les deux vagues sont identiques et un scénario avec un tiers et deux tiers d'importance pour la première et la deuxième vague respectivement.
Comme nous l'avons mentionné précédemment, le modèle de l'INVS a repris les résultats de la modélisation des taux de consultation et d'hospitalisation de Meltzer et *al.* (1999) en les réajustant à la structure de la population française de 2003. A partir de ces résultats réajustés, le modèle de l'INVS génère une distribution du nombre d'admissions à l'hôpital ainsi qu'une distribution du nombre des jours d'hospitalisation pour des différents taux d'attaque pour chaque vague de la pandémie grippale. Les taux d'attaque ont été calibrés à partir des pandémies historiques de 1918, 1957 et 1968.
Les résultats ont montré que quels que soient le taux d'attaque et l'importance des vagues, l'augmentation de la durée d'hospitalisation de 5 à 15 jours multiplie par 2,5 le nombre maximal attendu de journées d'hospitalisation au cours d'une pandémie.

[23] A titre de comparaison, 516 000 décès ont été enregistrés en France en 2006.

2.2. Mutualité Française (2008) - Calibrage du risque catastrophe en assurance complémentaire santé

La mutualité française a repris et développé les taux d'hospitalisation résultants de la modélisation de l'INVS du nombre des cas attendus afin de construire trois scénarios de pandémie : sévère avec une fréquence de 1/600 ans, moyen avec une fréquence de 1/60 ans et bas avec une fréquence de 1/30 ans.

Pour estimer les coûts induits par une pandémie de grippe sur les frais de santé, la mutualité française s'est basée sur le modèle élaboré par MutRé (un réassureur spécialisé en assurance complémentaire santé et prévoyance). Ce modèle permet d'estimer les coûts en termes de frais médicaux et d'hospitalisation engendrés par une pandémie de grippe pour les assureurs en complémentaire santé. Ces coûts ont été majorés pour la population présentant un risque élevé d'aggravation.

Les résultats ont montré que les coûts supplémentaires en frais de santé induits par les différents scénarios de pandémie (en absence de mesures de prévention publique) varient entre 2,7 % des primes et 3,9 % des primes pour un assureur en complémentaire santé au premier euro. Le coefficient le plus sévère de 3,9 % a été finalement retenu.

Au niveau de l'activité d'assurance complémentaire santé au premier euro en France, le scénario sévère d'une pandémie grippale engendrera un coût de 10 milliards d'euros, soit 7 % des prestations versées.

Notons finalement que l'étude de la mutualité française n'a pas détaillé la méthode employée pour redresser ces chiffres.

3. Analyse des études et des modèles de mortalité et de morbidité liées à une pandémie de grippe et pistes de réflexions

Après avoir présenté les principales études récentes de morbidité et de mortalité liées à une pandémie grippale. Nous allons analyser leurs résultats en se concentrant tout particulièrement sur leurs cohérences avec les exigences réglementaires de « Solvabilité 2 ». Nous allons décrire ensuite quelques pistes de réflexions que nous avions pu les dégager.

Nous remarquons que toutes les études de mortalité (et même celles de morbidité) ont modélisé les effets d'une pandémie par groupe d'âges sur la population globale pour pouvoir étudier l'impact d'une pandémie sur le portefeuille des assurés. Certes il sera plus simple d'estimer le coût d'une surmortalité encouru par le portefeuille assuré suite à une pandémie en multipliant le montant global des valeurs assurées par le taux de surmortalité moyen pour le portefeuille, mais dans ce cas l'estimation des coûts sera indépendante de l'âge. Les publications spécialisées en risque de pandémie traitent la surmortalité parmi la population globale plutôt que parmi la population assurée. Or, les courbes de mortalité pandémique de la population globale sont de la forme « U » ou « W » (dépendent donc de l'âge) et les portefeuilles d'assurés ont des structures d'âges différentes. Le taux de mortalité moyen dans le portefeuille assuré sera ainsi différent de celui de la population globale. D'où le recours à une modélisation par structure d'âges des effets d'une pandémie. D'autres critères en plus de l'âge peuvent être intégrés dans les modèles, comme la séparation de la population selon le critère de risque de complications (*i.e.* population à risque élevé/faible de complications d'après INVS (2005) et Mutualité Française (2008)).

Nous notons également que certaines études ont supposé qu'il n'existe aucune différence au niveau de la mortalité attribuable à la pandémie entre la population globale et la population des assurés (*i.e.* un ratio de population assurée à la population globale de 100 %) comme c'était le cas dans les modèles de Gen Re (2007) et de Swiss Re (2007). D'autres études ont supposé l'existence de cette différence entre

la mortalité des assurés et la mortalité de la population globale. Cela était d'ailleurs le cas dans l'étude de CGAE (2006) qui a fait l'hypothèse que l'état de santé de la population assuré est meilleur que celui de la population globale en retenant un ratio de 60 % (rapport entre la mortalité dans le portefeuille et la mortalité globale dans la population).

Les études de mortalité 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 (*e.g*. Swiss Re) prennent en compte des avis d'experts, d'autres prennent en compte des politiques de santé publique (*e.g*. CGAE, Mutualité Française). D'un autre côté, certains modèles sont calibrés sur les trois pandémies passées de 20ème siècle (*e.g*. Mutualité Française) alors que d'autres ont été calibrés sur deux pandémies passées uniquement (*e.g*. SOA) voire une seule pandémie (*e.g*. Gen Re).

Comme nous l'avons vu dans le chapitre précédent, le QIS 4 a restreint le risque catastrophe en assurance vie 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 (*i.e*. de période de retour de 200 ans). Cette calibration était basée sur le modèle de Swiss Re. Ce modèle épidémiologique 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 historiques et stochastiques[24] selon des différentes périodes de retour pour 37 pays. 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 exigences de « Solvabilité 2 ». C'est pour cela que le CEIOPS a retenu cette étude comme référence dans la calibration du choc de surmortalité dans le module catastrophe vie ($life_{CAT}$).

A l'exception de modèle de Swiss Re, tous les autres modèles de mortalité ont été basés sur des scénarios de pandémies non bicentenaires. Une comparaison des estimations des chocs de surmortalité résultants de ces modèles avec le coefficient de 0,15 % de QIS 4 n'aura ainsi qu'un sens limité.

En ce qui concerne le risque de morbidité, nous constatons que les modèles doivent tenir compte de la structure de population non pas seulement par âge mais aussi par risque de complications afin d'estimer l'impact sur le nombre de jours d'hospitalisation en cas d'aggravation de l'état de santé. Nous remarquons, en outre, que seul l'impact économique d'une pandémie sur les frais de santé (frais médicaux et frais d'hospitalisation) avait été modélisé en assurance santé. L'impact d'une pandémie sur les prestations d'invalidité et d'incapacité induites par une pandémie n'a pas été encore pris en compte.

L'étude menée par la mutualité française sur l'impact d'une pandémie en assurance complémentaire santé en France a conduit à une estimation d'un coefficient de 7 % en se basant sur un scénario d'une pandémie ayant une période de retour de 600 ans. La mutualité française a jugé ce résultat comme cohérent avec le calibrage proposé par le CEIOPS dans le QIS 4 pour le module *Long Term Health* où un coefficient forfaitaire de 6,5 % est appliqué. Cependant, le CEIOPS a déterminé ce coefficient sur la base d'un scénario d'une pandémie ayant une période de retour de 200 ans. Ainsi, en prétendant comparer les 7 % de son étude et les 6,5 % du CEIOPS, la mutualité française a oublié que ces deux

[24] Bien que la calibration des paramètres de modèle de Swiss Re soit faite initialement sur la base des trois pandémies de 20ème siècle, une simulation aléatoire de ses paramètres permet de générer des scénarios stochastiques de « pandémies artificielles ».

résultats sont incomparables vu la différence de leurs scénarios sous jacents. Le jugement retenu sur la cohérence des résultats n'est donc pas pertinent.

A cause de la diversité des scénarios et la multitude des hypothèses, une incohérence globale était constatée sur l'impact économique d'une pandémie sur les risques de mortalité et de morbidité touchant les garanties d'un portefeuille de prévoyance par rapport aux exigences de « Solvabilité 2 ». Même si Swiss Re a développé un modèle épidémiologique qui respecte ces exigences, ce modèle servira uniquement à modéliser le risque de mortalité pour les assureurs souhaitant d'adapter un modèle interne (total ou partiel).

En ce sens, il sera important de réfléchir à une modélisation cohérente de l'impact d'une pandémie sur le risque de mortalité et le risque de morbidité pour toutes les garanties prévoyance (à savoir : le décès, invalidité/incapacité causées par une maladie et les frais de santé). 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. A ce titre, nous rappelons que le QIS 4 n'a retenu aucune corrélation entre les différents sous modules des risques vie et santé en cas d'une catastrophe de pandémie grippale. Seul un coefficient de corrélation de 0,25 est fixé entre les risques de souscription vie et santé. Aucune justification n'a été fournie sur ce coefficient qui ne tient pas compte du risque catastrophe.

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.

Cette réflexion nécessite de développer un modèle épidémiologique permettant de modéliser l'impact d'une pandémie de grippe sur les différentes garanties prévoyance à partir d'un scénario commun (*i.e.* même taux d'infection, même taux de létalité, même taux d'hospitalisation,...). Ce modèle sera particulièrement utile pour les assureurs prévoyance choisissant d'appliquer un modèle interne (total ou partiel).

Conclusion

De nombreux modèles ont évalué l'impact d'une pandémie grippale sur les risques de mortalité et de morbidité qui touchent directement les garanties prévoyance. L'analyse de ces modèles a montré une hétérogénéité entre leurs résultats. Cette hétérogénéité se justifie par la multitude des hypothèses sous jacentes sur les scénarios de pandémie.

A l'exception du modèle épidémiologique de mortalité de Swiss Re, une incohérence de la calibration des scénarios catastrophe des autres modèles avec les exigences réglementaires mentionnées dans le QIS 4 a été également constatée. De plus, les modèles utilisés permettent d'évaluer d'une manière séparée l'impact économique d'une pandémie grippale sur les risques de mortalité et de morbidité.

Pour le risque de morbidité, seul l'impact sur les frais de santé a été modélisé et les risques d'invalidité et d'incapacité n'ont pas été pris en compte.

Ce contexte de divergence et d'incohérence suggère de réfléchir à des scénarios catastrophes communs de pandémie grippale pour l'ensemble des garanties prévoyance tout en respectant les exigences de « Solvabilité 2 ». Cette approche permettrait de prendre en compte les corrélations existantes entre les différentes garanties.

L'approche épidémiologique retenue par Swiss Re nous semble intéressante dans la mesure où elle est l'approche la plus sophistiquée actuellement permettant aux assureurs vie d'intégrer l'hypothèse d'un choc de mortalité dans leurs propres modèles internes.

En ce sens, il serait intéressant de réfléchir à un modèle épidémiologique d'évaluation de l'impact d'une pandémie grippale sur un portefeuille prévoyance à partir d'un scénario commun. Cette modélisation aura particulièrement une grande utilité pour les assureurs prévoyance désireux d'appliquer un modèle interne.

CONCLUSION

Au niveau de cette partie nous avons présenté et analysé la modélisation du risque catastrophe d'une pandémie grippale en assurance prévoyance.

Les pandémies de grippe historiques du 20ème siècle ont montré leurs effets considérables sur les risques de mortalité et de morbidité. C'était particulièrement le cas de la grippe espagnole de 1918. A l'heure actuelle, des souches de pandémie de grippe historiques circulent parmi les humains de plus de la souche de la grippe aviaire. Les experts estiment qu'une pandémie est inévitable si la souche de la grippe aviaire subit une mutation avec les autres souches et devient transmissible entre les humains. 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 accélère la propagation du virus. 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.

Nous avons vu qu'un portefeuille de contrats prévoyances classiques individuel ou collectif présente la particularité d'englober à la fois des garanties vie et des garanties santé. A ce titre, trois garanties peuvent être souscrites : la garantie décès qui est une garantie vie et les garanties arrêt de travail (incapacité/ invalidité à cause d'une maladie ou un accident de travail) et frais de santé faisant partie des garanties santé.

Ainsi, une pandémie de grippe touchera directement les différentes garanties vie et santé ce qui impacte la solvabilité des assureurs prévoyance.

Le référentiel de solvabilité « Solvabilité 2 » a intégré le risque catastrophe d'une pandémie de grippe comme un sous module dans les risques de souscription vie et santé. Des formules standards d'évaluation du capital de solvabilité lié au sous module catastrophe ont été proposées. « Solvabilité 2 » a encouragé également les assureurs à élaborer leurs propres modèles internes d'évaluation du risque d'une pandémie grippale en assurance vie et santé. Cette évaluation doit respecter les exigences réglementaires de base à savoir une calibration sur des scénarios de pandémie bicentenaire.

Face à la menace croissante d'une pandémie grippale d'un coté et le développement du contexte réglementaire d'un autre coté, plusieurs études de risques de mortalité et de morbidité liées à une pandémie ont été élaborées. La modélisation de ces risques permettra aux assureurs prévoyance d'évaluer les prestations supplémentaires induites par une éventuelle pandémie et donc le chargement de capital de solvabilité nécessaire à leur couverture.

A l'issue du notre analyse de ces modèles, nous avons constaté que leurs résultats étaient divergents à cause de la différence des hypothèses sous jacentes aux scénarios de pandémie. De plus, ces résultats ne se rapprochent pas aux exigences de base de « Solvabilité 2 » sauf pour le modèle épidémiologique de mortalité de Swiss Re utilisé actuellement par les assureurs souhaitant d'appliquer un modèle interne.

Cette approche épidémiologique pertinente de SwissRe suggère de développer une approche épidémiologique adaptée cette fois à tous les risques induits par une pandémie et touchant les garanties prévoyance (*i.e.* décès, invalidité, incapacité et frais de santé). Ce modèle doit générer également des scénarios de pandémie grippale communs à l'ensemble des garanties prévoyance ce qui permettra de prendre en compte les corrélations existantes entre elles. Il présentera ainsi une grande utilité pour les assureurs prévoyance souhaitant d'évaluer les prestations supplémentaires induites par une pandémie grippale et donc le capital de couverture du risque catastrophe d'une pandémie à l'aide d'un modèle interne.

La mise en œuvre d'une approche épidémiologique nécessite de bien comprendre les modèles théoriques d'épidémie grippale ainsi que leurs méthodes de calibration. Cela fait l'objet du notre deuxième partie.

PARTIE 2

MODELISATION EPIDEMIOLOGIQUE D'UNE PANDEMIE GRIPPALE :

FONDEMENTS THEORIQUES

INTRODUCTION

L'analyse menée dans la première partie sur les études de l'impact d'une pandémie grippale sur les risques de mortalité et de morbidité touchant les garanties d'un portefeuille prévoyance nous a amené à modéliser cet impact par une approche épidémiologique. Cela nécessite de comprendre la structure des modèles épidémiologiques et en particulier ceux décrivant la dynamique d'une épidémie (ou pandémie) grippale.

Le premier modèle mathématique d'épidémiologie était introduit en 1760 par Bernoulli. C'est après un siècle que les premiers modèles épidémiologiques modernes ont été développés par En'ko entre les années 1873 et 1894. Une approche fondatrice dans les années 1920 fut celle des modèles compartimentaux, qui divisent la population en états épidémiologiques (tels que les individus susceptibles d'être infectés, ceux qui sont infectieux, et ceux qui ont acquis une immunité suite à la guérison). Depuis, cette approche fut utilisée pour modéliser de très nombreuses maladies comme le SIDA, la rougeole, la grippe, ...

Des recherches entre les années 2000 à 2010 ont mis en avant le fait d'inclure dans cette approche de nouveaux facteurs, autre que les états des individus, permettant de mieux comprendre la dynamique de diffusion d'une maladie infectieuse dans la population comme par exemple les contacts sociaux et l'âge des individus.

L'objectif de cette partie est de présenter les fondements théoriques des modèles épidémiologiques ***SEIR*** d'une maladie infectieuse grippale.

Nous allons donner, dans un premier chapitre, un aperçu général sur la version la plus simple du modèle ***SEIR***. Nous présentons, ensuite, dans un deuxième chapitre, une version plus complexe et plus réaliste de ce modèle en présence de l'hétérogénéité dans la structure sociale de la population en incluant à la fois les contacts sociaux et l'âge des individus comme des facteurs de modélisation.

CHAPITRE 1

LE MODELE SEIR STANDARD : UN APERÇU GENERAL

Les premières contributions aux modèles épidémiologiques d'une maladie infectieuse ont été introduites par McKendrick et Kermack entre 1900 et 1935 (*cf.* Kermack et *al.* [1927,1932]). Ces modèles sont dits compartimentaux car la population sur laquelle se fait l'étude est divisée en compartiments (ou états) qui dépendent de la dynamique de la maladie.

Afin d'adapter ces modèles à la dynamique de chaque maladie infectieuse, plusieurs travaux de recherche ont élaboré des extensions de ces modèles. En particulier, les modèles épidémiologiques du type ***SEIR*** ont été introduits pour décrire la dynamique d'une pandémie grippale.

Ce chapitre vise à donner un aperçu général du modèle ***SEIR*** simple appelé également le modèle ***SEIR*** standard.

Après avoir présenté les dynamiques d'une maladie de grippe, nous allons décrire les aspects théoriques d'un modèle ***SEIR*** standard.

1. Dynamiques d'une maladie de grippe

La maladie de grippe se caractérise généralement par la dynamique temporelle suivante (*cf.* Desenclos (2005)) :

- **Une période latente (ou une période d'incubation)**

  Une fois qu'un individu susceptible est infecté par le virus grippal, il rentre dans une « période latente » ou une « période d'incubation». Durant cette période, l'individu demeure dans un état « latent » dans lequel il est infecté mais il ne peut pas transmettre encore la maladie à une autre personne susceptible. Pendant la période latente, les premières manifestations physiques provoquées par la maladie se font ressentir (*e.g.* fièvre, ...). L'individu présente donc des symptômes de la maladie.

- **Une période d'infection (ou une période de contagiosité)**

  Durant cette période, l'individu initialement infecté devient dans un état d'« infectieux » c'est-à-dire qu'il est infecté et qu'il peut transmettre la maladie à une autre personne susceptible. L'individu présente également les symptômes de la maladie durant cette période.

- **Une période de guérison**

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

Durant une maladie de grippe, les individus se trouvent ainsi dans différents états ou compartiments (*cf.* **Fig. 2.1**) : Susceptibles, Latents, Infectieux et Remis. Un modèle épidémiologique adapté à une maladie de grippe doit prendre en compte la combinaison de ses différents compartiments. Il doit mettre clairement les différents mécanismes entrant en jeu dans la propagation de l'épidémie et la dynamique de la grippe.

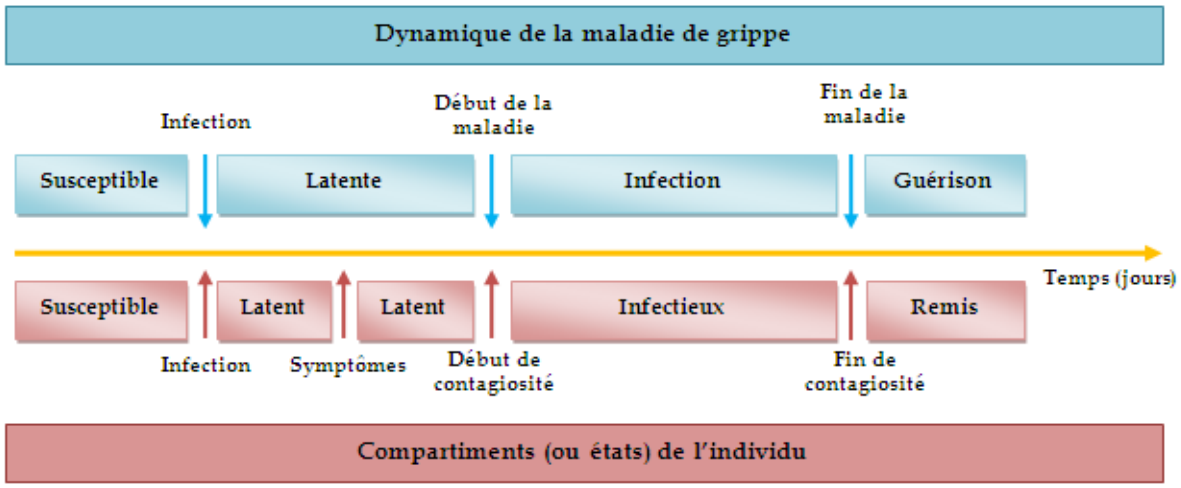


Fig.2.1 : Progression de l'état des individus contaminés par une maladie de grippe

Dans ce contexte, le modèle épidémiologique ***SEIR*** est utilisé pour modéliser une épidémie de grippe. Le lecteur peut se référer par exemple à Chowell et *al*. (2008) et Keeling et *al*. (2008) pour une revue de la littérature sur ce modèle. L'un des principaux objectifs de ces travaux consiste à comprendre et à estimer les impacts des pandémies grippales historiques (*e.g*. les impacts cliniques, ...) afin de pouvoir contrôler l'éventuel risque engendré par une pandémie dans le cadre d'une politique publique de prévention contre les maladies infectieuses (*cf*. Bonmarin et *al*. (2007)).

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

2. Le modèle SEIR standard

Le modèle ***SEIR*** (pour ***Susceptible-Exposed-Infectious-Removed***) est schématisé par des compartiments qui représentent les différents états dans lesquels peuvent se trouver les individus d'une population au cours d'une épidémie grippale (*cf*. **Fig.2.2**). Le premier compartiment ***S*** contient les individus ***Susceptibles*** à l'agent infectieux (*i.e*. virus de grippe). 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*** (*i.e.* infectés et contagieux) 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***. Ce compartiment décrit l'état général « Remis »[25].

[25] Nous allons voir dans l'étude empirique (*cf*. partie 3) comment peut-on associer trois hypothèses concernant l'état général « Remis » à savoir : « Décès », « Rémission sans immunité » et « Rémission avec immunité ».

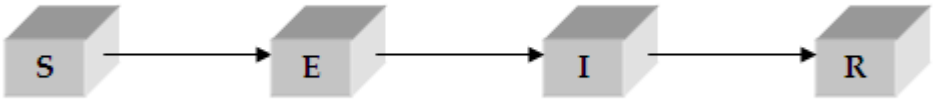


Fig.2.2 : Les Compartiments d'un modèle SEIR standard

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. Cette formulation en termes d'équations différentielles dépend essentiellement des postulats quant aux façons dont les individus susceptibles vont devenir successivement latents, infectieux puis remis.

Après avoir défini les notations du modèle ***SEIR*** standard et présenté ses hypothèses, nous allons décrire sa formulation mathématique ainsi que quelques généralités sur ce modèle.

2.1 Notations

Les notations à retenir sont les suivantes :

- t : une date appartenant à l'intervalle ***[0,T]*** où ***T*** est la date de la fin de l'épidémie (***T*** est finie[26]). Elle s'exprime généralement en nombre de jours.
- N : La taille de la population.
- $S(t)$: Le nombre des individus susceptibles et qui ne sont pas encore infectés à la date ***t***.
- $E(t)$: Le nombre des individus latents à la date ***t***.
- $I(t)$: Le nombre des individus infectieux à la date ***t***.
- $R(t)$: Le nombre des individus remis à la date ***t***.
- $C(t)$: Le nombre cumulé des infectés à la date ***t***.
- T_E : La période latente. C'est la durée passée par un individu latent (*i.e.* infecté mais non encore infectieux) dans le compartiment ***E***.
- T_I : La période d'infection. C'est la durée passée par un individu infectieux dans le compartiment ***I***.
- β : Le taux moyen de transmission de l'infection. Ce taux est définie par le rapport entre le nombre cumulé d'infectés à la fin de l'épidémie et le nombre initial des susceptibles (*i.e* : $\beta = \frac{C(T)}{S(0)}$).

  L'individu quitte le compartiment ***S*** au compartiment ***E*** avec le taux : $\beta.I(t)/N$
- α : Le taux moyen de passage d'un individu du compartiment ***E*** au compartiment ***I***.
- γ : le taux moyen de passage d'un individu du compartiment ***I*** au compartiment ***R***.

La Figure **Fig.2.3** nous montre le diagramme du modèle ***SEIR*** à une date ***t*** en tenant compte ces différentes notations.

[26] Nous supposons que T<∞. Dans le cas où T=∞, on parle d'une « endémie » et non pas d'une épidémie.

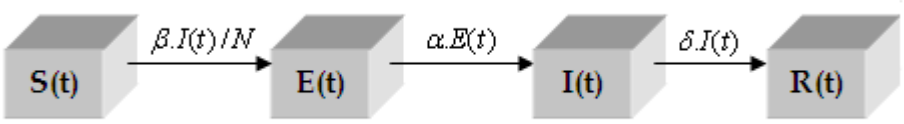


Fig.2.3 : Les Compartiments d'un modèle SEIR standard à une date t

2.2. Hypothèses

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

H₁) 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).

H₂) L'évolution temporelle de dynamique de la maladie est supposée plus rapide par rapport à l'évolution temporelle des caractéristiques démographiques de la population (naissance et décès naturels). De ce fait, les effets démographiques seront ignorés et la taille de la population ***N*** est constante au cours du temps : $N = S(t) + E(t) + I(t) + R(t)$. On parle dans ce cas d'une « population fermée ».

H₃) Le modèle est supposé homogène. D'un coté, la structure de la population est supposée homogène en termes des types d'individus susceptibles et infectieux. Ainsi, un seul paramètre β détermine la relation binaire entre un susceptible et un infectieux[27]. D'un autre côté, les contacts sociaux entre les individus sont également homogènes. Par conséquent, $I(t)/N$ est la probabilité qu'un contact aléatoire aura lieu entre un susceptible et un infectieux. Le susceptible devient infecté à la suite d'un seul contact 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.

2.3. Le modèle

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

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

[27]Dans le cas d'une structure hétérogène de la population (*e.g*. population structurée par classes d'âges). Plusieurs taux d'infection peuvent être introduits dans le modèle. Nous pouvons citer l'exemple des modèles avec « double mixage » qui incluent deux taux d'infection : l'un qui décrit la transmission de l'infection entre les individus d'une même classe d'âges (supposée homogène) et l'autre qui décrit la transmission de l'infection entre les individus de deux classes d'âges différentes (*cf*. Geenhalgh (1986)).

Nous notons que les dates ***t*** et les différentes variables du modèle sont considérées comme des variables continues.
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 sans aucune notion de probabilité. Dans ce cas, une valeur bien précise sera associée aux variables ($S(t)$, $E(t)$, $I(t)$ et $R(t)$) et aux paramètres du modèle (T_E, T_I, β, α, γ).
Nous nous plaçons dans le cadre d'un modèle SEIR standard déterministe. La figure **Fig.2.4** présente l'allure des variables $S(t)$, $E(t)$, $I(t)$ et $R(t)$ au cours du temps. Nous partons d'une population fermée et d'un seul infecté. Au cours du temps, le nombre de susceptibles est décroissant et le nombre des remis est croissant. En ce qui concerne le nombre des latents et des infectieux, la courbe associée à chacun d'eux est croissant jusqu'à ce qu'elle atteint un certain maximum puis elle décroit. La fin de l'épidémie (à la date T) est marquée par un nombre de remis égal à la taille de la population, les autres variables tendent vers 0.

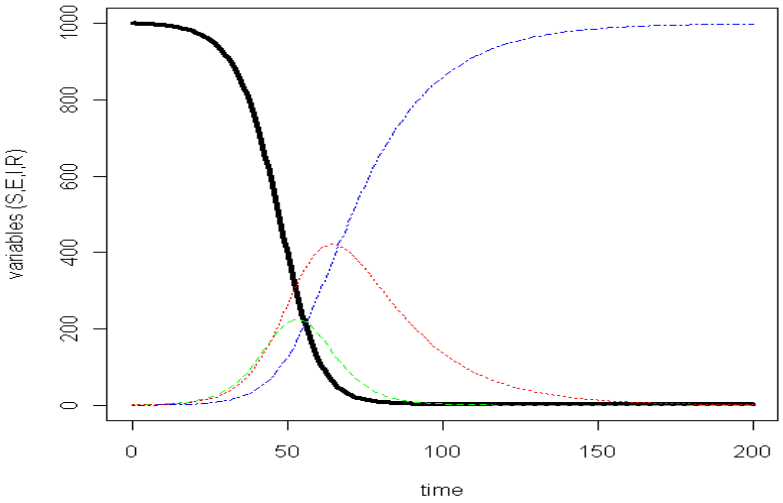


Fig.2.4 : Evolution des variables S (en noir), E (en vert), I(en rouge) et R (en bleu) au cours du temps dans un modèle SEIR standard déterministe

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 sont des variables aléatoires.
La période latente T_E est une variable aléatoire de moyenne $\mu_E = 1/\alpha$ et de fonction de survie $\overline{F}_E(x) = \Pr(T_E > x)$. La période d'infection T_I est une variable aléatoire de moyenne μ_I et de fonction de survie $\overline{F}_I(x) = \Pr(T_I > x)$.
Si la simulation d'un modèle déterministe paraît simple pour décrire l'évolution des différentes variables au cours du temps, cela n'est pas le cas pour le modèle stochastique. Ce dernier nécessite le recours à des méthodes de simulation numériques plus complexes qui tiennent compte notamment des distributions des paramètres et des périodes latente et d'infection.

2.4. Le taux de reproduction de base R_0

Pour une épidémie de maladie infectieuse, la question fondamentale est de savoir si elle peut se propager dans la population. Ceci revient à calculer le nombre moyen d'individus qu'un infectieux pourra infecter. Ce nombre est appelé le taux de reproduction de base, et est noté par $\boldsymbol{R_0}$. Il est considéré dans une population où tous les individus sont susceptibles, sauf l'individu infectieux introduit au début de l'épidémie[28].

Si $\boldsymbol{R_0} < 1$, alors un individu infectieux infecte en moyenne moins d'un autre, ce qui signifie que la maladie disparaîtra de la population et donc l'extinction de l'épidémie. A l'opposé, si $\boldsymbol{R_0} \geq 1$, alors la maladie peut se propager dans la population et devient une épidémie.

Pour une épidémie de grippe, ce taux varie généralement entre 2 et 3 (*cf*. Mills et *al*. (2004)). Il peut être également différent puisque sa valeur dépend de plusieurs hypothèses des modèles épidémiologiques (démographie, vaccination, ...).

La détermination de $\boldsymbol{R_0}$ en fonction des paramètres du modèle épidémiologique permet ainsi de calculer les conditions dans lesquelles l'épidémie se propage. Dans le cadre d'une épidémie décrite par un modèle ***SEIR***, l'évaluation de $\boldsymbol{R_0}$ dépend de la nature de modèle. En effet :

- Pour un modèle ***SEIR*** déterministe, la valeur de $\boldsymbol{R_0}$ est fixe dans ce cas et elle est donnée par : $R_0 = \frac{\beta N}{\gamma}$.
- Pour un modèle ***SEIR*** stochastique, la valeur de $\boldsymbol{R_0}$ dépend des distributions des paramètres du modèle. On parle d'une distribution des paramètres $\boldsymbol{R_0}$ dans ce cas.

2.5. Méthodes d'estimation du modèle

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. Cette estimation permettra de fournir au final le taux de reproduction de base estimé, le nombre estimé d'infectés, ...

La méthode retenue pour estimer un modèle épidémiologique généralement et un modèle ***SEIR*** particulièrement n'est pas unique. Cela est du à la nature des données et des observations relatives au processus de l'épidémie.

Néanmoins, nous pouvons distinguer deux cas :

- Dans le cas où le processus est complètement observé pour chaque individu c'est-à-dire la durée latente, la durée d'infection, la date d'infection et la date de rémission sont connues, nous utilisons la méthode classique du maximum de vraisemblance pour estimer le modèle.
- Dans le cas où le processus est partiellement observé, ce qui est d'ailleurs le cas le plus réaliste pour une épidémie de grippe surtout dans une population de très grande taille, nous ne disposons qu'une information partielle sur le processus 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. L'estimation se fait dans ce cas 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*).

[28] On parle d'un taux de reproduction net $\boldsymbol{R}$ si une fraction de la population est immunisée contre la maladie (*i.e*. S(0) ≠ N-1).

La méthode MCMC sera présentée dans le chapitre suivant. Les autres méthodes ont été exposées dans plusieurs travaux dans la littérature (*cf.* notamment Andersson et *al*. (2000) ou Allen et *al*. (2008)).

Conclusion

La dynamique d'une maladie infectieuse grippale est décrite par un modèle épidémiologique du type ***SEIR***. Ce modèle représente les individus en quatre compartiments (Susceptibles, Latents, Infectieux et Remis) schématisant leurs états au cours d'une épidémie grippale. La version la plus simple d'un modèle ***SEIR*** formalise les transferts des individus entre les différents compartiments en faisant recours à des hypothèses simplificatrices de la réalité. Qu'il soit déterministe ou stochastique, ce modèle suppose une diffusion homogène de l'infection dans la population. Parfois, cette hypothèse n'est pas réaliste du fait notamment de la structure par âges de la population et les contacts hétérogènes entre les infectieux et les susceptibles (*i.e.* les contacts ne se font pas avec la même probabilité). Par ailleurs, les données disponibles sur un processus épidémique sont partielles en réalité. Dans ce cas, le modèle est estimé par différentes méthodes à savoir : la méthode des martingales, la méthode E-M ou encore la méthode MCMC.

Il faut savoir utiliser ainsi d'autres extensions du modèle ***SEIR*** plus adaptées à la situation considérée et la nature des données disponibles, qui considèrent la population divisée en plusieurs groupes distincts, à l'intérieur desquels la diffusion de la maladie est homogène, alors qu'entre ces groupes, la diffusion est hétérogène. Le chapitre suivant présentera une extension du modèle ***SEIR*** adaptée à ce contexte.

CHAPITRE 2
LE MODELE SEIR STOCHASTIQUE : CAS DES DONNES PARTIELLES ET PRISE EN COMPTE DE L'HETEROGENEITE

Le modèle épidémiologique ***SEIR*** est utilisé pour décrire la dynamique d'une épidémie grippale. Nous avons décrit la version la plus simple de ce modèle dans le chapitre précédent. Cette version 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'âges (*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.

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 de ce chapitre 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 ces 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 groupes d'âges.

Après avoir expliqué l'introduction de l'hétérogénéité de la structure sociale, nous allons présenter le modèle ***SEIR*** stochastique prenant en compte cette hétérogénéité. Nous allons exposer ensuite la méthodologie retenue dans l'estimation de ce modèle par la méthode MCMC.

1. Introduction de l'hétérogénéité de la structure sociale de population

Nous considérons une population fermée[29] 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.

[29] Les effets démographiques seront ignorés tout au long de ce chapitre.

1.1. Structure par âges de la population

Nous rappelons d'abord que le taux d'infection décrit la relation entre un susceptible et un infectieux et qu'il se définit par le rapport entre le nombre cumulé d'infectés à la fin de l'épidémie et le nombre initial des susceptibles.

La population est supposée divisée en ***n*** classes d'âges (*i.e.* les individus de même classe d'âges appartiennent à la même cohorte d'âges). 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'âges **i** (avec : **i**=1,..., ***n***) que ce soit par un infectieux appartenant à la même classe d'âges ou à une classe d'âges différente.

Ce taux est supposé constant pour chaque classe d'âges (*i.e.* β_i est le même pour deux individus de même âge durant l'épidémie) 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'âges **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'âges **i** au début de l'épidémie (*i.e.* à la date ***t***=0) supposé fixe et connu. Toute la population de cette classe d'âges 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'âges **i**).

Dans tout ce qui suit de ce chapitre, nous notons pour une classe d'âges 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.

1.2. 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≠j et i,j=1,...,***K***). Les contacts entre chaque paire des sommets sont supposés indépendants.

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 dés 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.2.5**) : un individu devient infecté dés 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.

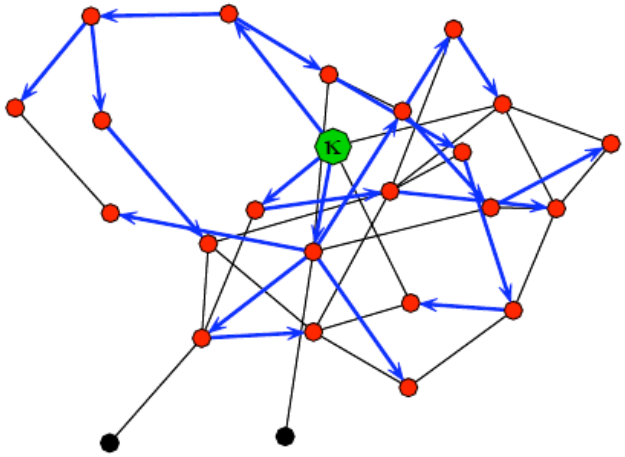


Fig.2.5. Diffusion de la maladie dans une population dont les contacts sociaux suivent un graphe de Bernoulli : *k* est le premier individu infecté, les flèches bleues illustrent la transmission de la maladie, les individus infectés sont identifiés par les sommets rouges et ceux non touchés par la maladie sont identifiés par les sommets noirs[30]

Cette dynamique est différente à celle décrite par un modèle ***SEIR*** standard. En effet, le modèle ***SEIR*** standard 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 subit 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'âges 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 dés qu'un contact social aléatoire soit subit entre un infectieux et un susceptible.

2. Présentation du modèle SEIR stochastique en présence d'une hétérogénéité de la structure sociale

Nous nous plaçons toujours dans une population fermée et de structure sociale hétérogène. Cette population est divisée en plusieurs classes d'âges. 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'âges, la diffusion de la maladie est supposée homogène et est décrite par un modèle ***SEIR*** stochastique.

[30] Source : Groendyke et *al*. (2010,1), p 6.

Comme nous l'avons expliqué dans le chapitre précédent, le modèle ***SEIR*** stochastique associe une distribution de probabilité à chacun des paramètres du modèle, en particulier la période latente T_E et la période d'infection T_I :

- T_E suit une loi Gamma de paramètres κ_E et θ_E.
- T_I suit une loi Gamma de paramètres κ_I et θ_I.

Groendyke et *al*. (2010) 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 de l'épidémie[31].

Par ailleurs, la période de transmission de la maladie d'un infectieux à un susceptible est modélisée par une loi exponentielle de moyenne $1/\beta$.

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

L'estimation des paramètres de ce modèle dépend de la nature des données disponibles. Dans le cas des données partielles, l'inférence peut se faire à l'aide des trois méthodes : la méthode bayésienne de MCMC (*Markov Chain Monte Carlo*), la méthode des martingales et la méthode E-M (*Expectation-Maximisation*).

Nous nous intéresserons tout particulièrement à l'inférence bayésienne par la méthode MCMC.

3. Inférence Bayésienne par la méthode MCMC du modèle SEIR stochastique en présence d'une hétérogénéité de la structure sociale

Pour une population appartenant à la même classe d'âges (de taille ***K***), nous nous plaçons dans le cas où certaines données sont disponibles sur le processus épidémique. Ces données peuvent être relatives aux dates exactes d'infection et/ou d'infectiosité[32] et/ou de rémission (ces dates ne sont pas généralement observées dans une épidémie grippale) ainsi qu'aux durée latente et /ou durée d'infection.

L'estimation des paramètres du modèle ***SEIR*** stochastique se fait à l'aide de l'inférence bayésienne basée sur les méthodes MCMC.

Nous allons décrire, d'abord, le principe général de l'inférence bayésienne par la méthode MCMC en se concentrant sur la technique d'échantillonnage de Gibbs. Nous allons présenter, ensuite, les principaux résultats de l'algorithme MCMC retenu pour l'estimation des paramètres du modèle ***SEIR*** stochastique.

[31] Nous notons que Britton et *al*. (2002) ont choisi une loi exponentielle pour T_E et T_I.

[32] La date d'infectiosité désigne la date à laquelle l'individu infecté devient infectieux.

3.1. L'inférence Bayésienne par la méthode MCMC

L'intérêt de l'application de l'approche bayésienne par la méthode MCMC aux modèles épidémiologiques réside dans le fait qu'elle permet de simuler au final une distribution appelée « distribution a posteriori » pour chaque paramètre du modèle à partir des données partielles relatives aux ***K*** individus de chaque groupe d'âges. Cela se fait à l'aide des algorithmes de simulation dont l'algorithme de Metropolis-Hastings et l'algorithme de Gibbs (ou la méthode d'échantillonnage de Gibbs) font partie.

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 ***p***). C'est pour cela que nous allons nous intéresser à décrire la technique d'échantillonnage de Gibbs dans cette partie

Le lecteur intéressé peut se référer à Gilks et *al* (1995) et Ross (2002) pour les autres techniques MCMC.

Avant de décrire la technique d'échantillonnage de Gibbs, nous allons présenter quelques rappels sur les méthodes Bayésiennes.

3.1.1 Rappel sur les méthodes Bayésiennes

Soit $y = (y_1,...,y_K)$ un vecteur de ***K*** observations dont la distribution de probabilité $p(y|\theta)$ dépend de ***k*** paramètres $\theta' = (\theta_1, \theta_2,..., \theta_k)$ et où θ possède une distribution de probabilité $p(\theta)$.

$p(\theta)$ est appelée la distribution marginale de θ connue également comme la distribution « a priori » de θ. Elle représente l'incertitude sur la valeur de θ avant d'avoir observé les données ***y***.

Nous définissons la relation suivante : $p(y|\theta)\,p(\theta) = p(y,\theta) = p(\theta|y)\,p(y)$

- **<u>Théorème de Bayes</u>**

En supposant que les données y sont observées mais θ est inconnu. La distribution d'intérêt est alors

la densité conditionnelle $p(\theta|y)$. Elle est dérivée à l'aide du théorème de Bayes :

$$p(\theta|y) = \frac{p(y|\theta)\,p(\theta)}{p(y)} = cp(y|\theta)\,p(\theta) \qquad \textbf{(1)}$$

, où : ***c*** est une constante de normalisation[33].

La distribution conditionnelle $p(\theta|y)$ est connue comme la distribution « a posteriori » de θ puisqu'elle décrit l'incertitude après avoir observé les données y.

[33] ***c*** permet de s'assurer que la distribution a posteriori est une distribution de probabilité dont l'intégrale (si θ est continu) ou la somme (si θ est discrète) sur la domaine de définition de θ est égale à 1.

- **Fonction de Vraisemblance**

Connaissant les données y, nous pouvons exprimer $p(y|\theta)$ en fonction de θ et on l'appellera « fonction de vraisemblance de θ pour y donnée ». Elle est notée par $L(\theta|y)$ et le théorème de Bayes se réécrit alors par[34] :

$$p(\theta|y) \propto L(\theta|y)\, p(\theta) \qquad \textbf{(2)}$$

Ainsi, **Distribution a posteriori $\propto$ vraisemblance x Distribution a priori**

La fonction de vraisemblance joue un rôle important dans le théorème de Bayes. Elle permet de montrer comment les données **y** modifient la connaissance a priori sur θ.

- **Quelques caractéristiques de la distribution a posteriori de θ**

La notation générale $E[g(\theta)|y]$ permet d'inclure la moyenne a posteriori de θ notée par $E[\theta|y]$ (où : $g(\theta) = \theta$), la matrice de covariances a posteriori de θ notée par $V[\theta|y]$ (où : $g(\theta) = (\theta - E[g(\theta)|y])^2$) et la probabilité $p[\theta \in A|y]$ (où : $g(\theta) = 1_{[\theta \in A]}$).

A l'aide du théorème de Bayes, on définit $E[g(\theta)|y]$ par :

$$E[g(\theta)|y] = \int g(\theta)\, p(\theta|y) d\theta \propto \frac{\int g(\theta) L(\theta|y)\, p(\theta)\, p d\theta}{\int L(\theta|y)\, p(\theta)\, p d\theta} \qquad \textbf{(3)}$$

- **L'information a priori sur θ**

Comme on le voit dans les formules **(1)**, **(2)** et **(3)**, l'information a priori joue un rôle clé dans une analyse bayésienne.

L'information a priori peut provenir d'études précédentes traitant des données semblables. L'analyse bayésienne sera subjective dans ce cas puisqu'on essaie de refléter les informations a priori (inclues d'une façon subjective par l'analyste) dans la loi a posteriori des paramètres. L'utilisation des lois a priori informatives sera détaillée dans l'application de l'inférence bayésienne pour le modèle ***SEIR***[35].

La distribution a priori « non informative » est décrite par une loi a priori non informative dont la calibration reflète l'ignorance totale de toute information subjective sur la distribution a priori des paramètres. Pour cela, on peut adopter une loi avec une variance très élevée ou même une loi « impropre ». Une loi est dite impropre quand sa densité ne s'intègre pas à 1 comme par exemple la loi $p(\theta) = h$ (où : h est une constante). Dans ce cas, la loi a posteriori aura la même forme que la fonction de vraisemblance (*i.e.* $p(\theta|y) \propto L(\theta|y)$). Pour une revue détaillée sur la meilleure façon de caractériser l'ignorance, le lecteur peut se référer à Bernardo (1994).

---

[34] Le signe $\propto$ indique que la vraisemblance est multipliée par une constante (c). Cette multiplication n'a aucun effet sur la distribution a posteriori.

[35] *Cf.* le chapitre 2 de l'étude empirique (partie 3).

Dans une analyse bayésienne, l'estimation de la distribution a posteriori se fait souvent en utilisant des techniques numériques du type Monte Carlo par Chaînes de Markov (MCMC) surtout si la dimension de θ est élevée. L'une de ces techniques est l'échantillonnage de Gibbs que nous allons expliquer dans le paragraphe suivant.

3.1.2 Méthodes de Monte Carlo par Chaîne de Markov : Technique d'échantillonnage de Gibbs

Les techniques d'échantillonnage basées sur des chaînes markoviennes, comme la technique d'échantillonnage de Gibbs, permettent de faciliter les applications empiriques de la méthodologie bayésienne à un point tel qu'elles deviennent souvent plus simples que leur équivalent classiques (*e.g.* l'algorithme de Metropolis-Hastings).

Après avoir décrit l'idée de base des techniques d'échantillonnage, nous allons exposer le principe des techniques d'échantillonnage basées sur les chaînes markoviennes. Nous allons décrire ensuite l'algorithme de Gibbs.

- **Idée de base des techniques d'échantillonnage**

Nous supposons qu'une variable aléatoire θ est décrite par la densité $p(\theta)$, et supposons que nous voulons calculer l'espérance $E[g(\theta)] = \int g(\theta)\, p(\theta) d\theta$. Le calcul de cette intégrale devient très difficile si l'intégrale ne possède pas une expression analytique et si θ est un vecteur de dimension assez élevée. Supposons maintenant qu'il sera possible de simuler n réalisations tirées de la densité $p(\theta)$. Nous aurons ainsi un échantillon $\{\theta^i\}_{i=1,\ldots,n}$. Sous certaines conditions de régularité, la statistique $n^{-1}\sum_{i=1}^{n} g(\theta^i)$ est un estimateur convergent de l'espérance $E[g(\theta)]$. On note que le niveau de précision de l'estimation est lié à la valeur de ***n*** et que l'application de cette approche ne sera pas affectée par la dimension de θ si le tirage des variables aléatoires de la loi $p(\theta)$ sera possible. Ce tirage peut se faire à l'aide des techniques d'échantillonnage basées sur les chaînes markoviennes.

- **Techniques d'échantillonnage basées sur les chaînes markoviennes**

Les techniques d'échantillonnage de ce type se basent sur la théorie des chaînes markoviennes. Une séquence de variables aléatoires $\{\theta^i\}_{i=1,\ldots,n}$ est une chaîne markovienne de premier ordre si la distribution conditionnelle $p\left(\theta^i \middle| \theta^{i-1}, \theta^{i-2}, \ldots\right)$ est une fonction de θ^{i-1} seulement c'est-à-dire $p\left(\theta^i \middle| \theta^{i-1}, \theta^{i-2}, \ldots\right) = p\left(\theta^i \middle| \theta^{i-1}\right)$. Plus généralement, une chaîne de Markov est dite d'ordre ***p*** si la distribution conditionnelle est une fonction des ***p*** observations précédentes.

Nous considérons une chaîne markovienne de premier ordre $\{\theta^i\}_{i=1,\ldots,n}$ ayant une densité $p\left(\theta^i \middle| \theta^{i-1}\right)$ et nous supposons que la valeur θ^0 est connue. La séquence des lois conditionnelles $\left\{p\left(\theta^i \middle| \theta^0\right)\right\}_{i=1,\ldots,\infty}$ est décrite par cette formule générale :

$$p\left(\theta^i \middle| \theta^0\right) = \int \ldots \int p(\theta^i, \theta^{i-1}, \ldots, \theta^1 \middle| \theta^0)\, d\theta^{i-1} \ldots d\theta^1 = \int \ldots \int \prod_{j=1}^{i} p(\theta^j \middle| \theta^{j-1}) d\theta^{i-1} \ldots d\theta^1$$

Si la chaîne $\{\theta^i\}_{i=1,...,n}$ est ergodique[36] alors la séquence des lois conditionnelles $\{p(\theta^i|\theta^0)\}_{i=1,...,\infty}$ converge vers la loi marginale $p(\theta)$ quelque soit la valeur θ^0 (*cf.* Stokey et *al.* (1989)). Si cette convergence se produit avant la réalisation ***m***, la séquence des ***n*** réalisations suivantes $\{\theta^i\}_{i=m+1}^{m+n}$ constitue un échantillon de données corrélées ayant la même densité inconditionnelle et la moyenne de la statistique $n^{-1}\sum_{i=m+1}^{m+n} g(\theta^i)$ converge presque sûrement vers $E[g(\theta)]$.

Cette technique d'échantillonnage basée sur des chaînes markoviennes constitue un outil permettant de simuler la distribution a posteriori $p(\theta|y)$ comme nous allons le voir dans la technique d'échantillonnage de Gibbs.

- **<u>Technique d'échantillonnage de Gibbs</u>**

Nous supposons qu'on a un vecteur de paramètres $\theta = (\theta_1, \theta_2, ..., \theta_j, ..., \theta_J)'$ où θ_j est un élément ou un sous-ensemble de θ. On définit la distribution conditionnelle $p(\theta_j|\theta_{-j}, y)$ où : θ_{-j} est l'ensemble des paramètres autres que θ_j. Nous faisons l'hypothèse suivante : il est possible de simuler des tirages artificiels de θ_j à partir de la distribution $p(\theta_j|\theta_{-j}, y)$ (qui est standard en générale). On peut générer ainsi une séquence aléatoire selon cet algorithme :

Pour un tirage n° i permettant de générer $\theta^i = (\theta_1^i, \theta_2^i, ..., \theta_j^i, ..., \theta_j^i)'$, on a :

$$\left.\begin{array}{ll}
\theta_1^i \approx p(\theta_1|\theta_2^{i-1}, \theta_3^{i-1}, ..., \theta_J^{i-1}, y) & \text{une itération} \\
\theta_2^i \approx p(\theta_1|\theta_1^i, \theta_3^{i-1}, ..., \theta_J^{i-1}, y) & \text{une itération} \\
\theta_3^i \approx p(\theta_3|\theta_1^i, \theta_2^i, ..., \theta_J^{i-1}, y) & \text{une itération} \\
..... & \\
\theta_J^i \approx p(\theta_J|\theta_1^i, \theta_2^i, ..., \theta_{J-1}^i, y) & \text{une itération}
\end{array}\right\} \textbf{ un tour}$$

Cet algorithme décrit une chaine de Markov de premier ordre vu que la distribution conditionnelle d'un tirage dépend de la réalisation du tirage précédent. De plus, si la densité conditionnelle $p(\theta_j|\theta_{-j}, y)$ est positive quelles que soient les valeurs possibles de θ_{-j}, la chaîne est ergodique. Ainsi, la chaîne de Markov résultante des tirages de cet algorithme converge vers sa distribution stable à savoir la distribution a posteriori de θ (i.e. $p(\theta|y)$).

Pour que la propriété de convergence de la statistique $n^{-1}\sum_{i=m+1}^{m+n} g(\theta^i)$ vers $E[g(\theta)]$ décrite précédemment soit vérifiée, nous utilisons des valeurs de θ générées à chaque J itérations (*i.e.* un tour)

[36] Une chaîne de Markov est dite ergodique s'il sera possible de passer d'une réalisation ***a*** dans la chaîne vers n'importe quelle autre réalisation ***b***.

pour que chaque tirage soit différent de l'autre. Notons que si n est très grand, cette propriété de convergence sera toujours vérifiée.

De même, si m est très grand, la valeur de départ θ^0 n'aura aucun effet sur les réalisations générées puisque la chaîne de Markov est ergodique.

3.2. Estimation du modèle SEIR par la méthode MCMC

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

En particulier, l'estimation du modèle consiste à déterminer une distribution a posteriori pour les paramètres suivants β , κ_E , θ_E , κ_I , θ_I et p à l'aide de la méthode d'échantillonnage de GIBBS.

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 notre étude empirique.

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 pour chaque paramètre**

  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.

- **Une distribution a priori conjuguée pour chaque paramètre**

  Nous avons vu dans les rappels sur les méthodes bayésiennes que la distribution a posteriori d'un paramètre s'exprime en fonction de la vraisemblance de modèle et la distribution a priori (voir formule **(2)**).

  Supposons que la fonction de vraisemblance soit fixée. 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 (*e.g.* famille des lois exponentielles qui regroupe les distributions Poisson, Exponentielle, Gamma, Binomiale et Normale). La distribution a priori est appelée alors « une distribution a priori conjuguée ». Le choix de cette distribution est intéressant dans le sens où si la loi a priori est fixée, le calcul de la loi a posteriori sera exact et rapidement mis en place dans l'algorithme d'échantillonnage de Gibbs.

  L'ensemble des distributions a priori conjuguées et distributions a posteriori utilisées pour les paramètres β , κ_E , θ_E , κ_I , θ_I et p du modèle ***SEIR*** stochastique est mentionné dans le tableau **Tab.2.1**.

Tab.2.1. Distributions a priori conjuguée et Distribution a posteriori des paramètres du modèle SEIR stochastique

Paramètre	Distribution a priori conjuguée	Distribution a posteriori
p	*Beta*	*Beta*
β	*Gamma*	*Gamma*
κ_E	*Gamma*	*Gamma*
κ_I	*Gamma*	*Gamma*
θ_E	*Inverse Gamma*	*Inverse Gamma*
θ_I	*Inverse Gamma*	*Inverse Gamma*

Compte tenu de ces distributions et en se référant à Fink (1995), nous pouvons déduire que la vraisemblance du modèle est Poissonnienne pour les paramètres β, κ_E et κ_I et elle est Exponentielle pour θ_E et θ_I. Cela se justifie par le fait que la distribution a posteriori est conditionnelle aux dates d'infection, d'infectiosité et de rémission et que ces dates suivent généralement une loi exponentielle ou de poisson (*i.e.* $p(y|\theta) \approx$ exponentielle ou $p(y|\theta) \approx poisson$, avec y est l'ensemble des dates d'infection, d'infectiosité et de rémission et θ le vecteur des paramètres). Nous remarquons ici que la distribution a priori, la distribution a posteriori et la vraisemblance du modèle appartiennent à la famille des lois exponentielles.

Pour le paramètre p, la vraisemblance du modèle est bien évidemment une Bernoulli.

Dans les deux cas de choix des distributions a priori, le calibrage de ces distributions peut être informatif ou non informatif[37].

Notons que dans le cas où le calibrage est informatif, nous pouvons utiliser des informations médicales relatives à quelles que variables du modèle (*i.e.* durée d'infection, durée latente, le taux d'infection) pour calibrer la loi a priori.

3.3. Utilité de l'estimation du modèle par la méthode MCMC

L'inférence bayésienne du modèle ***SEIR*** par la méthode MCMC permet de fournir au final une distribution a posteriori pour chacun de ces paramètres : $\beta, \kappa_E, \theta_E, \kappa_I, \theta_I$ et p. Ces distributions seront utiles dans le sens où elles permettront de déterminer d'autres distributions des variables caractérisant le processus épidémique à savoir : le nombre cumulé des infectés à la fin d'une épidémie (noté m), la période la latente T_E, la période d'infection T_I et le nombre de reproduction de base R_0.

[37] Ce calibrage sera illustré dans l'étude empirique de ce mémoire (*cf.* le chapitre 2 de la partie 3).

En effet :

- Le taux d'infection β est défini par le rapport entre le nombre cumulé des infectés à la fin d'une épidémie ***m*** et le nombre initial des susceptibles supposé fixe et connu (noté ***S(0)***). De ce fait, la distribution du β permet de déduire la distribution empirique de ***m*** (tel que : ***m*= β * S(0)**).

- La période latente T_E suit une distribution Gamma de paramètres κ_E et θ_E. La moyenne de cette période est $\kappa_E\theta_E$ et sa variance est $\kappa_E\theta_E^2$. Les distributions des paramètres κ_E et θ_E permettent de déduire les distributions empiriques de la moyenne et de la variance de T_E.

- La période d'infection T_I suit une distribution Gamma de paramètres κ_I et θ_I. La moyenne de cette période est $\kappa_I\theta_I$ et sa variance est $\kappa_I\theta_I^2$. Les distributions des paramètres κ_I et θ_I permettent de déduire les distributions empiriques de la moyenne et de la variance de T_I.

- Le taux de reproduction de base R_0 est défini dans le modèle par :

$$R_0 = K.p.\left(1-\left(\frac{1}{1+\beta\theta_I}\right)\right)^{\kappa_I}$$

Où : ***K*** est la taille de la classe d'âges.

D'après cette formule, les distributions des paramètres ***p***, β, κ_I et θ_I permettent de déduire la distribution empirique de R_0.

Conclusion

L'hétérogénéité de la diffusion d'une épidémie grippale dans une population provient à la fois de la structure par âges de la population et les contacts sociaux aléatoires.

Nous avons présenté au niveau de ce chapitre un modèle ***SEIR*** stochastique adapté à cette situation réaliste. Ce modèle considère que d'un coté la population est divisée en groupes d'âges distincts, à l'intérieur desquels la diffusion de la maladie est supposée homogène (*i.e.* taux de transmission de l'infection varie selon la classe d'âges). D'un autre côté, la diffusion de la maladie dépend des contacts sociaux aléatoires entre les infectieux et les susceptibles.

Dans le cas où le processus épidémique n'est pas complètement observé, l'estimation de ce modèle se fait à l'aide de l'inférence bayésienne *via* la méthode MCMC. En faisant recours aux différentes hypothèses sur les distributions des paramètres du modèle, cette estimation est de grande utilité puisqu'elle permet de simuler au final des distributions empiriques pour les variables caractérisant l'épidémie. En particulier, elle fournit les distributions empiriques pour le nombre cumulé des infectés issus de l'épidémie, pour la durée latente et pour la durée de l'infection ainsi que pour le nombre de reproduction de base.

CONCLUSION

L'objectif de cette partie était de présenter un modèle épidémiologique permettant de décrire la dynamique d'une maladie infectieuse grippale.

Le modèle compartimentale ***SEIR*** (incluant quatre compartiments : Susceptibles, Latents, Infectieux et Remis) est le modèle utilisé actuellement pour comprendre la dynamique d'une pandémie de grippe notamment dans les études de la politique de santé publique de lutte contre ce risque.

Ce modèle formalise par des équations mathématiques le transfert des individus d'un compartiment à un autre qui dépendent essentiellement des hypothèses relatives aux mécanismes de transmission de la maladie.

Dans la version la plus simple du modèle ***SEIR***, nous supposons que la structure de la population est homogène. Cela implique qu'un infectieux transmet la maladie aux susceptibles d'une manière indépendante et équiprobable avec le même taux d'infection. Cette hypothèse n'est pas réaliste notamment pour deux raisons. D'une part, la structure d'âges de la population qui considère que le taux d'infection varie d'un groupe d'âges à un autre et d'autre part, la transmission de la maladie qui dépend des contacts sociaux aléatoires.

Groendyke et *al*. (2010,1) ont introduit un modèle ***SEIR*** stochastique tenant compte l'hétérogénéité des contacts sociaux uniquement. En supposant que la diffusion de la maladie est homogène au sein d'un groupe d'âges, nous avons adapté ce modèle à une structure par âges de la population pour aboutir finalement à un modèle ***SEIR*** reflétant mieux la réalité.

Le processus d'une épidémie grippale est partiellement observé en général. Le modèle ***SEIR*** est estimé dans ce cas à l'aide de la méthode *Markov Chaine Monte Carlo* en faisant recours à l'inférence bayésienne et à des simulations du type Monte Carlo.

L'estimation du modèle fournit au final des distributions empiriques pour les variables caractérisant le processus épidémique notamment pour le nombre cumulé des infectés issus de l'épidémie, pour la durée latente et pour la durée de l'infection.

Nous allons illustrer dans la partie suivante, formant la partie empirique, 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 l'impact d'une pandémie grippale sur les garanties d'un portefeuille prévoyance.

PARTIE 3

CONSTRUCTION D'UN MODELE INTERNE D'EVALUATION DU RISQUE CATASTROPHE D'UNE PANDEMIE GRIPPALE EN ASSURANCE PREVOYANCE

INTRODUCTION

Le cadre technique imposé par « Solvabilité 2 » a pris en considération le scénario d'une pandémie grippale parmi les scénarios catastrophiques afin d'évaluer le chargement en capital SCR lié au risque catastrophe en assurance vie et santé.

Pour les assureurs vie et santé souhaitant la construction d'un modèle interne (total ou partiel) d'évaluation du risque catastrophe, « Solvabilité 2 » précise que l'évaluation du SCR doit se faire sur des scénarios de pandémie bicentenaires (*i.e.* de période de retour de 200 ans).C'est notamment le cas pour l'assurance vie où l'évaluation du SCR de couverture du risque de mortalité engendré par une pandémie grippale est basée sur une calibration du choc de mortalité liée à une pandémie bicentenaire. Ce choc est estimé à partir d'un modèle épidémiologique construit par Swiss Re.

En plus du risque de mortalité qui touche les garanties vie, une pandémie engendre un risque de morbidité (*e.g.* hospitalisation, incapacité, ...) qui touche les garanties santé et arrêt de travail.

Un portefeuille prévoyance collectif ou individuel inclut à la fois des garanties vie et santé. Les risques de mortalité et de morbidité d'une pandémie grippale touchent ainsi les garanties prévoyance.

La mise en place d'un modèle interne (total ou partiel) d'évaluation du SCR du risque catastrophe d'une pandémie grippale sur un portefeuille d'assurance prévoyance conduit donc à devoir construire un modèle permettant de caractériser les risques de mortalité et de morbidité liés à un scénario d'une pandémie grippale bicentenaire.

La présente partie est organisée de la manière suivante : nous allons présenter dans un premier chapitre les scénarios de pandémie grippale qui seront retenus tout au long du notre étude. Le deuxième chapitre est consacré à la modélisation épidémiologique de ces scénarios. Dans le troisième chapitre, nous allons estimer les paramètres des risques de mortalité et de morbidité d'un scénario pandémique bicentenaire afin de proposer finalement une évaluation du SCR de couverture de ces risques sur les différentes garanties prévoyance.

CHAPITRE 1

PRESENTATION DES SCENARIOS DE PANDEMIE GRIPPALE

Ce chapitre vise à présenter les scénarios de pandémie grippale qui seront modélisés dans la suite de notre étude empirique.

Il convient de souligner que les données relatives aux différents scénarios ne tiennent pas compte des interventions mises en place face à une pandémie de grippe (vaccination, isolement, limitation de transports, ...).

Nous avons retenu deux scénarios pandémiques à savoir un scénario grave et un scénario modéré. Avant de présenter ces deux scénarios, nous allons décrire d'abord les facteurs généraux à prendre en considération dans l'élaboration d'un scénario de pandémie grippale.

1. Considérations générales d'un scénario de pandémie grippale

En 2009, l'institut canadien des actuaires a publié un document de recherche précisant les considérations relatives à l'élaboration d'un scénario de pandémie grippale pour un portefeuille d'assurance (*cf.* Institut Canadien des Actuaires (2009)). En se référant à ce document, les facteurs à prendre en compte dans les scénarios de pandémies grippales sont présentés dans la figure **Fig.3.1** et seront décrits dans ce qui suit de ce paragraphe.

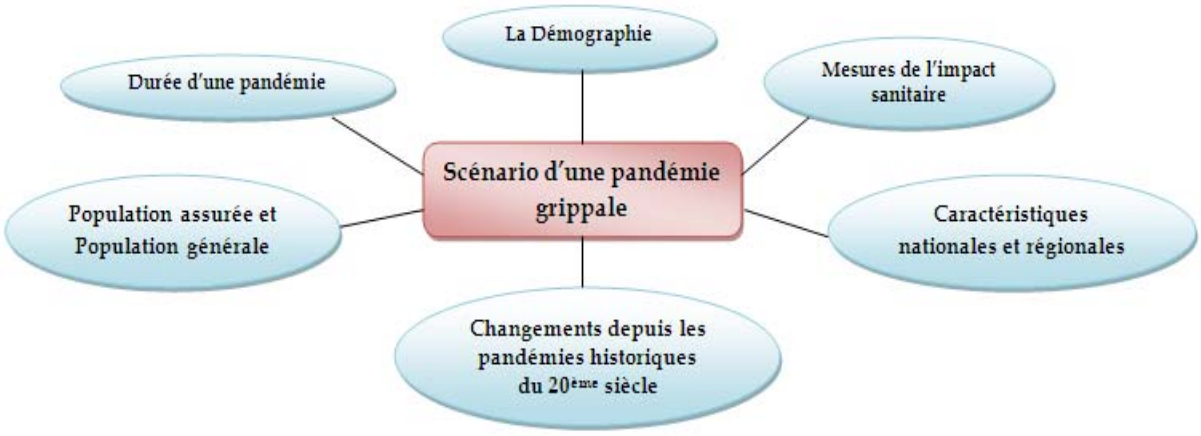


Fig.3.1. Facteurs généraux à prendre en compte dans un scénario d'une pandémie grippale

1.1. Mesures de l'impact sanitaire

Les mesures de l'impact sanitaire regroupent essentiellement des mesures liées à la morbidité (à savoir le taux d'attaque au plan clinique et le taux de complication) et des mesures liées à la mortalité (à savoir le taux de létalité).

1.1.1. Le taux d'attaque au plan clinique (ou le taux d'infection)

Le taux d'attaque au plan clinique (ou le taux d'infection) représente le pourcentage de la population qui, selon les prévisions, sera infecté par la maladie au cours d'une pandémie. Il se définit alors par le nombre cumulé de malades à la fin d'une épidémie (ou une vague épidémique) rapporté à la population susceptible au début de l'épidémie.

Il est difficile d'obtenir des données précises et détaillées sur les taux d'attaque au plan clinique, mais plusieurs observations révèlent des taux qui varient fortement selon l'âge (voir par exemple : Glezen (1996) et Bernillon et *al.* (2009)). De façon générale, le virus grippal se propage plus facilement aux jeunes qu'aux aînés parce qu'ils ont habituellement davantage de contacts avec d'autres personnes. De plus, les personnes aînées ont été exposées à de nombreux virus grippaux par le passé et sont donc en partie plus immunisées par rapport aux jeunes et aux enfants. Les taux d'attaque au plan clinique ont la tendance ainsi à être les plus élevés pour les enfants d'âge scolaire et les jeunes et les plus faibles pour les personnes âgées.

1.1.2. Le taux de létalité

Le taux de létalité représente la proportion des personnes infectées qui décéderont de la maladie. Les données fournies dans la littérature sur les taux de létalité sont issues d'épidémies importantes ou de pandémies grippales passées. Ces taux dépendent généralement de plusieurs facteurs :

- La gravité de la maladie ou la virulence du virus grippal. Les observations issues des pandémies historiques ont montré que le virus A(H1N1) de la grippe espagnole 1918 était le plus virulent et a engendré des taux de létalité beaucoup plus élevés par rapport au virus A(H2N2) de la grippe asiatique 1957 et au virus A(H3N2) de la grippe de Hong Kong 1968.
- Le risque de complications liées à la grippe. A titre d'exemple, une personne diabétique infectée par la grippe présente un risque de complication et d'aggravation de la maladie plus élevé par rapport à une personne infectée non diabétique. La première personne présente ainsi une forte chance de décéder par rapport à la deuxième.
- L'âge des individus : Les pandémies historiques nous montrent que la mortalité enregistrée diffère selon les classes d'âges[38]. En effet, la mortalité enregistrée dans la classe des jeunes était très élevée par rapport à celle dans la classe des aînés pendant la grippe espagnole 1918 et vice-versa pendant la grippe asiatique 1957 ou la grippe de Hong Kong 1968.

[38] *Cf.* paragraphe 3.1, chapitre 1, partie 1.

1.1.3. Le taux de complication (ou le taux d'hospitalisation)

Le taux de complication peut être approché par le taux d'hospitalisation quand celui-ci reflète la prise en charge des cas sévères. Le taux d'hospitalisation pour syndrome grippal se définit par le nombre des patients hospitalisés pour syndrome grippal divisé par la population infectée sur une période donnée. Ce taux doit être interprété avec prudence en raison de capacités hospitalières et de politiques d'hospitalisations différentes d'un pays à un autre.

Comme le taux de létalité, le taux d'hospitalisation varie selon trois facteurs (*cf*. Cohuet et *al*. (2009) et CDC (2009)) : Le risque de complications liées à la grippe (la population à risque élevé de complications aura tendance à avoir un taux d'hospitalisation plus élevé par rapport la population à faible risque), l'âge (les petits enfants et les personnes très âgées présentent des taux d'hospitalisation plus élevés par rapport aux adultes et aux jeunes) et la gravité de la maladie (plus le virus grippal est virulent plus élevé sera le taux d'hospitalisation).

1.2. La démographie

Puisque les différentes mesures d'impact sanitaire d'une pandémie grippale varient sensiblement selon l'âge, il sera important de tenir compte la différence entre la structure d'âges de la population étudiée dans le scénario de pandémie et de la population de laquelle les hypothèses de morbidité et de mortalité ont été tirées. Par exemple, si on veut appliquer sur la population française des taux d'infection estimés sur la population américaine, cette application ne sera adéquate que si les taux d'infection sont tirés par structure d'âges américaine semblable à la structure française.

1.3 Caractéristiques régionales et nationales

Comme toutes les maladies infectieuses, la mortalité imputable à une pandémie de grippe est plus faible dans les pays les plus développés. Pour un pays donné, il convient de prendre en compte certaines caractéristiques influeront sur les éventuels effets d'une pandémie comme l'accès aux soins de santé et le niveau de préparation face à une pandémie (disponibilité des produits pharmaceutiques et de la vaccination contre le virus de grippe,...).

1.4 Changements depuis les pandémies historiques du 20ème siècle

Depuis les célèbres pandémies du 20ème siècle, plusieurs changements ont été produits. D'une part, le monde est maintenant beaucoup mieux préparé face aux risques d'une pandémie. De nombreux changements peuvent entraîner une baisse de mortalité et de morbidité en cas de survenance d'une pandémie future, comme la progression de la médecine (*e.g*. la découverte des antibiotiques en 1928, des vaccins contre la grippe en 1950, des médicaments antiviraux en 1970), la baisse du nombre d'épidémies de maladies contagieuses, la planification des interventions à l'échelle nationale ou internationale en cas de pandémie, la baisse de la mortalité globale, ...

D'autre part, le monde a également connu beaucoup de changements qui peuvent entraîner la hausse de la mortalité et de la morbidité issues d'une pandémie future ; comme le pourcentage élevé de la population âgée, la grande densité de la population, la mobilité croissante de la population qui pourrait accélérer considérablement la propagation du virus, ...

Il convient ainsi de remodeler les scénarios de pandémies historiques, appliqués sur la structure actuelle de la population, en prenant en compte ces divers changements.

1.5. La durée d'une pandémie

Une pandémie peut durer moins de 12 mois (*e.g.* la grippe asiatique et la grippe de Hong Kong) mais peut aussi durer pendant une période beaucoup plus longue comme c'était le cas de la grippe espagnole qui s'est propagée aux Etats-Unis en trois vagues sur une période totale de 18 à 24 mois.

Les effets sanitaires et économiques d'une pandémie dépendent fortement de la durée de celle-ci. D'un côté, si la pandémie s'étale sur une période longue, le système de soins de santé sera capable de répondre aux besoins de services d'hospitalisation et traitera d'avantage de malades. D'un autre côté, si la plupart des infections et des décès surviennent sur une période courte de quelques mois, l'impact économique pourrait être moins grave que s'ils sont répartis sur une longue période.

1.6. Population assurée et population générale

Les études de l'impact d'une pandémie sur les risques touchant un portefeuille de prévoyance ont montré que les effets d'une pandémie seront moins graves pour la population assurée en raison d'un état de santé généralement meilleur par rapport à la population globale d'un pays (*i.e.* mortalité faible dans la population assurée par rapport à la mortalité dans la population globale). A titre d'exemple, le ratio de mortalité de la population assurée par rapport à la population globale était de 60 % dans l'étude de GCAE (2006). La mortalité de la population assurée était estimée donc à 60 % de la mortalité globale.
Il convient de prendre en compte ainsi la différence entre la population assurée et la population générale à partir de laquelle sont tirées les observations relatives à la pandémie.

Après avoir décrit les principaux facteurs à prendre en compte dans l'élaboration d'un scénario de pandémie grippale, nous allons nous intéresser dans le paragraphe suivant à l'exposition des scénarios de pandémie de notre étude.

2. Présentation des scénarios de pandémie grippale

Nous considérons une population française « fictive[39] » de 3000 personnes divisée en trois classes d'âges : les enfants et les jeunes (de 0 à 19 ans), les adultes (de 20 à 64 ans) et les aînés (plus de 65 ans). Ces classes d'âges sont d'effectifs égaux soit donc 1000 personnes par classe d'âges.

En se référant à l'étude de l'Institut National de Veille Sanitaire (INVS) sur l'estimation de l'impact d'une pandémie grippale sur la population française (*cf.* Doyle et *al.* (2005)), chaque classe d'âges a été divisée en population à faible risque de complications liées à la grippe et en population à risque élevé de complications liées à la grippe. Ces complications surviennent « après l'infection » par le virus grippal et concernent donc les personnes malades.

Les groupes à risque de complication pour les différentes classes d'âges sont[40] :

- 50 % des personnes âgées de plus de 65 ans.
- Les sujets atteints d'une affection de longue durée : diabète (type 1 et 2), insuffisance cardiaque grave, troubles du rythme graves, cardiopathies valvulaires graves, cardiopathies congénitales graves, insuffisance respiratoire chronique grave, accident vasculaire cérébral invalidant, formes

[39] Le mot « fictive » signifie que la population étudiée est représentative d'une population française réelle mais pas avec des effectifs réels.
[40] Ces groupes sont repris directement de Doyle et *al*. (2005), page 3.

graves des affections neurologiques et musculaires, épilepsie grave, déficit immunitaire primitif grave, infection par le virus de l'immunodéficience humaine, néphropathie chronique grave, hémoglobinopathies, hémolyses chroniques, mucoviscidose.

- Les femmes enceintes (avec 2,5 % des grossesses touchant des femmes de moins de 20 ans).
- Les patients vivant en institution.
- Les enfants de moins de 2 ans.

Pour chaque classe d'âges, nous avons retenu les mêmes pourcentages de population à risque élevé de complications liées à la grippe fournis dans l'étude de l'INVS. Le tableau **Tab.3.1** donne un récapitulatif sur la population à étudier.

Tab.3.1. Effectif et proportion de la population à risque (faible/élevé) de complications liées à la grippe dans une population française

Classes d'âges	Population	% à risque/âge	population	
			à risque élevé de complications	à faible risque de complications
Moins de 20 ans	1000	**14 %**	140	860
de 20 à 64 ans	1000	**5 %**	50	950
65 ans ou plus	1000	**50 %**	500	500
Population totale	3000	**23 %**	690	2 310

Nous supposons que la population française est touchée par une pandémie grippale. Cette pandémie se déroule en deux vagues :

- Une première vague au cours de laquelle la population est supposée touchée par la grippe porcine de 2009 (*i.e.* virus A(H1N1)).

- Une deuxième vague à deux scénarios possibles. Le premier scénario correspond à une vague pendant laquelle la population est supposée touchée par un virus grippal similaire au virus A (H1N1) de la grippe espagnole de 1918. Le deuxième scénario correspond à une vague pendant laquelle la population est supposée touchée par un virus grippal similaire au virus A (H2N2) de la grippe asiatique de 1957 (ou au virus A (H3N2) de la grippe de Hong Kong de 1968).

Nous justifions notre choix de ces scénarios pandémiques par deux raisons : la première est qu'historiquement la souche (H1N1) a manifesté sur des vagues pandémiques comme c'était le cas dans la pandémie de la grippe espagnole de 1918 (où cette souche a manifesté 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.

La deuxième raison est que la vague de la grippe porcine A(H1N1) 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 (*i.e.* souche (H1N1)). Cette vague est terminée actuellement. Si le virus de grippe aviaire a subit 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.

Ainsi, deux scénarios de pandémie grippale sont possibles (*cf.* **Tab.3.2**) :

- **Un scénario grave** : avec une première vague de grippe porcine et une deuxième vague de grippe espagnole.
- **Un scénario modéré** : avec une première vague de grippe porcine et une deuxième vague de grippe asiatique (ou de grippe de Hong Kong).

Tab.3.2. Récapitulatif des scénarios de pandémie grippale

Scénarios	Vague 1		Vague 2	
	Grippe	Virus	Grippe	Virus
Scénario Grave	Porcine 2009	A(H1N1)	Espagnole 1918	A(H1N1)
Scénario Modéré	Porcine 2009	A(H1N1)	Asiatique 1957	A(H2N2)
			Hong Kong 1968	A(H3N2)

Dans ce qui suit, nous allons décrire ces deux scénarios et présenter les données relatives à leurs vagues.

2.1. Scénario grave d'une pandémie grippale

Le scénario grave d'une pandémie grippale se déroule en deux vagues : une première vague causée par le virus A(H1N1) de la grippe porcine suivie d'une deuxième vague causée par un virus dont la pathogénie est similaire au virus A(H1N1) de la grippe espagnole de 1918.

Deux hypothèses sont faites concernant l'importance relative des deux vagues : soit deux vagues identiques, soit respectivement un tiers et deux tiers pour la première et la seconde. Notons que ces mêmes hypothèses étaient retenues dans les scénarios de l'étude de l'INVS (2005).

Nous allons détailler par la suite les caractéristiques de chacune de ces deux vagues.

2.1.1 Une première vague : Virus A(H1N1) de la grippe porcine

Le virus A(H1N1) de la grippe porcine est un mélange de trois souches grippales différentes : une souche porcine classique (H1N1) présente depuis 1918, une souche aviaire (H5N1) et une souche humaine (H3N2). Ce nouveau virus a résulté d'une mutation de souche aviaire avec d'autres souches. La grippe porcine s'est transmet entre les hommes et elle était diffusée dans plusieurs pays du monde. L'OMS a déclaré ainsi l'état d'une vague épidémique dans plusieurs pays.

En France métropolitaine, les deux premiers cas infectés ont été confirmés en mai 2009 et la fin de la vague épidémique était déclarée en début janvier 2010[41]. Nous supposons donc que la première vague est d'une durée de 8 mois (soit 245 jours). Les caractéristiques de sa dynamique sont décrites par :

- **Les taux d'attaque au plan cliniques (ou les taux d'infection)**

L' «*Euro surveillance* » a publié une étude sur la distribution des infections causées par la grippe porcine par groupes d'âges en France (*cf.* Turbelin et *al*. (2009)). Le taux d'infection dans la population globale est estimé à 15 %. Ce taux varie d'une classe d'âges à une autre : moins de 20 ans (27 %), entre 20 et 64 ans (18 %) et plus de 65 ans (5 %). Les taux les plus élevés ont été enregistrés alors dans les classes des jeunes et des enfants. Les personnes âgées ont un taux d'infection très faible grâce à l'immunisation acquise depuis les épidémies passées (en particulier contre la souche H1N1).

- **Les taux de létalité**

D'après les données disponibles à ce jour, la mortalité causée par la grippe porcine reste très faible par rapport à la mortalité causée par la grippe saisonnière habituelle. En France, 312 décès ont été notifiés pendant toute la vague de la grippe porcine contre 250 000 et 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.

- **Les taux de complication (ou les taux d'hospitalisation)**

L'INVS a présenté un bilan épidémiologique des premiers cas hospitalisés de grippe porcine en France dans lequel elle a précisé que les taux d'hospitalisation étaient estimés en global entre 1 % et 2% (*cf*. Fuhrman et *al*. (2009)).
Une autre étude de l'INVS (*cf.* Doyle et *al*. (2005)) a estimé les taux d'hospitalisation (y compris l'hospitalisation des cas graves) en cas de survenance d'une pandémie grippale en France. Cette estimation était faite à l'aide d'une distribution triangulaire dont la borne inférieure (*i.e*. le taux minimal) et la valeur la plus probable (*i.e*. le taux moyen) différent selon la classe d'âges et selon le risque de complications liées à la grippe. Les personnes âgées (de plus de 65 ans) se caractérisent par des taux plus élevés par rapport aux autres.
Nous avons choisi de retenir les données de cette étude notamment pour les précisions qu'elle apporte pour les taux d'hospitalisation en fonction des groupes d'âges et de risque de complications.

- **Données cliniques**

Les données cliniques d'une grippe incluent la période latente, la période d'infection et le nombre de jours d'hospitalisation.

Le période latente et la période d'infection de la grippe porcine sont similaires à celles de la grippe saisonnière (*cf.* Cohuet et *al.* (2009)). La période latente s'étend sur 2 à 3j après l'infection jusqu'à 7j

[41] *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

généralement. La période d'infection s'étend sur 7j en générale et peut durer au-delà de 10j chez les enfants et les personnes âgées.

Pour la première vague du scénario, nous allons retenir une période latente de 2j au minimum, 3j en moyenne et 7j au maximum. Concernant la période d'infection, nous allons retenir une moyenne de 7j et un maximum de 10j.

Une étude publiée par l'INVS sur l'estimation du nombre de jours d'hospitalisation lors d'une pandémie grippale en France précise la durée moyenne de séjours aux hôpitaux par groupes homogènes de malades correspondant aux infections et inflammations répertoires (*cf*. Bonmarin et *al*. (2005)). En cas de faible risque de complications, cette durée sera de 7j chez les moins de 18 ans, de 9j chez les sujets âgés de 18 à 69 ans et de 16j dans le reste de la population. Concernant la population à risque élevé de complications, nous allons multiplier par 2,5 le nombre de jours pour chacun des groupes précédents. Ce coefficient était retenu, en effet, pour estimer le nombre maximal de séjour d'hospitalisation lors d'une pandémie.

Un récapitulatif des données ci-dessus relatives à la première vague du scénario grave est présenté dans le tableau **Tab.3.3**.

Tab.3.3 : Données relatives à la dynamique de la grippe pendant la première vague de scénario grave

Classes d'âges	taux d'infection	taux d'hospitalisation[42]		nombre de j d'hospitalisation	
		population à risque élevé	population à faible risque	population à risque élevé	population à faible risque
Moins de 20 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

Suite à cette première vague, nous supposons que le virus A(H1N1) de grippe porcine subit une mutation (causée par exemple par une deuxième mutation de souche aviaire H5N1) et devient plus dangereux lors d'une deuxième vague successive à la première. Nous faisons un scénario pour cette deuxième vague selon lequel la dynamique de grippe causée par le nouveau virus possède des caractéristiques similaires à la dynamique de grippe espagnole.

2.1.2. Une deuxième vague : dynamique de la grippe espagnole 1918

Cette deuxième vague épidémique s'étale sur une période finie (supposée de 8 mois au minimum). Elle est caractérisée par un nouveau virus grippal plus virulent et contagieux que celui de la première vague. Ce virus est supposé avoir des caractéristiques similaires à celui responsable de la grippe espagnole de 1918.

[42] Les valeurs sont présentées de cette façon : taux minimal-taux moyen-taux maximal

La dynamique de la deuxième vague est caractérisée par :

- **Les taux d'attaque au plan cliniques (ou les taux d'infection)**

Aucune information précise n'est disponible actuellement sur les taux d'infection de la grippe espagnole enregistrés en France. Une étude américaine des pandémies grippales de 20ème siècle fournit des précisions sur la distribution des taux d'infection enregistrés lors de la grippe espagnole par classe d'âges aux Etats-Unis (*cf*. Glezen (1996)). Nous avons retenu donc les taux d'infection correspondants à des classes d'âges identiques à celles de la population française fictive : moins de 20 ans (39 %), entre 20 et 64 ans (33 %) et plus de 65 ans (14 %). Ces taux d'infection sont plus élevés par rapport à ceux de la première vague. Cela est attendu car le nouveau virus est plus contagieux. Toutefois, la classe de personnes âgées reste avoir les taux les plus faibles par rapport aux autres classes.

- **Les taux de létalité**

Comme nous l'avons précisé précédemment le nouveau virus est plus virulent par rapport à celui de la première vague et si nous avons ignoré la mortalité et la létalité lors de la première vague, cela ne sera pas le cas lors de la deuxième vague.

Dans son étude sur l'impact d'une pandémie grippale en France, l'INVS a retenu des distributions triangulaires pour les taux de létalité des scénarios pandémiques proposés (*cf*. Doyle et *al*. (2005)). Pour la borne supérieure (*i.e*. valeur maximale) des taux de létalité, cette étude a considéré une létalité de 2 % pour les personnes à faible risque de complications et de 3 % pour les personnes à risque élevé tout en précisant que ces taux étaient choisis sur la base de l'expérience de pandémie de 1918 en France. La valeur la plus probable (*i.e*. la moyenne) et la borne inférieure (*i.e*. la valeur minimale) différent selon la classe d'âges.

- **Les taux de complication (ou le taux d'hospitalisation)**

En se référant toujours à l'étude de l'INVS (*cf*. Doyle et *al*. (2005)), les taux d'hospitalisation (y compris l'hospitalisation des cas graves) étaient estimés en multipliant le taux de létalité pour les personnes à faible risque de complications par 4 et pour les personnes à risque élevé de complications par 10. Soit donc des taux d'hospitalisation (ou taux de complication) de 8 % et de 30 % respectivement au maximum. Les taux d'hospitalisation moyenne et minimale différent selon la classe d'âges.

Notons que ces taux d'hospitalisation prennent en compte les caractéristiques régionales actuelles en France (accès aux soins, ...), les développements en médecine depuis 1918, ...

- **Données cliniques**

Puisque le nouveau virus grippal est caractérisé par une souche similaire à la souche (H1N1) qui caractérise elle-même le virus grippal de la première vague, nous allons retenir une période latente et une période d'infection identiques à celles caractérisant la première vague.

Concernant le nombre de jours d'hospitalisation, nous retenons également les mêmes données de la première vague.

Un récapitulatif des données ci-dessus relatives à la deuxième vague du scénario grave est présenté dans le tableau **Tab.3.4**.

Tab.3.4 : Données relatives à la dynamique de la grippe pendant la deuxième vague de scénario grave

		population à risque élevé			population à faible risque		
Classes d'âges	**taux d'infection**	**létalité[43] (%)**	**hospitalisation[44] (%)**	**hospitalisation (en j)**	**létalité (%)**	**hospitalisation (%)**	**hospitalisation (en j)**
Moins de 20 ans	27%	0,1-1-3	0,5-10-30	17,5 j	0,01-0,5-2	0,1-2-8	7 j
de 20 à 64 ans	18%	0,1-1,5-3	0,5-12,5-30	22,5j	0,02-0,75-2	0,2-3-8	9j
65 ans ou plus	5%	1,5-2-3	5-15-30	40j	0,3-1,5-2	1-5-8	16j
		Période Latente	**min-moyenne**	2j-3j	**Période d'infection**	**moyenne**	7j
			maximale	7j		**maximale**	10j

2.2. Scénario modéré d'une pandémie grippale

Le scénario modéré d'une pandémie grippale se définit également sur deux vagues : une première vague causée par le virus A(H1N1) de la grippe porcine suivie d'une deuxième vague provoquée par un nouveau virus dont la pathogénie est similaire au virus A(H2N2) de la grippe asiatique 1957 ou le virus A(H2N3) de la grippe de Hong Kong 1968. Nous justifions notre choix de confondre ces deux grippes pour la deuxième vague par le fait qu'elles ont provoqué historiquement des effets similaires en termes de virulence (la mortalité) et de contagiosité (infections, hospitalisations, ...).

Comme il a été précisé pour le scénario grave, deux hypothèses sont adoptées concernant l'importance relative des deux vagues : soit deux vagues identiques, soit respectivement un tiers et deux tiers pour la première et la seconde.

Concernant la première vague, elle est identique à celle du scénario grave. Ainsi, les données décrites dans la première vague du scénario grave restent applicables pour la première vague de scénario modéré (*cf.* **Tab.3.3**). Nous supposons qu'à la suite à cette première vague, le virus A(H1N1) subit une mutation et se transforme en un nouveau virus plus dangereux lors d'une deuxième vague successive à la première et qui s'étale sur une période finie (supposée de 8 mois au minimum).

La dynamique de cette deuxième vague a les mêmes caractéristiques que la dynamique de deuxième vague de scénario grave sauf en ce qui concerne les caractéristiques liées au virus lui-même, c'est-à-dire les taux d'attaque clinique (taux d'infection), la période latente et la période d'infection.

Pour les taux d'attaque clinique (taux d'infection), nous avons recours à l'étude faite sur la population américaine concernant les pandémies grippales du 20ème siècle mais en retenant cette fois-ci les taux relatifs à la grippe asiatique (ou aussi la grippe de Hong Kong car l'étude confond les deux grippes). Ces taux sont relativement plus élevés par rapport à ceux de la première vague mais la classe des personnes âgées reste avoir le taux d'infection le plus faible (*cf.* Glezen (1996)).

[43] Les valeurs sont présentées de cette façon : taux minimal-taux moyen-taux maximal
[44] Les valeurs sont présentées de cette façon : taux minimal-taux moyen-taux maximal

En comparant les taux d'infection par classe d'âges de cette deuxième vague à ceux de la grippe espagnole, les taux étaient plus faibles pour les classes « de 20 à 65 ans » et « plus de 65 ans » mais ils étaient plus élevés chez « les moins de 20 ans ». Cela était une caractéristique de la grippe asiatique qui a touché surtout les enfants et les jeunes à l'époque.

Pour une infection par le virus de grippe asiatique, la période latente était estimée entre 1 et 3j alors que la période d'infection entre 5 et 7j[45]. Nous allons retenir ainsi une période latente de 1j au minimum, 2j en moyenne et 3j au maximum. Pour la période d'infection, nous allons retenir une moyenne de 5j et un maximum de 7j.

L'ensemble des données relatives à la deuxième vague du scénario modéré est présenté dans le tableau **Tab.3.5**

Tab.3.5 : Données relatives à la dynamique de la grippe pendant la deuxième vague de scénario modéré

		population à risque élevé			population à faible risque		
Classes d'âges	**taux d'infection**	**létalité[46] (%)**	**hospitalisation[47] (%)**	**hospitalisation (en j)**	**létalité (%)**	**hospitalisation (%)**	**hospitalisation (en j)**
Moins de 20 ans	54%	0,1-1-3	0,5-10-30	17,5 j	0,01-0,5-2	0,1-2-8	7 j
de 20 à 64 ans	27%	0,1-1,5-3	0,5-12,5-30	22,5j	0,02-0,75-2	0,2-3-8	9j
65 ans ou plus	10%	1,5-2-3	5-15-30	40j	0,3-1,5-2	1-5-8	16j
		Période Latente	**min-moyenne**	1j-2j	**Période d'infection**	**moyenne**	5j
			maximale	3j		**maximale**	7j

Conclusion

Au niveau de ce chapitre, nous avons présenté les scénarios de pandémie grippale qui seront retenus dans la suite du notre étude.

Nous avons considéré deux scénarios : un scénario grave et un scénario modéré. Chacun de ces scénarios est caractérisé par deux vagues. La première vague est décrite par une dynamique similaire à la grippe porcine de 2009 et elle est commune aux deux scénarios. La dynamique de la deuxième vague était similaire à la grippe espagnole pour le scénario grave et similaire à la grippe asiatique (ou la grippe de Hong Kong) pour le scénario modéré.

Les données présentées pour chaque vague proviennent notamment des publications de l'INVS sur les pandémies grippales étudiées sur la population française.

Grâce à ces données, nous allons modéliser chaque scénario sur la population française fictive à l'aide d'une approche épidémiologique dans le chapitre suivant.

[45] Source : http://agora.qc.ca/mot.nsf/Dossiers/Grippe
[46] Les valeurs sont présentées de cette façon : taux minimal-taux moyen-taux maximal
[47] Les valeurs sont présentées de cette façon : taux minimal-taux moyen-taux maximal

CHAPITRE 2

MODELISATION DES SCENARIOS DE PANDEMIE GRIPPALE SUR LA POPULATION FRANÇAISE

Nous considérons la population française fictive décrite dans le chapitre précédent. Nous rappelons que cette population est divisée par classes d'âges et par risque de complications liées à la grippe. Nous ignorons dans ce chapitre le risque de complications et nous nous intéressons uniquement à la structure de la population par classe d'âges.

L'objectif de ce chapitre consiste à estimer et analyser la modélisation de chaque vague du scénario de pandémie grippale sur les classes d'âges de la population française fictive.

Nous allons décrire d'abord les hypothèses et les modèles épidémiologiques retenus. Nous allons présenter par la suite une description détaillée de la méthodologie retenue dans l'estimation de ces modèles. Enfin, nous allons analyser les résultats de l'estimation.

1. Hypothèses et modélisation retenues

Nous supposons que la population française objet de notre étude est touchée par une pandémie de grippe qui se déroule en deux vagues selon deux scénarios possibles (grave ou modéré décrits dans le chapitre précédent).

La population est supposée fermée c'est-à-dire que les naissances et les décès naturels seront ignorés. De plus, cette population est supposée à structure sociale hétérogène, en effet :

- Elle est divisée en trois classes d'âges : 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 avons vu que le taux d'infection, au cours d'une vague pandémique donnée, diffère d'une classe d'âges à une autre. Pour une classe d'âges, le taux d'infection s'interprète ainsi comme le taux de transmission de la maladie à un susceptible de cette classe d'âges que ce soit par un infectieux de la même classe ou un infectieux d'une autre classe.
- La diffusion de la maladie dépend des contacts sociaux aléatoires qui suivent un graphe aléatoire de Bernoulli. L'infection est supposée transmise dés qu'un contact social aléatoire a lieu entre un infectieux et un susceptible.

Ainsi, la transmission de l'infection à n'importe quel susceptible d'une classe d'âges donnée se fait au même taux d'infection suite à un contact social aléatoire avec un infectieux. Cela nous ramène à considérer que la diffusion de la maladie est homogène à l'intérieur d'une même classe d'âges.

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

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 porcine, nous supposons qu'une fois un susceptible soit infecté, il sera dans un état latent et quand il devient capable de transmettre la maladie à un susceptible, il sera 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.

A la date ***T₁*** (***T₁***= 8ème mois, soit le 245ème jour) marquant la fin de cette première vague, la population reste de même effectif vu que 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.* ***T₁***), 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 un susceptible est infecté, il sera dans un état latent et il sera ensuite dans un état d'infectieux quand il devient capable de transmettre la maladie. 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'est pas ignorée.

Cette deuxième vague se termine à une date finie ***T₂*** marquant la fin de la pandémie.

A partir de ces hypothèses concernant la dynamique de propagation d'une pandémie de grippe dans une population appartenant à la même classe d'âges, la modélisation suivante est retenue pour chaque vague pandémique :

- La première vague est modélisée par un modèle ***SEIRS*** (*Susceptible-Exposed-Infected-Recovered-Susceptible*) stochastique prenant en compte l'hétérogénéité de la structure sociale de population. La dynamique de ce modèle est la même que le modèle ***SEIR*** stochastique présenté dans la deuxième partie de ce mémoire (*cf.* chapitre 2 de la deuxième partie). 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 la structure sociale de population. Nous précisons que l'état ***R*** correspond soit à « remis avec immunité », soit à « décès ».

Un schéma récapitulatif des hypothèses et des modèles retenus pour une pandémie grippale touchant une classe d'âges donnée est présenté dans la figure **Fig.3.2**.

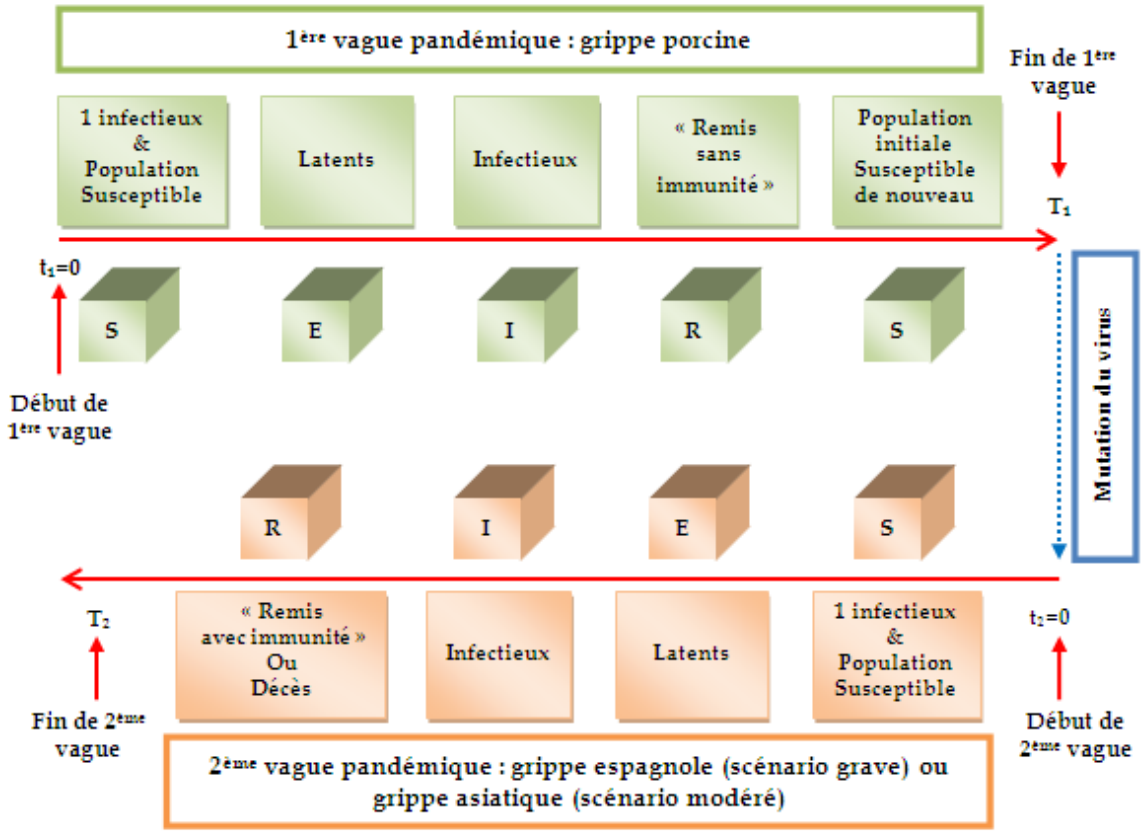


Fig.3.2. Dynamique de grippe et modèles SEIRS et SEIR retenus pour une classe d'âges donnée

L'estimation de l'impact d'une vague épidémique sur chaque classe d'âges nécessite l'estimation des modèles ***SEIRS*** et ***SEIR*** stochastiques prenant en compte l'hétérogénéité dans la structure de population. La méthodologie retenue dans leur estimation fait l'objet du paragraphe suivant.

2. Méthodologie retenue dans l'estimation des modèles épidémiologiques

Les modèles ***SEIRS*** et ***SEIR*** stochastiques prenant en compte l'hétérogénéité dans la structure de population globale ont été retenus pour modéliser un scénario pandémique sur une classe d'âges donnée. Dans le cadre du notre étude, l'estimation de ces modèles consiste essentiellement à estimer, pour chaque scénario d'une pandémie, les distributions des paramètres caractérisant le processus de chaque vague épidémique à savoir : le taux d'infection, la période latente, la période d'infection et le taux de reproduction de base.

Pour chaque vague épidémique, nous disposons les données suivantes qui seront utiles par la suite dans l'estimation des modèles (*cf.* Tableau **Tab.3.6**).

Tab.3.6. Données relatives aux taux d'infection, période d'infection et période latente par vague épidémique

Vague 1		**taux d'infection par classe d'âges**	**moins de 19 ans**	**de 20 à 65 ans**	**65 ans et plus**
			27%	18%	5%
		période latente	**minimum**	**moyenne**	**maximum**
			2j	3j	7j
		période d'infection	**moyenne**		**maximum**
			7j		10j
Vague 2	**Scénario modéré**	**taux d'infection par classe d'âges**	**moins de 19 ans**	**de 20 à 65 ans**	**65 ans et plus**
			54%	27%	10%
		période latente	**minimum**	**moyenne**	**maximum**
			1j	2j	3j
		période d'infection	**moyenne**		**maximum**
			5j		7j
	Scénario grave	**taux d'infection par classe d'âges**	**moins de 19 ans**	**de 20 à 65 ans**	**65 ans et plus**
			39%	33%	14%
		période latente	**minimum**	**moyenne**	**maximum**
			2j	3j	7j
		période d'infection	**moyenne**		**maximum**
			7j		10j

Vu que nous ne disposons pas des données complètes sur le processus pandémiques (*e.g.* dates exactes d'infection, dates exactes de rémission, ...), nous allons utiliser la méthode MCMC pour estimer les modèles.

Groendyke et *al.* (2010,2) ont publié un document relatif à un package R « ***epinet*** »[48] 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, nous allons décrire dans ce qui suit la méthodologie de l'estimation du modèle ainsi que les ajustements retenus pour l'adapter à nos données.

Notons que cette démarche se fait par classe d'âges donnée (de taille fixée à ***K***) et pour une vague épidémique donnée (modélisée par un ***SEIRS*** pour la première vague et par un ***SEIR*** pour la deuxième vague que ce soit dans le scénario grave ou dans le scénario modéré).

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

Nous avons vu que l'hétérogénéité dans la structure sociale de la population provient des 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 les valeurs suivantes pour ***p*** : 0,1, 0,2, 0,5, 0,7 et 0,8. Ces différentes valeurs serviront plus tard à analyser la sensibilité des estimations des modèles aux contacts sociaux.

[48] Package disponible en ligne sur : http://cran.r-project.org/web/packages/epinet/index.html

A titre d'exemple, nous présentons dans la figure **Fig.3.3** deux graphes de Bernoulli associés à une population de taille 10 et de probabilités ***p=0,1*** et ***p=0,8***. Ces graphes sont notés respectivement par : **G (10 ; 0,1)** et **G (10 ; 0,8)**[49].

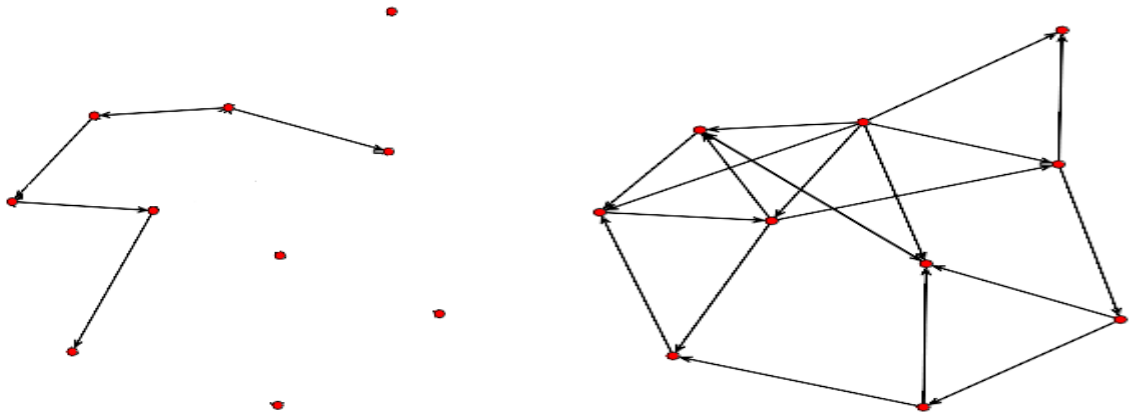


Fig.3.3. Graphes de Bernoulli : G (10 ; 0,1) à gauche et G (10 ; 0,8) à droite

Nous remarquons que plus la probabilité p de réalisation d'un contact social est élevée, plus nombreux sont les liens entre les sommets de graphe et plus nombreux sont les contacts sociaux entre les individus.

2.2. Simulation d'un modèle SEIR (ou SEIRS) stochastique

L'étape suivante consiste à simuler la dynamique de diffusion de la maladie selon la structure sociale aléatoire générée à l'aide d'un graphe aléatoire de Bernoulli.

Afin de simuler le modèle ***SEIR*** (ou ***SEIRS***), il convient de fixer, en plus de la taille ***K*** de la population, les paramètres selon lesquels est définie la dynamique de pandémie. Ces paramètres sont :

- β : Le taux d'infection moyen.
- Les paramètres κ_E et θ_E relatifs à la période latente T_E avec : $T_E \approx Gamma(\kappa_E, \theta_E)$.
- Les paramètres κ_I et θ_I relatifs à la période d'infection T_I avec : $T_I \approx Gamma(\kappa_I, \theta_I)$.

Nous rappelons que pour une variable aléatoire X suivant une loi gamma de paramètres κ et θ, on définit sa moyenne par : $\kappa.\theta$ et sa variance par : $\kappa.\theta^2$. Le coefficient de variation, qui se définit par le rapport entre l'écart type et la moyenne, est donné dans ce cas par : $1/\sqrt{\kappa}$. Ce coefficient permet de mesurer la dispersion des variables aléatoires autour de la moyenne et il s'exprime généralement en pourcentage (par exemple pour une série de variables aléatoires, un coefficient de variation de 0,1 signifie que la dispersion de ces variables autour de leur moyenne est de 10 %).

[49] Nous avons choisi un effectif réduit de 10 (et non pas un effectif de 1000 qui fait l'objet de notre étude) pour la clarté des schémas.

D'après nos données (*cf.* **Tab 3.6**), nous ne disposons que la durée latente moyenne et la durée d'infection moyenne observées réellement. A partir 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 (*i.e.* inférieur à 1) tout en respectant l'égalité entre la moyenne théorique et la moyenne observée réellement. Plusieurs choix seront possibles pour les couples (κ_E, θ_E) et (κ_I, θ_I) mais afin de faciliter le travail, nous avons choisi ces couples de façon que $\theta_E = \theta_I = 1$ et que κ_E et κ_I soient égaux respectivement à la durée latente moyenne et la durée d'infection moyenne observées. De plus, comme les durées moyennes observées sont supérieures à 1, le coefficient de variation sera inférieur à 1.

Par ailleurs, le taux d'infection fourni dans la base de données sera considéré comme un taux d'infection moyen.

La calibration retenue de ces différents paramètres est données dans le tableau **Tab.3.7**.

Tab.3.7. Calibration des paramètres β, κ_E, θ_E, κ_I et θ_I retenue dans la simulation du modèle SEIR (ou SEIRS)

Vague 1		**taux d'infection moyen β par classe d'âges**	**moins de 19 ans**		**de 20 à 65 ans**	**65 ans et plus**
			27%		18%	5%
		période latente	κ_E	θ_E	$\kappa_E.\theta_E$	$\kappa_E.\theta_E^2$	**cv**
			3	1	3j	3j	58%
		période d'infection	κ_I	θ_I	$\kappa_I.\theta_I$	$\kappa_I.\theta_I^2$	**cv**
			7	1	7j	7j	38%
Vague 2	**Scénario modéré**	**taux d'infection moyen β par classe d'âges**	**moins de 19 ans**		**de 20 à 65 ans**	**65 ans et plus**
			54%		27%	10%
		période latente	κ_E	θ_E	$\kappa_E.\theta_E$	$\kappa_E.\theta_E^2$	**cv**
			2	1	2j	2j	70%
		période d'infection	κ_I	θ_I	$\kappa_I.\theta_I$	$\kappa_I.\theta_I^2$	**cv**
			5	1	5j	5j	45%
	Scénario grave	**taux d'infection moyen β par classe d'âges**	**moins de 19 ans**		**de 20 à 65 ans**	**65 ans et plus**
			39%		33%	14%
		période latente	κ_E	θ_E	$\kappa_E.\theta_E$	$\kappa_E.\theta_E^2$	**cv**
			3	1	3j	3j	58%
		période d'infection	κ_I	θ_I	$\kappa_I.\theta_I$	$\kappa_I.\theta_I^2$	**cv**
			7	1	7j	7j	38%

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 (*e.g.* 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***). Notons que cette simulation nous indique les individus infectés dans la population et permet d'identifier le premier individu infectieux. A titre d'exemple, nous présentons dans la figure **Fig.3.4** un graphe relatif à la propagation temporelle d'une vague épidémique dans une population d'effectif **K=25**, en retenant un graphe de Bernoulli **G (25, p=0,1)** et une calibration des paramètres relative à la première vague épidémique avec un taux d'infection moyen relatif à la classe d'âges « moins de 19 ans »[50].

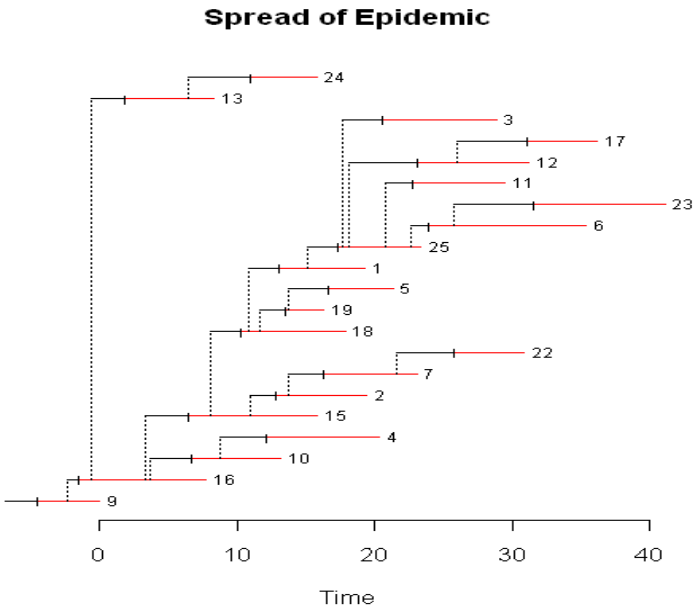


Fig.3.4. Propagation temporelle d'une vague épidémique modélisée par un SEIRS en retenant un graphe de Bernoulli G(25 ; *p*=0,1) pour les contacts sociaux aléatoires et les paramètres κ_E =3, κ_I =7, $\theta_E = \theta_I$ =1 et β =0,27 pour la dynamique de la maladie

Sur ce graphe, les individus sont identifiés par des numéros. Les lignes horizontales montrent la durée latente (en noire) et la durée d'infection (en rouge) pour chaque individu. L'origine de l'axe temporelle (*i.e.* la date 0) correspond à la date de rémission de premier individu infectieux dans la population (*i.e.* le numéro 9). Les lignes verticales en pointillées indiquent pour chaque individu la date d'infectiosité à laquelle il a transmis la maladie à un autre individu (par exemple la date d'infectiosité pour le numéro 16 est 0 et à cette date il a transmis l'infection au numéro 13). Le graphe de Bernoulli génère les contacts sociaux aléatoires dans la population. Une infection est transmise dés qu'un contact social est subit entre un infectieux et un susceptible : d'après le graphe le premier infectieux est le numéro 9. Il a transmis l'infection au numéro 16 et ce dernier a transmis l'infection aux numéros 10, 15 et 13 et ainsi de suite. Cela nous montre que la propagation de l'épidémie dépend des contacts sociaux entre les individus de la population. Bien évidemment les individus qui n'ont pas subit de contacts sociaux

[50] Nous avons choisi un effectif réduit de 25 (et non pas un effectif de 1000 qui fait l'objet de notre étude) pour la clarté de schéma.

avec un infectieux ne seront pas touchés par la maladie. Ainsi, une partie de la population est touchée par l'épidémie et seuls les individus infectés figurent sur le graphe (par exemple l'absence des numéros 8 et 14 dans le graphe signifie que les individus 8 et 14 n'ont pas subit de contacts sociaux avec les infectieux et n'ont pas été touchés par l'épidémie).

Les résultats fournis par la simulation du dynamique de processus épidémique par un modèle ***SEIR*** ou ***SEIRS*** (à savoir : les dates d'infection, d'infectiosité et de rémission pour chaque individu touché par la maladie) serviront à estimer ces modèles par la méthode MCMC. Cela nous ramène à la dernière étape du notre méthodologie.

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

Comme nous l'avons précisé précédemment, l'estimation du modèle ***SEIR*** (ou ***SEIRS***) par la méthode MCMC consiste à estimer la distribution des paramètres du modèle (à savoir : $\beta, \kappa_E, \theta_E, \kappa_I, \theta_I$ et $\boldsymbol{p}$). Cette estimation 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.
L'algorithme utilisé dans la technique d'échantillonnage de Gibbs était détaillé dans la partie 2 de ce mémoire. Comme toute méthode d'estimation bayésienne, cette technique nécessite de définir la distribution a priori de chaque paramètre.
Nous avons vu au niveau de la présentation théorique de l'estimation du modèle ***SEIR*** que deux choix sont possibles pour les distributions a priori des paramètres : soit des lois uniformes, soit des lois conjuguées. La calibration des paramètres de chaque loi peut être « informative » ou « non informative ». Compte tenu de nos données et la calibration des paramètres dans l'estimation du modèle ***SEIR*** (*cf.* **Tab.3.6** et **Tab.3.7**), nous avons à notre disposition des informations a priori « réelles » sur tous les paramètres sauf $\boldsymbol{p}$.
Même si nous n'avons aucune information a priori « réelle » sur $\boldsymbol{p}$, nous savons que c'est une probabilité dont les valeurs varient entre 0 et 1.

Nous nous intéressons maintenant à décrire la calibration « informative » des distributions a priori d'abord dans le cas des lois uniformes et ensuite dans le cas des lois conjuguées.

❖ **<u>Cas des lois a priori uniformes</u>**

Nous rappelons que si une variable aléatoire $\boldsymbol{X}$ (discrète ou continue) suit une loi Uniforme de paramètres $\boldsymbol{a}$ et $\boldsymbol{b}$, ses réalisations appartiennent à l'intervalle **[a,b]**. Sa moyenne et sa variance se définissent respectivement par : **(a+b)/2** et **$(b-a)^2/12$**. Son coefficient de variation est donné alors par : $(b-a)/[\sqrt{3}(b-a)]$.
Notre choix pour la calibration de distribution a priori de chaque loi est fait à partir de ces quatre propriétés et dépend également des informations a priori disposées.

- Pour le paramètre κ_E relatif à la durée latente : ce paramètre était calibré par la durée latente moyenne dans la simulation du modèle ***SEIR*** ou ***SEIRS*** (*cf.* **Tab.3.7**). Or pour cette durée, on connaît son minimum et son maximum a priori (*cf.* **Tab.3.6**). Le paramètre κ_E suit ainsi une loi uniforme de borne inférieure le minimum de la durée latente et de borne supérieure le maximum de cette durée.

- Pour le paramètre κ_I relatif à la durée d'infection : ce paramètre était calibré par la durée d'infection moyenne dans la simulation du modèle ***SEIR*** ou ***SEIRS*** (*cf.* **Tab.3.7**). Pour la durée d'infection, nous ne disposons que sa moyenne et son maximum (*cf.* **Tab.3.6**). Or un individus infectieux transmet la maladie à un susceptible dans une période de moyenne $1/\beta$ (*cf.* Groendyke et *al.* (2010,2) et Britton et *al.* (2002)), la durée d'infection minimale a priori est égale alors à $(1/\beta)$ jours si $(1/\beta)$ est inférieure à la durée moyenne, sinon elle est égale à la durée moyenne. Le paramètre κ_I suit ainsi une loi uniforme de borne inférieure $(1/\beta)$ (ou la durée moyenne) et de borne supérieure le maximum de durée d'infection.

- Pour les paramètres θ_E et θ_I relatifs respectivement à la durée latente et la durée d'infection : Ces paramètres ont été utilisés pour minimiser la dispersion des durées autour de la moyenne dans la simulation du modèle ***SEIR*** (*cf.* **Tab.3.7**), ils doivent être alors de valeurs faibles et de plus ils ne doivent pas dépasser 1. Nous avons choisi de les calibrer tout simplement à l'aide d'une loi Uniforme (0,1).

La calibration retenue des couples (κ_E, θ_E) et (κ_I, θ_I) garantit que la durée latente et la durée d'infection varient entre leurs minimums et maximums ce qui correspond bien à l'information disponible a priori sur ces durées.

- Pour le paramètre β, on connaît uniquement sa moyenne. Sa calibration par la loi uniforme se fait de telle façon que sa moyenne théorique soit égale à sa moyenne observée et que sa variance soit minimale pour minimiser la dispersion et donc le coefficient de variation.

- Concernant le paramètre p, nous savons seulement que c'est une probabilité. De ce fait, nous avons choisi de calibrer sa distribution à l'aide d'une loi Uniforme (0,1).

Un récapitulatif des calibrations retenues pour les distributions uniformes a priori est présenté dans le tableau **Tab.3.8**.

Tab.3.8. Calibration des distributions a priori uniformes des paramètres β, κ_E, θ_E, κ_I et θ_I

VAGUE 1		$\beta \approx U(a,b)$	**moins de 19 ans**	**de 20 à 65 ans**	**65 ans et plus**
		(a,b)	(0,0.54)	(0,0.36)	(0,0.1)
		moyenne a priori	27%	18%	5%
		variance a priori	0.0243	0.0108	0.00083
			(a,b)	**moyenne a priori**	**variance a priori**
		$\kappa_E \approx U(a,b)$	(2,7)	4.5	2.083
		$\theta_E \approx U(a,b)$	(0,1)	0.5	0.0833
		période latente	**moyenne a priori**	**variance a priori**	**min-max (a priori)**
			3j	3j	2j-7j
			(a,b)*	**moyenne a priori***	**variance a priori***
		$\kappa_I \approx U(a,b)$	(3.7,10)/(5.55,10)/(5,10)	6.85/ 7.775/ 7.5	3.3075 / 2.0833/ 2.0833
		$\theta_I \approx U(a,b)$	(0,1)	0.5	0.0833
		période d'infection	**moyenne a priori**	**variance a priori**	**[min-max] (a priori)***
			7j	7j	[3.7j-10j]/[5.55j-10j]/[5j-10j]
VAGUE 2	**Scénario modéré**	$\beta \approx U(a,b)$	**moins de 19 ans**	**de 20 à 65 ans**	**65 ans et plus**
		(a,b)	(0,1.08)	(0,0.54)	(0,0.2)
		moyenne a priori	54%	27%	10%
		variance a priori	0.0972	0.0243	0.0033
			(a,b)	**moyenne a priori**	**variance a priori**
		$\kappa_E \approx U(a,b)$	(1,3)	2	0.3333
		$\theta_E \approx U(a,b)$	(0,1)	0.5	0.0833
		période latente	**moyenne a priori**	**variance a priori**	**min-max (a priori)**
			2j	2j	1j-3j
			(a,b)*	**moyenne a priori***	**variance a priori***
		$\kappa_I \approx U(a,b)$	(1.85,7)/(3.7,7)/(5,7)	4.425/5.35/6	2.21/0.907/0.3333
		$\theta_I \approx U(a,b)$	(0,1)	0.5	0.0833
		période d'infection	**moyenne a priori**	**variance a priori**	**[min-max](a priori)***
			5j	5j	[1.85j - 7j]/[3.7j-7j]/[5j-7j]
	Scénario grave	$\beta \approx U(a,b)$	**moins de 19 ans**	**de 20 à 65 ans**	**65 ans et plus**
		(a,b)	(0,0.78)	(0,0.66)	(0,0.28)
		moyenne a priori	39%	33%	14%
		variance a priori	0.0507	0.0363	0.00653
			(a,b)	**moyenne a priori**	**variance a priori**
		$\kappa_E \approx U(a,b)$	(2,7)	4.5	2.083
		$\theta_E \approx U(a,b)$	(0,1)	0.5	0.0833
		période latente	**moyenne a priori**	**variance a priori**	**min-max (a priori)**
			3j	3j	2j-7j
			(a,b)*	**moyenne a priori***	**variance a priori***
		$\kappa_I \approx U(a,b)$	(2.56,10)/(3.03,10)/(7,10)	6.28/6.515/8.5	4.61/4.048/0.75
		$\theta_I \approx U(a,b)$	(0,1)	0.5	0.0833
		période d'infection	**moyenne a priori**	**variance a priori**	**[min-max] (a priori)***
			7j	7j	[2.56,10]/[3.03,10]/[7,10]

*** Ces valeurs sont présentées par classes d'âges : moins de 19 ans/de 20 à 64 ans/ plus de 65 ans**

❖ **Cas des lois a priori conjuguées**

Chacun des paramètres suit dans ce cas une distribution a priori conjuguée.

- Pour les paramètres β, κ_E et κ_I : chacun d'eux suit une distribution a priori Gamma dont nous avons rappelé les propriétés précédemment. D'après la calibration des paramètres faite dans la simulation modèle ***SEIR***, nous savons que ces paramètres sont relatifs respectivement au taux d'infection moyen, durée latente moyenne et durée d'infection moyenne (*cf.* **Tab.3.7**).

  La calibration de la loi **Gamma (a, b)** se fait de sorte que **b=1** et que ***a*** soit égal à la moyenne connue a priori. ***a*** prend dans ce cas la valeur du paramètre retenue dans la simulation du modèle ***SEIR***.

- Pour les paramètres θ_E et θ_I : chacun d'eux suit une distribution a priori Inverse Gamma.

  Nous rappelons que si une variable aléatoire positive non nulle ***X*** suit une loi Inverse Gamma de paramètres **a** et **b** (*i.e.* ***1/X*** suit une loi Gamma de paramètres ***a*** et ***1/b***). Sa moyenne se définit par : **b/(a-1)** et sa variance se définit par : **b^2/[(a-1)^2(a-2)]**. Son coefficient de variation est alors : $1/\sqrt{a-2}$ (avec : ***a***>2).

  Nous avons choisi de calibrer θ_E et θ_I par une **Inverse Gamma (a=3, b=2)**. Cela assure que la moyenne a priori est égale à 1 ce qui correspond aux valeurs retenues pour θ_E et θ_I dans la simulation du modèle ***SEIR*** (*cf.* **Tab.3.7**).

  La calibration retenue des couples (κ_E, θ_E) et (κ_I, θ_I) garantit finalement que les moyennes a priori de la durée latente et de la durée d'infection sont égales à leurs moyennes réellement observées.

- Concernant le paramètre ***p***, sa distribution a priori est une Beta. On sait qu'une loi **Beta (1,1)** est une loi **Uniforme (0,1)**. Or ***p*** est une probabilité, nous avons choisi de la calibrer ainsi par une loi **Beta (1,1)**.

Un récapitulatif des calibrations retenues pour les distributions conjuguées a priori est présenté dans le tableau **Tab.3.9**.

Tab.3.9. Calibration des distributions a priori conjuguées des paramètres β , κ_E , θ_E , κ_I et θ_I

VAGUE 1		$\beta \approx G(a,b)$	**moins de 19 ans**	**de 20 à 65 ans**	**65 ans et plus**
		(a,b)	(0.27, 1)	(0.18, 1)	(0.05,1)
		moyenne a priori	27%	18%	5%
		variance a priori	0.27	0.18	0.05
			(a,b)	**moyenne a priori**	**variance a priori**
		$\kappa_E \approx G(a,b)$	(3,1)	3	3
		$\theta_E \approx IG(a,b)$	(3,2)	1	1
		période latente	**moyenne a priori**		**variance a priori**
			3j		3j
			(a,b)	**moyenne a priori**	**variance a priori**
		$\kappa_I \approx G(a,b)$	(7,1)	7	7
		$\theta_I \approx IG(a,b)$	(3,2)	1	1
		période d'infection	**moyenne a priori**		**variance a priori**
			7j		7j
VAGUE 2	**Scénario modéré**	$\beta \approx G(a,b)$	**moins de 19 ans**	**de 20 à 65 ans**	**65 ans et plus**
		(a,b)	(0.54,1)	(0.27,1)	(0.1,1)
		moyenne a priori	54%	27%	10%
		variance a priori	0.54	0.27	0.10
			(a,b)	**moyenne a priori**	**variance a priori**
		$\kappa_E \approx G(a,b)$	(2,1)	2	2
		$\theta_E \approx IG(a,b)$	(3,2)	1	1
		période latente	**moyenne a priori**		**variance a priori**
			2j		2j
			(a,b)	**moyenne a priori**	**variance a priori**
		$\kappa_I \approx G(a,b)$	(5,1)	5	5
		$\theta_I \approx IG(a,b)$	(3,2)	1	1
		période d'infection	**moyenne a priori**		**variance a priori**
			5j		5j
	Scénario grave	$\beta \approx G(a,b)$	**moins de 19 ans**	**de 20 à 65 ans**	**65 ans et plus**
		(a,b)	(0.39,1)	(0.33,1)	(0.14,1)
		moyenne a priori	39%	33%	14%
		variance a priori	0.39	0.33	0.14
			(a,b)	**moyenne a priori**	**variance a priori**
		$\kappa_E \approx G(a,b)$	(3,1)	3	3
		$\theta_E \approx IG(a,b)$	(3,2)	1	1
		période latente	**moyenne a priori**		**variance a priori**
			3j		3j
			(a,b)	**moyenne a priori**	**variance a priori**
		$\kappa_I \approx G(a,b)$	(7,1)	7	7
		$\theta_I \approx IG(a,b)$	(3,2)	1	1
		période d'infection	**moyenne a priori**		**variance a priori**
			7j		7j

L'estimation du modèle ***SEIR*** (ou ***SEIRS***) par la méthode MCMC permet de générer au final les distributions a posteriori de nos paramètres d'intérêt à savoir : β , p, κ_E , θ_E , κ_I et θ_I .

Lorsque les distributions a priori de ces paramètres sont conjuguées, leurs distributions a posteriori sont connues (mais avec des paramètres différents de ceux avec lesquels étaient calibrées les distributions a priori) : une loi Gamma pour β , κ_E et κ_I , une loi Beta pour p et une loi Inverse Gamma pour θ_E et θ_I . Par contre lorsque les distributions a priori sont uniformes, les formes des distributions a posteriori sont inconnues.

Le schéma suivant complète le principe du fonctionnement de la méthodologie d'estimation du modèle épidémiologique ***SEIR*** (ou ***SEIRS***) sur une vague épidémique et pour une classe d'âges donnée.

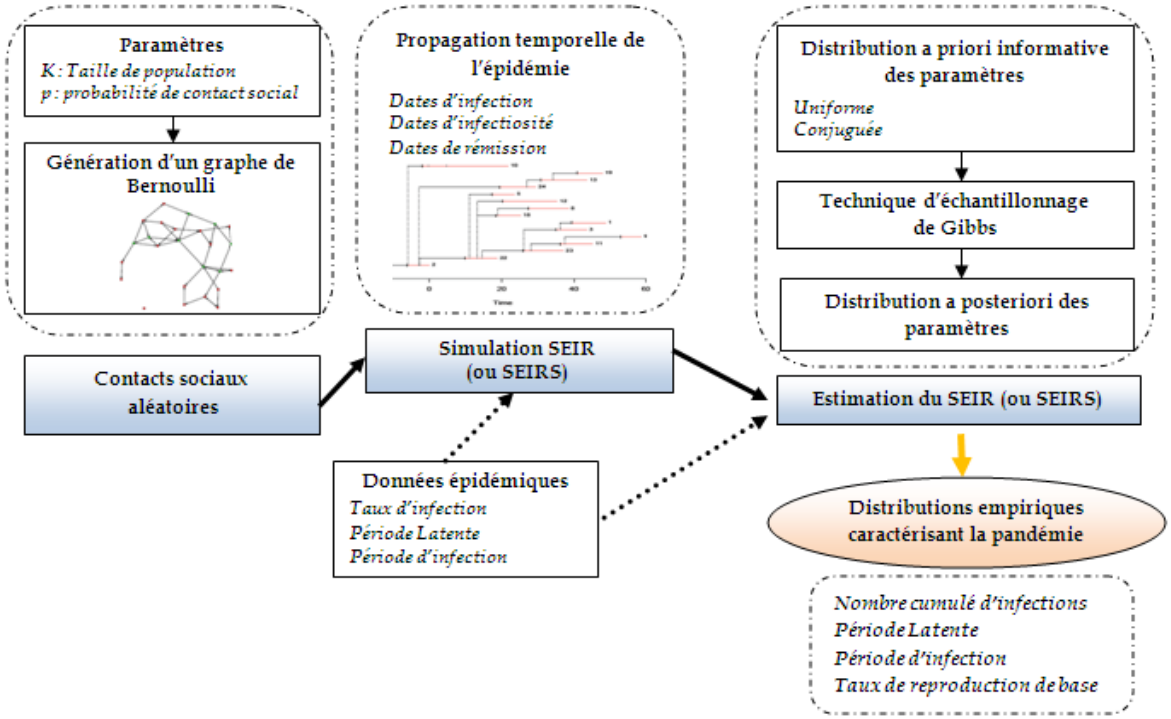


Fig.3.5. Principe de la méthodologie d'estimation du modèle SEIR (ou SEIRS)

Comme nous allons le voir dans ce qui suit, les distributions a posteriori des paramètres du modèle sont utilisées pour générer des distributions empiriques de certaines variables caractérisant la dynamique de l'épidémie à savoir : le nombre cumulé d'infections, la période latente, la période d'infection et le taux de reproduction de base.

3. Analyse des résultats

Nous avons appliqué la méthodologie décrite ci-dessus sur la population française objet du notre étude. Cette population est structurée par trois classes d'âges de taille 1000 chacune : les « moins de 19 ans », « entre 20 et 64 ans » et « 65 ans ou plus ».

Etant donnée qu'aucune information a priori « réelle » n'est disponible sur la probabilité des contacts sociaux p, la modélisation est faite pour différentes valeurs de p. Pour cela, nous avons choisi des valeurs relativement faibles (0,1 et 0,2), une valeur moyenne (0,5) et des valeurs élevées (0,7 et 0,8) pour cette probabilité. Les valeurs choisies sont fixées au niveau de simulation du modèle ***SEIR*** (ou ***SEIRS***).

Notre analyse des résultats consiste à étudier essentiellement la sensibilité des estimations aux différentes valeurs choisies pour p et aux distributions a priori des paramètres (uniformes ou conjuguées).

L'analyse se déroule sur deux axes : le premier concerne les distributions a posteriori des paramètres du modèle épidémiologique (à savoir : β, p, κ_E, θ_E, κ_I et θ_I). Le deuxième concerne les distributions des variables caractérisant les vagues épidémiques (à savoir : la période latente T_E, la période d'infection T_I, le nombre cumulé des infectés m estimé à la fin de chaque vague épidémique et le taux de reproduction de base R_0).

3.1. Analyse des distributions a posteriori des paramètres du modèle épidémiologique

Nous commençons par la vérification des formes théoriques des distributions a posteriori conjuguées des paramètres du modèle. Pour ce faire, nous avons appliqué un test d'adéquation graphique du type QQplot et un test d'adéquation paramétrique de Kolmogorov Smirnov pour la distribution a posteriori de chaque paramètre par classe d'âges et par vague épidémique. Nous présentons, à titre d'exemple dans l'**ANNEXE A.1**, les résultats relatifs à la classe d'âges « 65 ans ou plus » pendant la première vague épidémique.

A l'issue de ces tests, nous avons constaté que les distributions empiriques conjuguées a posteriori correspondent à leurs formes théoriques décrites par le modèle : une distribution Gamma pour β, κ_E et κ_I, une distribution Beta pour p et une distribution Inverse Gamma pour θ_E et θ_I.

Analysons maintenant les résultats des distributions a posteriori des paramètres pour chaque classe d'âges.

❖ **Classe d'âges : moins de 19 ans**

Le tableau **Tab.3.10** résume les résultats relatifs à la première vague concernant les caractéristiques des distributions a postériori des paramètres (*i.e.* moyennes a posteriori et coefficients de variation a posteriori « cv ») pour les deux formes des distributions a priori (uniforme ou conjuguée) et pour des différentes valeurs de probabilité des contacts sociaux p.

Tab.3.10. Résultats d'estimation des paramètres pour la classe d'âges « moins de 19 ans » pendant la première vague épidémique

p	Loi a priori		β	κ_E	κ_I	θ_E	θ_I	p	cor (p, β)
0,1	Conjuguée	moyenne	0,238	3,197	7,140	1,167	0,908	0,288	-0,247
		cv	0,623	0,170	0,131	0,391	0,397	0,865	
	Uniforme	moyenne	0,241	4,540	6,983	1,099	1,083	0,460	-0,382
		cv	0,629	0,298	0,245	0,361	0,264	0,567	
0,2	Conjuguée	moyenne	0,232	3,145	7,333	0,974	1,000	0,377	-0,140
		cv	0,624	0,171	0,134	0,363	0,365	0,459	
	Uniforme	moyenne	0,253	4,640	6,942	1,062	0,087	0,481	-0,274
		cv	0,573	0,297	0,247	0,340	3,742	0,279	
0,5	Conjuguée	moyenne	0,291	2,998	7,224	0,838	1,217	0,719	-0,100
		cv	0,595	0,181	0,109	0,471	0,184	0,388	
	Uniforme	moyenne	0,253	4,640	6,942	1,062	0,087	0,481	-0,274
		cv	0,572	0,297	0,247	0,340	3,742	0,279	
0,7	Conjuguée	moyenne	0,312	2,894	6,864	1,168	0,761	0,720	-0,080
		cv	0, 409	0,173	0,122	0,381	0,340	0,208	
	Uniforme	moyenne	0,328	3,373	6,012	1,440	0,850	0,612	-0,091
		cv	0, 546	0,334	0,287	0,393	0,409	0,395	
0,8	Conjuguée	moyenne	0,298	3,016	7,049	0,824	0,985	0,862	-0,077
		cv	0,418	0,172	0,122	0,395	0,200	0,407	
	Uniforme	moyenne	0,329	3,434	6,967	0,891	0,986	0,650	-0,082
		cv	0,519	0,356	0,221	0,484	0,250	0,435	

Quelle que soit la loi a priori choisie pour p, nous constatons que sa moyenne a posteriori se rapproche de sa valeur avec laquelle était simulée le modèle ***SEIRS*** et cela pour des valeurs choisies élevées de p (0,7 et 0,8) avec un coefficient de variation relativement plus faible pour la calibration par une loi a priori conjuguée.

Pour le paramètre β , nous rappelons que sa moyenne a priori issue des observations réelles est 27 %. Quelle que soit la valeur de p, les moyennes a posteriori relatives à la loi a priori conjuguée ou à la loi a priori uniforme sont proches. Pour des valeurs élevées de p (0,8 et 0,7), ces moyennes se rapprochent de la moyenne a priori et les coefficients de variation diminuent mais ils sont plus faibles dans le cas d'une loi a priori conjuguée.

La corrélation entre les distributions a posteriori des paramètres β et p est négative quelque soit le choix de la loi a priori. Cette corrélation est plus élevée dans le cas d'une loi a priori uniforme et cela est insensible aux différentes valeurs choisies de p. Pour des valeurs élevées de p (0,8 ou 0,7) la corrélation diminue. Il convient de noter que ces résultats sont en accord avec ceux trouvés par Groendyke et *al*. (2010,1) dans le sens où ces derniers ont montré également l'existence d'une corrélation négative entre ces deux distributions par application de leur modèle à une épidémie.

Concernant le paramètre κ_E, nous rappelons que sa moyenne a priori issue des observations réelles est de 3j. Les moyennes a posteriori dans le cas d'une loi conjuguée sont les plus proches de cette moyenne a priori et avec des coefficients de variation plus faibles par rapport à ceux dans le cas d'une loi uniforme. Cette constatation générale est insensible aux choix de la valeur de p. En restant dans le cas d'une loi conjuguée, les moyennes a posteriori deviennent très proches de la moyenne observée (3j) avec des coefficients de variations plus faibles pour des choix des valeurs élevées de p (0,7 et 0,8).

L'analyse de sensibilité du paramètre κ_I est semblable à celle du paramètre κ_E.

Pour les paramètres θ_E et θ_I, les moyennes a posteriori sont très proches de la moyenne a priori (qui est calibrée à 1) que ce soit dans le cas d'une loi a priori conjuguée ou uniforme et quelle que soit la valeur de p. Les coefficients de variation sont toutefois plus faibles dans le cas d'une loi a priori conjuguée.

L'analyse de sensibilité des résultats aux valeurs choisies de p et aux distributions a priori pour la première vague épidémique reste valable également pour les résultats de la deuxième vague du scénario grave et du scénario modéré (*cf.* **ANNEXE A.2**).

❖ **Classe d'âges : de 20 à 64 ans**

Les résultats concernant la classe d'âges de « 20 à 64 ans » et issus de la première vague épidémique sont présentés au tableau **Tab.3.11**.

Tab.3.11. Résultats d'estimation des paramètres pour la classe d'âges « de 20 à 64 ans » pendant la première vague épidémique

p	Loi a priori		β	κ_E	κ_I	θ_E	θ_I	p	cor (p, β)
0,1	Conjuguée	moyenne	0,191	2,998	7,302	0,972	1,310	0,348	-0,247
		cv	0,424	0,171	0,115	0,473	0,254	0,733	
	Uniforme	moyenne	0,211	4,186	7,991	1,024	1,358	0,614	0,045
		cv	0,662	0,330	0,164	0,440	0,203	0,434	
0,2	Conjuguée	moyenne	0,169	3,152	7,231	0,954	0,912	0,396	-0,420
		cv	0,479	0,176	0,126	0,428	0,327	0,329	
	Uniforme	moyenne	0,198	4,592	7,574	0,987	0,826	0,516	-0,328
		cv	0,675	0,305	0,196	0,351	0,323	0,162	
0,5	Conjuguée	moyenne	0,200	2,972	7,179	0,806	1,230	0,710	-0,152
		cv	0,365	0,184	0,119	0,490	0,191	0,406	
	Uniforme	moyenne	0,229	3,573	7,697	0,907	1,160	0,592	-0,018
		cv	0,652	0,346	0,184	0,468	0,204	0,434	
0,7	Conjuguée	moyenne	0,222	2,949	6,890	0,828	1,147	0,831	-0,183
		cv	0,398	0,182	0,119	0,540	0,256	0,231	
	Uniforme	moyenne	0,235	3,693	7,679	0,868	1,109	0,593	-0,063
		cv	0,625	0,360	0,194	0,475	0,195	0,416	
0,8	Conjuguée	moyenne	0,189	3,110	7,024	1,021	0,856	0,872	-0,058
		cv	0,374	0,173	0,122	0,394	0,328	0,229	
	Uniforme	moyenne	0,224	3,917	7,137	0,936	0,893	0,635	-0,038
		cv	0,660	0,338	0,192	0,414	0,263	0,392	

L'analyse des résultats du paramètre p nous montre que pour des valeurs faibles choisies de p (0,1 et 0,2) il y a une grande divergence entre la moyenne a posteriori et la valeur choisie de p (avec laquelle était simulée le modèle ***SEIRS***). En revanche, pour des valeurs élevées choisies de p (0,7 et 0,8), la moyenne a posteriori devient très proche de la valeur choisie de p avec des coefficients de variation plus faibles (en particulier dans le cas des lois conjuguées).

Dans le cas d'une loi a priori uniforme, la moyenne a posteriori du paramètre β est plus élevée par rapport à la moyenne a priori (18 %) avec un coefficient de variation plus élevé également. Cette constatation reste inchangée pour les différentes valeurs choisies de p. Pour des valeurs élevées de p (en particulier 0,8), la moyenne a posteriori est très proche de celle a priori avec une dispersion plus faible dans le cas d'une loi a priori conjuguée.

Quelle que soit la valeur choisie de p, la corrélation est négative entre p et β mais elle est plus élevée dans le cas d'une loi a priori conjuguée. Cette corrélation diminue pour des valeurs élevées de p.

Concernant les paramètres κ_E et κ_I (de moyennes a priori observées respectives 3j et 7j), la moyenne a posteriori est plus proche de celle a priori avec un coefficient de variation plus faible dans le cas d'une loi conjuguée. Cela est insensible aux choix de la valeur de p. Dans le cas d'une loi conjuguée et pour des choix des valeurs élevées de p (0,7 et 0,8), les moyennes a posteriori deviennent très proches de la moyenne observée avec des coefficients de variations plus faibles.

Les moyennes a posteriori des paramètres θ_E et θ_I sont très proches de leurs moyennes a priori (calibrées à 1) mais les coefficients de variations sont plus faibles dans le cas d'une loi a priori conjuguée.

L'analyse des résultats relatifs à la sensibilité des différents paramètres aux valeurs choisies de p et aux distributions a priori reste vérifiée également pour les résultats de la deuxième vague du scénario grave et du scénario modéré (*cf.* **ANNEXE A.2**).

❖ **<u>Classe d'âges : 65 ans ou plus</u>**

Les résultats issus de l'estimation du modèle ***SEIRS*** lors de la première vague épidémique pour la classe d'âges « 65 ans ou plus » sont présentés dans le tableau **Tab.3.12**.

Pour la probabilité des contacts sociaux p, nous constatons une divergence entre la moyenne a posteriori et la valeur choisie de p lorsque celle-ci est élevée. Par contre, pour des valeurs faibles choisies de p (0,1 ou 0,2), la moyenne a posteriori se rapproche de la valeur choisie avec un coefficient de variation plus faible dans le cas d'une loi a priori conjuguée.

La moyenne a posteriori de β est généralement plus élevée avec un coefficient de variation plus faible dans le cas d'une loi a priori conjuguée. Cela est insensible aux différents choix de p. Pour des valeurs choisies élevées de p, la moyenne a posteriori diverge de celle a priori quelque soit le choix de la loi a priori. Dans le cas d'une loi a priori conjuguée et pour des valeurs faibles choisies de p (0,1 et 0,2), la moyenne a posteriori se rapproche de la moyenne a priori (qui est égale 5%) avec un coefficient de variation plus faible à celui dans le cas d'une loi a priori uniforme.

β est toujours corrélé négativement à p. Cette corrélation est plus élevée dans le cas d'une loi a priori uniforme quelque soit le choix de la valeur de p. Notons que la corrélation diminue pour des valeurs choisies élevées de p.

Tab.3.12. Résultats d'estimation des paramètres pour la classe d'âges « 65 ans ou plus» pendant la première vague épidémique

p	Loi a priori		β	κ_E	κ_I	θ_E	θ_I	p	cor (p, β)
0,1	Conjuguée	moyenne	0,057	2,961	7,074	0,938	1,830	0,211	-0,580
		cv	0,364	0,186	0,118	0,430	0,308	0,053	
	Uniforme	moyenne	0,042	3,377	12,063	1,255	1,275	0,265	-0,755
		cv	0,961	0,300	0,679	0,472	0,369	0,834	
0,2	Conjuguée	moyenne	0,055	3,124	7,108	1,134	1,057	0,258	-0,574
		cv	0,073	0,171	0,120	0,414	0,342	0,000	
	Uniforme	moyenne	0,034	4,088	11,927	1,104	0,738	0,409	-0,779
		cv	0,930	0,337	0,298	0,447	0,366	0,324	
0,5	Conjuguée	moyenne	0,095	2,941	7,085	0,843	1,233	0,644	-0,154
		cv	0,002	0,182	0,120	0,496	0,246	0,450	
	Uniforme	moyenne	0,087	3,692	14,179	0,822	0,951	0,674	-0,312
		cv	0,881	0,357	0,285	0,522	0,223	0,328	
0,7	Conjuguée	moyenne	0,035	2,999	6,937	0,879	0,780	0,789	-0,178
		cv	0,996	0,180	0,121	0,386	0,319	0,316	
	Uniforme	moyenne	0,033	3,825	13,030	0,795	0,690	0,656	-0,489
		cv	0,502	0,348	0,299	0,439	0,263	0,312	
0,8	Conjuguée	moyenne	0,027	3,062	7,026	0,996	0,850	0,946	-0,194
		cv	1,171	0,167	0,114	0,398	0,283	0,095	
	Uniforme	moyenne	0,059	4,013	13,758	0,944	0,735	0,598	-0,327
		cv	0,536	1,857	12,885	0,131	0,041	0,053	

Les résultats concernant les paramètres κ_E et κ_I sont stables pour les différents choix de p : les moyennes a posteriori sont généralement proches des moyennes a priori dans le cas d'une loi a priori conjuguée. Dans ce cas également, le coefficient de variation est plus faible pour des valeurs faibles choisies de p.

De même, les résultats relatifs aux paramètres θ_E et θ_I sont relativement insensibles aux choix des valeurs de p : les moyennes a posteriori et les coefficients de variation sont proches quelque soit le choix de la loi a priori. De plus, la moyenne a posteriori est très proche de la moyenne a priori (égale à 1). Nous remarquons toutefois que les coefficients de variation sont les plus faibles dans le cas d'une loi a priori conjuguée et pour des valeurs faibles de p (0,1 et 0,2).

L'analyse précédente de sensibilité des résultats aux valeurs choisies de p et aux distributions a priori issue de la première vague épidémique reste globalement la même pour les résultats issus de la deuxième vague épidémique du scénario grave ou du scénario modéré (*cf.* **ANNEXE A.2**).

❖ **Récapitulatif sur les résultats des analyses des paramètres du modèle**

Sur la base des analyses de sensibilité des paramètres du modèle aux différentes valeurs choisies de p et aux distributions a priori, nous présentons dans le tableau **Tab.3.13** un récapitulatif sur deux critères relatifs à chaque paramètre à savoir :

- Critère de « **moyenne a priori** » : correspond au cas où la moyenne a posteriori est proche de la moyenne a priori. Pour le paramètre p, ce critère sera respecté si la moyenne a posteriori est proche de la valeur choisie initialement de p (pour simuler le modèle ***SEIR*** ou ***SEIRS***) puisque nous ne disposions aucune information réelle sur ce paramètre.

  Si ce critère est respecté, il est présenté par un signe « **+** » dans le tableau, sinon il est présenté par un signe « **-** ».

- Critère de « **coefficient de variation** » : correspond au cas où le coefficient de variation est le plus faible possible et donc à la dispersion minimale autour de la moyenne. La lecture du tableau se fait par ligne. A titre d'exemple, pour le paramètre p (au niveau de la classe d'âges « moins de 19 ans »), le signe « **+** » se trouve dans la dernière colonne, cela signifie que dans le cas d'une une loi a priori conjuguée et une valeur élevée choisie pour p, le coefficient de variation est le plus faible.

Tab.3.13. Critères de « moyenne a priori » et « coefficient de variation » pour chaque paramètre du modèle

classes d'âges	paramètres	Critères	p faible (0,1 ou 0,2)		p moyen (0,5)		p élevé (0,8 ou 0,9)	
			Uniforme	Conjuguée	Uniforme	Conjuguée	Uniforme	Conjuguée
moins de 19 ans	p	moyenne a priori	-	-	-	-	+	+
		CV	-	-	-	-	-	+
	β	moyenne a priori	+	+	+	+	+	+
		CV	-	-	-	-	-	+
	κ_E ou κ_E	moyenne a priori	-	+	-	+	-	+
		CV	-	-	-	-	-	+
	θ_E ou θ_I	moyenne a priori	+	+	+	+	+	+
		CV	-	-	-	-	-	+
de 20 à 64 ans	p	moyenne a priori	-	-	-	-	+	+
		CV	-	-	-	-	-	+
	β	moyenne a priori	+	+	+	+	+	+
		CV	-	-	-	-	-	+
	κ_E ou κ_E	moyenne a priori	-	+	-	+	-	+
		CV	-	-	-	-	-	+
	θ_E ou θ_I	moyenne a priori	+	+	+	+	+	+
		CV	-	-	-	-	-	+
65 ans ou plus	p	moyenne a priori	-	+	-	+	-	+
		CV	-	+	-	-	-	-
	β	moyenne a priori	+	+	-	-	-	-
		CV	-	+	-	-	-	-
	κ_E ou κ_E	moyenne a priori	-	+	-	+	-	+
		CV	-	+	-	-	-	-
	θ_E ou θ_I	moyenne a priori	+	+	+	+	+	+
		CV	-	+	-	-	-	-

Dans le cas où ces deux critères sont à la fois vérifiés, les estimations a posteriori sont jugées adéquates avec les données réelles observées. Nous rappelons que la moyenne a priori de chaque paramètre était calibrée sur la base des données réelles observées. Ainsi, si la distribution a posteriori d'un paramètre se caractérise par une moyenne proche de la moyenne réellement observée et si de plus la dispersion autour de cette moyenne est minimisée (*i.e.* un coefficient de variation le plus faible), la distribution a postériori décrira dans ce cas une estimation du modèle en accord avec ce qui est observé en réalité.

D'après le tableau **Tab.3.13**, l'estimation a posteriori jugée en accord avec la réalité correspond aux cas suivants des résultats pour chaque classe d'âges :

- **Pour les classes d'âges « moins de 19 ans » et « de 20 à 64 ans »** : résultats basés sur des distributions a priori conjuguées des différents paramètres et pour des valeurs choisies élevées de probabilité ***p*** des contacts sociaux (0,8 et 0,7).
- **Pour la classe d'âges « 65 ans ou plus »** : résultats basés sur des distributions a priori conjuguées des différents paramètres et pour des valeurs choisies faibles de probabilité ***p*** des contacts sociaux (0,2 et 0,1).

Cela nous paraît d'ailleurs en accord avec la réalité : les aînés ont généralement des contacts sociaux beaucoup plus faibles par rapport aux jeunes et aux adultes.

3.2. Analyse des distributions des variables caractérisant les vagues épidémiques

Nous allons nous intéresser dans cette partie à l'analyse des variables caractérisant une vague épidémique à savoir la durée latente (notée : T_E), la durée d'infection (notée : T_I), le nombre cumulé des infectés estimé à la fin de chaque vague épidémique (noté ***m***) et le taux de reproduction de base (noté R_0).

A partir des distributions a postériori des paramètres du modèle (*i.e.* β , p, κ_E , θ_E , κ_I et θ_I), nous pouvons déterminer les distributions empiriques des variables suivantes :

- Le nombre cumulé des infectés ***m*** : Etant donnée que $m = \beta * S(0)$ (avec : $S(0)$ est le nombre initial des susceptibles supposé fixé à 1000 pour chaque classe d'âges au début d'une vague épidémique), la distribution a postériori du β permet de déduire la distribution empirique de ***m***.

- La moyenne et la variance de la période latente T_E : A ce titre, nous rappelons que $T_E \approx Gamma(\kappa_E, \theta_E)$, sa moyenne et sa variance sont données alors par $\kappa_E \theta_E$ et $\kappa_E \theta_E^2$ respectivement. Les distributions des paramètres κ_E et θ_E permettent de déduire la distribution empirique de la moyenne de T_E et la distribution empirique de la variance de T_E .

- La moyenne et la variance de la période latente T_I : Nous savons que : $T_I \approx Gamma(\kappa_I, \theta_I)$. Sa moyenne et sa variance sont données alors par $\kappa_I \theta_I$ et $\kappa_I \theta_I^2$ respectivement. Les distributions a postériori des paramètres κ_I et θ_I permettent de déduire la distribution empirique de la moyenne de T_I et la distribution empirique de la variance de T_I .

- Le taux de reproduction de base R_0 : Ce taux correspond au nombre moyen d'individus qu'un individu infectieux pourra infecter. Il est défini par :

$$R_0 = 1000.p.\left(1-\left(\frac{1}{1+\beta\theta_I}\right)\right)^{\kappa_I}$$

Etant donnée cette formule, les distributions a postériori des paramètres p, β , κ_I et θ_I permettent de déduire la distribution empirique de R_0.

Notons que nous avons choisi de ne pas comparer les résultats relatifs à R_0 de notre modèle à ceux estimés par d'autres études. Nous justifions ce choix par le fait que les estimations de ce taux sont très variables et dépendent des hypothèses multiples (vaccination, démographie, ...) qui différent d'un modèle à un autre. Néanmoins, ce taux doit être supérieur à 1 dans une épidémie.

Comme nous l'avons déjà précisé précédemment, l'analyse des résultats consiste essentiellement à étudier la sensibilité des distributions empiriques des variables aux différentes valeurs choisies de p et à la nature de la distribution a priori (uniforme et conjuguée).

Analysons maintenant les résultats des distributions empiriques pour chaque classe d'âges.

❖ **Classe d'âges : moins de 19 ans**

Nous présentons dans le tableau **Tab.3.14** les résultats relatifs à la première vague et concernant les caractéristiques des distributions des différentes variables (*i.e* : moyenne a posteriori et coefficient de variation a posteriori) pour les deux formes des distributions a priori (uniforme ou conjuguée) et pour les différentes valeurs choisies de probabilité des contacts sociaux p (*i.e.* p = 0.1, 0.2, 0.5, 0.7, 0.8).

L'analyse de sensibilité de variable m (dont la moyenne a priori est 270)[51] est la même que celle présentée précédemment pour le taux d'infection β. Les moyennes a posteriori relatives à la loi a priori conjuguée ou la loi a priori uniforme sont relativement les mêmes quelle que soit la valeur choisie de p. Pour des valeurs élevées de p (0,8 et 0,7), ces moyennes se rapprochent de la moyenne a priori et les coefficients de variation diminuent mais ils demeurent plus faibles dans le cas d'une loi a priori conjuguée.

Les variables $\kappa_E\theta_E$ et $\kappa_E\theta_E^2$ relatives à la période latente ont une moyenne a priori de 3j chacune. Pour des valeurs faibles et moyennes choisies de p (*i.e.* 0.1, 0.2 et 0.5), les moyennes a posteriori dans le cas d'une loi a priori uniforme sont plus élevées par rapport aux moyennes a posteriori dans le cas d'une loi a priori conjuguée et vice versa pour des valeurs élevées choisies de p (*i.e.* 0.7 et 0.8). En particulier, dans ce dernier cas des valeurs de p, les moyennes a posteriori se rapprochent de celles a priori. En outre, quelle que soit la valeur choisie de p, le coefficient de variation reste toujours plus élevé dans le cas d'une loi a priori uniforme.

[51] Cette moyenne correspond à la moyenne a priori de β multipliée par 1000 (soit 27 % * 1000).

Tab.3.14. Résultats d'estimation des variables décrivant la dynamique de la première vague épidémique pour la classe d'âges « moins de 19 ans »

p	Loi a priori		$\kappa_E\theta_E$	$\kappa_E\theta_E^2$	$\kappa_I\theta_I$	$\kappa_I\theta_I^2$	m	R_0
0,1	Conjuguée	moyenne	3,704	4,940	6,529	6,901	238	1,705
		cv	0,355	0,586	0,239	0,357	0,623	1,043
	Uniforme	moyenne	4,767	5,620	7,365	8,297	240	2,844
		cv	0,405	0,741	0,284	0,457	0,629	0,664
0,2	Conjuguée	moyenne	3,040	3,324	7,400	8,447	232	2,619
		cv	0,320	0,534	0,314	0,591	0,624	0,961
	Uniforme	moyenne	4,692	5,259	5,927	5,743	253	2,871
		cv	0,383	0,699	0,399	0,654	0,573	0,702
0,5	Conjuguée	moyenne	2,499	2,537	8,738	10,922	290	5,803
		cv	0,333	0,570	0,181	0,322	0,595	0,461
	Uniforme	moyenne	4,515	4,856	5,000	7,060	328	4,273
		cv	0,486	0,917	0,467	0,754	0,572	0,470
0,7	Conjuguée	moyenne	3,326	4,372	5,150	6,317	311	5,881
		cv	0,363	0,614	0,124	0,323	0, 409	0,341
	Uniforme	moyenne	2,751	2,783	6,610	6,669	329	4,700
		cv	0,368	0,778	0,193	0,353	0, 546	0,486
0,8	Conjuguée	moyenne	3,048	3,796	6,913	7,047	297	5,426
		cv	0,391	0,650	0,212	0,369	0,418	0,512
	Uniforme	moyenne	3,071	3,729	7,124	7,106	320	4,819
		cv	0,341	0,743	0,257	0,394	0,519	0,495

Concernant les variables $\kappa_I\theta_I$ et $\kappa_I\theta_I^2$ relatives à la période d'infection, nous rappelons que leurs moyennes a priori sont de 7j chacune. Plus les valeurs choisies de p sont élevées, plus les moyennes a postériori se rapprochent de celles a priori et plus les coefficients de variation sont faibles quelles que soit la loi a priori. Toutefois, les coefficients de variation sont les plus faibles dans le cas d'une loi a priori conjuguée.

La variable R_0 est supérieure à 1 et cela est insensible aux choix de p ou au choix de la loi a priori. R_0 est croissante avec p : plus le taux de contacts sociaux est élevé, plus les infectieux ont la chance de transmettre l'infection aux susceptibles et plus le taux de reproduction de base est élevé. Notons également que R_0 est de moyenne relativement plus élevée dans le cas d'une loi a priori conjuguée.

L'analyse de sensibilité de ces différentes variables reste vérifiée pour la deuxième vague épidémique correspondant au scénario grave ou au scénario modéré (*cf.* **ANNEXE A.3**).

❖ **Classe d'âges : de 20 à 64 ans**

Le tableau **Tab.3.15** présente les résultats relatifs aux différentes variables décrivant la dynamique de la première vague épidémique pour la classe d'âges « de 20 à 60 ans ».

La moyenne de m est généralement plus élevée à celle observée a priori (égale à 180). Les coefficients de variation sont plus élevés dans le cas d'une loi a priori uniforme. Pour des valeurs élevées choisies de p (en particulier 0,8) et dans le cas d'une loi a priori conjuguée, la moyenne de m est très proche de celle a priori avec une dispersion plus faible.

Tab.3.15. Résultats d'estimation des variables décrivant la dynamique de la première vague épidémique pour la classe d'âges « de 20 à 64 ans »

p	Loi a priori		$\kappa_E\theta_E$	$\kappa_E\theta_E^2$	$\kappa_I\theta_I$	$\kappa_I\theta_I^2$	m	R_0
0,1	Conjuguée	moyenne	2,881	3,378	9,549	13,287	191	1,8
		cv	0,472	0,901	0,271	0,458	0,424	0,680
	Uniforme	moyenne	4,037	4,617	10,701	14,906	211	5,044
		cv	0,410	0,727	0,203	0,350	0,662	0,505
0,2	Conjuguée	moyenne	2,988	3,346	6,619	6,699	199	4,154
		cv	0,444	0,789	0,362	0,626	0,479	0,506
	Uniforme	moyenne	4,288	4,465	6,147	5,507	198	3,801
		cv	0,329	0,534	0,330	0,577	0,675	0,529
0,5	Conjuguée	moyenne	2,382	2,365	8,784	11,131	200	4,154
		cv	0,510	1,023	0,197	0,336	0,365	0,506
	Uniforme	moyenne	2,997	3,088	8,763	10,381	229	4,356
		cv	0,407	0,794	0,194	0,324	0,652	0,491
0,7	Conjuguée	moyenne	2,416	2,544	7,836	8,494	222	5,936
		cv	0,440	0,553	0,148	0,296	0,398	0,398
	Uniforme	moyenne	2,956	2,906	8,395	8,510	235	4,193
		cv	0,513	0,782	0,216	0,334	0,625	0,492
0,8	Conjuguée	moyenne	3,128	3,624	6,998	6,667	189	4,724
		cv	0,286	0,589	0,239	0,379	0,374	0,483
	Uniforme	moyenne	3,406	3,459	6,226	6,806	224	4,532
		cv	0,343	0,631	0,238	0,439	0,660	0,483

Pour les variables $\kappa_E\theta_E$ et $\kappa_E\theta_E^2$ (de moyennes a priori respectives 3j et 3j), les moyennes sont relativement plus élevées dans le cas d'une loi a priori uniforme. Plus la valeur choisie de p est élevée, plus les moyennes se rapprochent des moyennes a priori quelle que soit la loi a priori mais avec des coefficients de variation plus faibles dans le cas d'une loi a priori conjuguée.

Par ailleurs, nous remarquons une divergence des moyennes des variables $\kappa_I\theta_I$ et $\kappa_I\theta_I^2$ avec leurs moyennes a priori (égales à 7j chacune) pour des valeurs faibles choisies de p. Les moyennes se rapprochent de la moyenne a priori pour des valeurs élevées de p et les coefficients des variations diminuent mais ceux les plus faibles correspondent au cas d'une loi a priori conjuguée.

Le taux de reproduction de base moyen est toujours supérieur à 1. Il est croissant avec p. En particulier, pour des valeurs élevées de p, ce taux est relativement stable.

Cette analyse de sensibilité de ces différentes variables reste globalement vérifiée pour la deuxième vague épidémique correspondant au scénario grave ou au scénario modéré (*cf.* **ANNEXE A.3**).

❖ **Classe d'âges : 65 ans ou plus**

Le tableau **Tab.3.16** résume les résultats relatifs aux distributions des variables caractérisant la dynamique de la première vague épidémique pour la classe d'âges « 65 ans ou plus ».

Tab.3.16. Résultats d'estimation des variables décrivant la dynamique de la première vague épidémique pour la classe d'âges « 65 ans ou plus »

p	Loi a priori		$\kappa_E\theta_E$	$\kappa_E\theta_E^2$	$\kappa_I\theta_I$	$\kappa_I\theta_I^2$	m	R_0
0,1	Conjuguée	moyenne	2,722	3,564	7,892	7,656	57	4,691
		cv	0,228	0,167	0,308	0,506	0,364	0,212
	Uniforme	moyenne	3,753	4,223	7,727	8,443	42	5,454
		cv	0,540	0,207	0,449	0,817	0,961	0,258
0,2	Conjuguée	moyenne	3,485	4,547	7,502	8,826	55	4,966
		cv	0,305	0,365	0,103	0,162	0,073	0,201
	Uniforme	moyenne	4,106	4,940	8,322	6,568	34	5,692
		cv	0,331	0,395	0,112	0,180	0,930	0,217
0,5	Conjuguée	moyenne	2,452	2,542	8,678	11,255	95	4,966
		cv	0,504	1,002	0,242	0,416	0,002	0,201
	Uniforme	moyenne	2,807	2,710	13,127	12,697	87	5,385
		cv	0,460	0,891	0,285	0,378	0,881	0,451
0,7	Conjuguée	moyenne	2,611	2,601	5,395	4,626	35	5,113
		cv	0,393	0,724	0,334	0,601	0,996	0,714
	Uniforme	moyenne	2,788	2,422	8,712	6,203	33	5,980
		cv	0,350	0,680	0,309	0,441	0,502	0,514
0,8	Conjuguée	moyenne	3,028	3,463	5,940	5,429	27	5,916
		cv	0,413	0,755	0,290	0,530	1,171	0,743
	Uniforme	moyenne	3,539	3,573	9,701	7,347	59	5,766
		cv	0,344	0,610	0,255	0,437	0,536	0,520

Pour des valeurs choisies élevées de p, la moyenne du nombre cumulé d'infectés m se diverge de celle a priori (égale à 50). Cela reste insensible aux choix de la loi a priori. Nous remarquons en outre que, pour des valeurs faibles choisies de p (0,1 et 0,2) et dans le cas d'une loi a priori conjuguée, la moyenne de m se rapproche de la moyenne a priori avec un coefficient de variation plus faible par rapport à celui dans le cas d'une loi a priori uniforme.

Concernant les variables $\kappa_E\theta_E$ et $\kappa_E\theta_E^2$ dont la moyenne a priori de chacune d'entre elles est de 3j (ou encore les variables $\kappa_I\theta_I$ et $\kappa_I\theta_I^2$ de moyenne a priori de 7j chacune), nous constatons que la moyenne se rapproche de celle a priori et les coefficients de variation diminuent pour des valeurs faibles choisies de p (0,1 et 0,2). En comparant les coefficients de variation, ceux les plus faibles caractérisent la loi a priori conjuguée.

Le taux de reproduction est supérieure à l'unité quelle que soit la valeur choisie de p et quelque soit le choix de la loi a priori. Nous remarquons une stabilité globale de ce taux pour les différentes valeurs de p avec une légère augmentation pour p élevée (0,7 ou 0,8).

Nous notons finalement que cette analyse de sensibilité reste vérifiée également pour la deuxième vague épidémique que ce soit pour scénario grave ou le scénario modéré (*cf.* **ANNEXE A.3**).

❖ **Récapitulatif sur les résultats des analyses des variables décrivant la dynamique de l'épidémie**

En se référant à l'analyse de sensibilité des variables décrivant la dynamique de l'épidémie aux différentes valeurs choisies de p et aux distributions a priori, le tableau **Tab.3.17** présente un récapitulatif sur les critères de « moyenne a priori » et « coefficient de variation » (décrites précédemment) pour chaque variable.

Tab.3.17. Critères de « moyenne a priori » et « coefficient de variation » pour chaque variable décrivant la dynamique de l'épidémie

classes d'âges	variables	Critères	p faible (0,1 ou 0,2)		p moyen (0,5)		p élevé (0,8 ou 0,9)	
			Uniforme	Conjuguée	Uniforme	Conjuguée	Uniforme	Conjuguée
moins de 19 ans	m	moyenne a priori	-	-	-	-	+	+
		CV	-	-	-	-	-	+
	$\kappa_E\theta_E$ ou $\kappa_E\theta_E^2$	moyenne a priori	-	-	-	-	+	+
		CV	-	-	-	-	-	+
	$\kappa_I\theta_I$ ou $\kappa_I\theta_I^2$	moyenne a priori	-	-	-	-	+	+
		CV	-	-	-	-	-	+
de 20 à 64 ans	m	moyenne a priori	-	-	-	-	+	+
		CV	-	-	-	-	-	+
	$\kappa_E\theta_E$ ou $\kappa_E\theta_E^2$	moyenne a priori	-	-	-	-	+	+
		CV	-	-	-	-	-	+
	$\kappa_I\theta_I$ ou $\kappa_I\theta_I^2$	moyenne a priori	-	-	-	-	+	+
		CV	-	-	-	-	-	+
65 ans ou plus	m	moyenne a priori	-	+	-	+	-	+
		CV	-	+	-	-	-	-
	$\kappa_E\theta_E$ ou $\kappa_E\theta_E^2$	moyenne a priori	+	+	-	-	-	-
		CV	-	+	-	-	-	-
	$\kappa_I\theta_I$ ou $\kappa_I\theta_I^2$	moyenne a priori	+	+	-	-	-	-
		CV	-	+	-	-	-	-

Pour une variable donnée, si le critère de « moyenne a priori » est vérifié c'est-à-dire que la moyenne a posteriori est proche de la moyenne a priori (dont la calibration était faite sur la base des données réelles observées) et si de plus le critère de « coefficient de variation » est vérifié c'est-à-dire que la dispersion autour de la moyenne a posteriori est minimale, les estimations relatives à cette variable sont jugées en accord avec les données réellement observées.

D'après le tableau **Tab.3.17**, l'estimation en accord avec la réalité correspond aux cas suivants des résultats pour chacune des classes d'âges :

- **Pour les classes d'âges « moins de 19 ans » et « de 20 à 64 ans »** : résultats basés à la fois sur des distributions a priori conjuguées et pour des valeurs choisies élevées de probabilité p des contacts sociaux (0,8 et 0,7).
- **Pour la classe d'âges « 65 ans ou plus »** : résultats basés à la fois sur des distributions a priori conjuguées des différents paramètres et pour des valeurs choisies faibles de probabilité p des contacts sociaux (0,2 et 0,1).

Ces résultats pour chaque classe sont conformes à ceux où les estimations a posteriori des paramètres du modèle sont en accord également avec les observations réelles (*cf.* **Tab.3.13**). Cette conformité est

attendue puisque les distributions des différentes variables ($\boldsymbol{m}$, $\kappa_E\theta_E$, $\kappa_E\theta_E^2$, $\kappa_I\theta_I$ et $\kappa_I\theta_I^2$) ont été déterminées à partir des estimations a postériori des paramètres du modèle.

Conclusion

L'objectif de ce chapitre était d'estimer les modèles épidémiologiques retenus pour chaque vague du scénario de pandémie grippale (à savoir un modèle ***SEIRS*** pour la première vague et un modèle ***SEIR*** pour la deuxième vague) sur une population française fictive à structure sociale hétérogène.
Après avoir calibré les distributions a priori des paramètres du modèle à partir des données réelles relatives à chaque vague épidémique, nous avons estimé chaque modèle par la méthode MCMC. Cette estimation consiste à déterminer, pour chaque classe d'âges, les distributions a posteriori des paramètres du modèle et cela pour différentes valeurs choisies de probabilité des contacts sociaux et pour deux formes différentes de distribution a priori des paramètres (uniforme ou conjuguée). A partir des distributions a posteriori, nous avons déterminé également les distributions empiriques de certaines variables caractérisant la dynamique de l'épidémie (*i.e.* nombre cumulé des individus infectés, période latente et période d'infection).
A l'issu de ces estimations, nous avons analysé la sensibilité des résultats obtenus par rapport aux valeurs choisies de probabilité des contacts sociaux et par rapport à la forme des distributions a priori des paramètres.
Cette analyse nous a amené à déduire finalement que le modèle épidémiologique (***SEIR*** ou ***SEIRS***) fournit des estimations traduisant la réalité de dynamique d'une épidémie grippale dans une classe d'âges donnée et cela pour des choix de probabilité des contacts sociaux en accord avec les caractéristiques réelles des contacts sociaux dans chaque classe d'âges (*i.e.* contacts élevés pour les jeunes et les adultes et faibles pour les aînés) et une calibration des distributions a priori par des lois conjuguées.

Comme nous allons le voir dans le chapitre suivant, les estimations jugées en accord avec la réalité seront retenues par la suite afin d'évaluer le chargement en capital SCR des garanties d'un portefeuille d'assurance prévoyance dans un scénario d'une pandémie grippale.

CHAPITRE 3

MODELISATION DE L'IMPACT D'UNE PANDEMIE GRIPPALE SUR LES GARANTIES PREVOYANCE

Un portefeuille de contrats prévoyance individuels ou collectifs couvre à la fois des garanties d'assurance vie (à savoir le décès) et des garanties d'assurance santé (à savoir l'arrêt de travail et les frais de santé).

Une pandémie grippale provoque des risques de mortalité et de morbidité qui touchent en premier lieu les garanties vie et santé couvertes par la prévoyance individuelle ou collective : le risque de mortalité touchant la garantie décès et le risque de morbidité touchant les garanties arrêt de travail et les frais de santé.

L'objectif de ce chapitre est double : il s'agit d'estimer des paramètres permettant de caractériser les risques de mortalité et de morbidité engendrés par une pandémie grippale. Ces paramètres sont déterminés à partir des estimations issues de la modélisation épidémiologique d'un scénario d'une pandémie grippale. A partir des paramètres estimés, nous allons proposer une évaluation de chargement en capital de couverture des prestations de prévoyance que représenterait une pandémie grippale.

Afin que l'estimation des paramètres du risque de morbidité et de mortalité et l'évaluation de chargement en capital soient conformes aux exigences réglementaires de « Solvabilité 2 » dans l'élaboration d'un modèle interne d'évaluation du risque catastrophe d'une pandémie, nous n'allons nous intéresser tout au long de ce chapitre qu'aux scénarios d'une pandémie grippale bicentenaire (*i.e.* une pandémie qui survient une fois tous les deux cents ans).

1. Estimation des paramètres caractérisant les risques de mortalité et de morbidité d'une pandémie grippale

Nous considérons les deux scénarios de pandémie grippale (grave et modéré) à deux vagues chacun. Deux hypothèses sont faites concernant l'importance relative des deux vagues : soit deux vagues identiques, soit respectivement un tiers et deux tiers pour la première et la seconde.

Les deux scénarios étaient modélisés au chapitre précédent à l'aide d'une modélisation épidémiologique sur des classes d'âges d'une population française fictive. Cette modélisation fournit des distributions pour les variables caractérisant la dynamique de chaque vague épidémique à savoir : le taux d'infection, le nombre d'infections, la durée latente moyenne et la durée d'infection moyenne. Nous avons vu que pour des calibrations bien choisies du modèle épidémiologique (*i.e.* taux de contacts sociaux adaptés à la classe d'âges et distributions a priori conjuguées pour les paramètres du modèle), nous obtenons des distributions jugées en accord avec la dynamique réelle de scénario considéré. Ces distributions sont retenues tout au long de cette partie.

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'âges de mêmes tailles, les estimations tirées de cette population restent encore valables pour une population assurée structurée par classes d'âges identiques.

Toutefois, la structure interne d'une classe d'âges diffère entre la population générale et la population assurée. En effet, chaque classe d'âges de la population générale est divisée en population à faible risque de complications liées à la grippe et population à risque élevé de complications liées à la grippe. Ces complications surviennent « après l'infection » par le virus grippal et concernent donc les personnes malades. Les pourcentages retenus pour les groupes à risque 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 santé[52]. Ainsi, nous allons retenir une population assurée de référence dont les tailles des classes d'âges sont identiques à celles de la population générale (soit 1000 assurés par classe d'âges) mais dont la proportion de population à risque élevé de complications est de 10 % par classe d'âges.

Pour chacune des classes d'âges, nous disposons des données concernant les taux de létalité, les taux d'hospitalisation et le nombre moyen de jours d'hospitalisation par individu lors d'une éventuelle pandémie grippale survenue en France. Ces données diffèrent selon les classes d'âges et la nature du risque de complications mais elles sont identiques pour les deux scénarios de pandémie. Nous considérons également que ces données restent encore valables pour la population assurée.

Un récapitulatif de ces données est présenté dans le tableau **Tab.3.18**.

Tab.3.18. Données relatives à la létalité et l'hospitalisation pour un scénario d'une pandémie grippale

Classes d'âges	population à risque élevé			population à faible risque		
	létalité[53] (%)	hospitalisation[54] (%)	hospitalisation (en j)	létalité (%)	hospitalisation (%)	hospitalisation (en j)
Moins de 19 ans	0,1-1-3	0,5-10-30	17,5 j	0,01-0,5-2	0,1-2-8	7 j
de 20 à 64 ans	0,1-1,5-3	0,5-12,5-30	22,5j	0,02-0,75-2	0,2-3-8	9j
65 ans ou plus	1,5-2-3	5-15-30	40j	0,3-1,5-2	1-5-8	16j

[52] 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

[53] Les valeurs sont présentées de cette façon : taux minimale-taux moyen-taux maximal

[54] Les valeurs sont présentées de cette façon : taux minimale-taux moyen-taux maximal

Une pandémie grippale engendre des risques de morbidité et de mortalité. Ces risques sont caractérisés par certains paramètres permettant d'identifier l'impact de pandémie touchant à la fois la population générale et la population assurée :

- Le risque de mortalité est caractérisé par le taux de mortalité supplémentaire liée à la pandémie (*i.e.* la mortalité liée directement à la pandémie)[55].

- Le risque de morbidité est caractérisé par le nombre de jours d'hospitalisation et le nombre de jours d'incapacité (et plus généralement par la durée totale de la maladie).

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. Le graphique de la figure **Fig.3.6** donne un exemple de ces distributions. Ce graphique montre la probabilité annuelle qu'une pandémie de grippe provoque une mortalité supérieure au nombre indiqué en abscisse. SwissRe a supposé également que les pandémies sont censées de se produire tous les 30 ans, la probabilité annuelle de survenance d'une pandémie est estimée alors à 3,33 % (*i.e.* Soit 1 sur 30). Si l'on dispose d'une distribution de mortalité supplémentaire dûe 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).

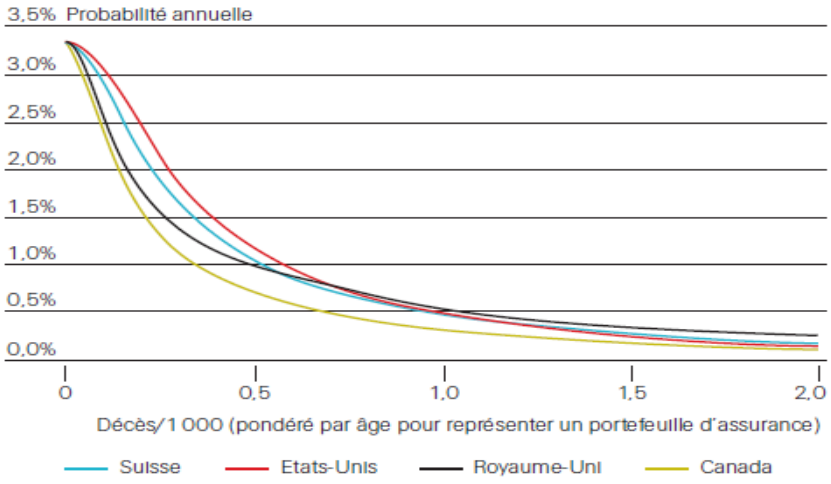


Fig.3.6. Courbes de surmortalité due à une pandémie grippale (source : SwissRe (2007,2))

[55] Le taux de mortalité lié directement à la pandémie donne la proportion du nombre de décès causés par la pandémie par rapport à la population totale. Ce taux diffère du taux de surmortalité qui donne la proportion des décès supplémentaires causés par la pandémie (*i.e.* excès de mortalité par rapport à la grippe saisonnière) par rapport à la population totale.

Mathématiquement, si on désigne par ***X*** le niveau de mortalité supplémentaire annuelle provoquée par une pandémie ***P***, 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 ***P***.

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

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

On déduit par la suite que le quantile d'ordre α (noté q_α) calculé sur la distribution de ***Y*** et telle que : $P(X \geq x) = P(Y \geq q_\alpha)P(I = 1) = (1-\alpha).3{,}33\% = 0{,}5\%$ est le niveau de 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 dans tout ce qui suit de ce chapitre 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. Cette estimation se base essentiellement sur les distributions fournies par la modélisation épidémiologique concernant les variables caractérisant la dynamique d'une vague épidémique et les données présentées au tableau **Tab.3.18.**

1.1. Le taux de mortalité

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

Dans ce qui suit, notre démarche est applicable pour chaque classe d'âges (de taille $n_{\text{classe d'âges}} = 1000$) que ce soit pour la population française fictive ou pour la population assurée :

- En multipliant le nombre d'infections dans une classe d'âges (noté *m*) par la proportion de la population à risque $\tau_{\text{à risque}}$, nous obtenons un nombre d'infections par population à risque (soit $m_{\text{à risque}} = m \times \tau_{\text{à risque}}$).

- Pour chaque population à risque, nous disposons un taux de létalité (proportion des décès parmi les infectés) noté par $l_{\text{à risque}}$. Le nombre de décès supplémentaires relatif à chaque population à risque est obtenu en multipliant le nombre d'infections par le taux de létalité.

- Le taux de mortalité supplémentaire lié à la pandémie pour une population à risque (noté $\lambda_{\text{à risque}}$) est obtenu finalement en divisant le nombre de décès supplémentaires par la taille de la population à risque.

Si on désigne $n_{\text{à risque}}$ la taille d'une population à risque telle que : $n_{\text{à risque}} = n_{\text{classe d'âges}} \times \tau_{\text{à risque}}$, on peut définir $\lambda_{\text{à risque}}$ par cette formule :

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

Avec : $l_{\text{à risque}}$ et $n_{\text{à risque}}$ sont fixés.

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'âges donnée.

Pour chaque population à risque, 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.

Le schéma suivant illustre la démarche décrite ci-dessus.

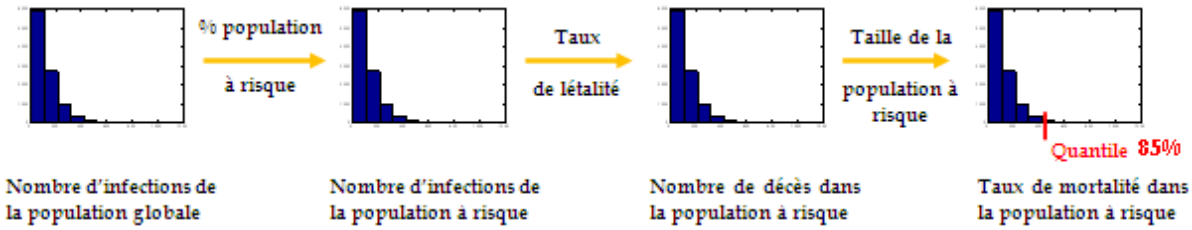


Fig.3.7. Estimation de distribution de taux de mortalité supplémentaire pour une population à risque (élevé ou faible) d'une classe d'âges donnée

Nous rappelons que nous avons également des seuils maximal, moyen et minimal pour chaque taux de létalité (*cf.* **Tab.3.18**). Ces seuils sont supposés identiques pour les sous populations à risque de la population générale (*i.e.* population française fictive) et les sous populations à risque de la population assurée[56]. Cela nous donne finalement des seuils maximal, moyen et minimal du taux de mortalité $\lambda_{\text{à risque}}$.

[56]Cette hypothèse est raisonnable puisque ces seuils sont données en pourcentage pour chaque population à risque quelle que soit sa taille et donc quelle que soit la structure par risque de la classe d'âges.

Les figures **Fig.3.8**, **Fig.3.9** et **Fig.3.10** présentent les taux de mortalité correspondant à un scénario bicentenaire de pandémie pour chaque sous population à risque des classes d'âges de la population générale (et de la population assurée).

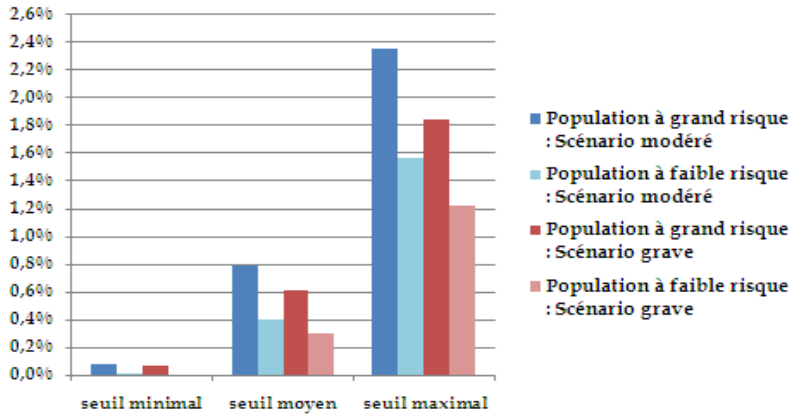


Fig.3.8. classe d'âges « moins de 19 ans » : Taux de mortalité par population à risque

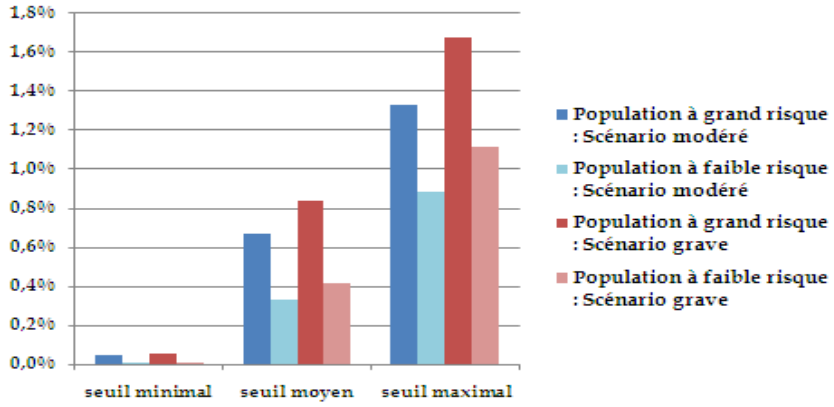


Fig.3.9. classe d'âges « de 20 à 64 ans » : Taux de mortalité par population à risque

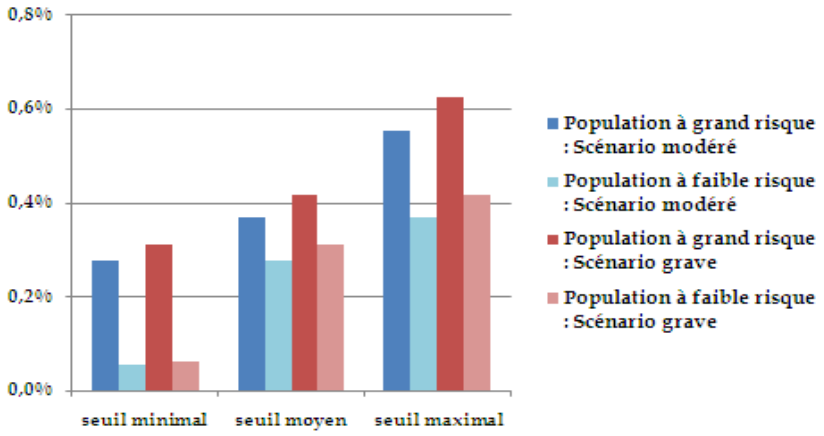


Fig.3.10. classe d'âges « 65 ans ou plus » : Taux de mortalité par population à risque

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'âges. Vu que la létalité est identique pour chaque scénario mais qu'elle est plus élevée chez la population à grand risque, la mortalité supplémentaire augmente ainsi avec le taux de létalité.

Quelle que soit la nature de sous population à risque, la classe d'âges « moins de 19 ans » est caractérisée par une mortalité plus élevée dans le scénario modéré alors que les deux autres classes d'âges 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 grave[57] et vice versa pour les autres classes d'âges. D'un autre côté le taux de létalité est identique pour chaque scénario (*cf.* **Tab.3.18**). 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'âges de la population générale et à la structure par risque des classes d'âges de la population assurée pour aboutir finalement à un taux de mortalité par classe d'âges $\lambda_{\text{classe d'âges}}$. 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'âges (supposée fixée à 1000).

Les taux de mortalité par classe d'âges liés au scénario bicentenaire que se soit pour la population assurée ou la population générale sont présentés dans les figures **Fig.3.11**, **Fig.3.12** et **Fig.3.13**.

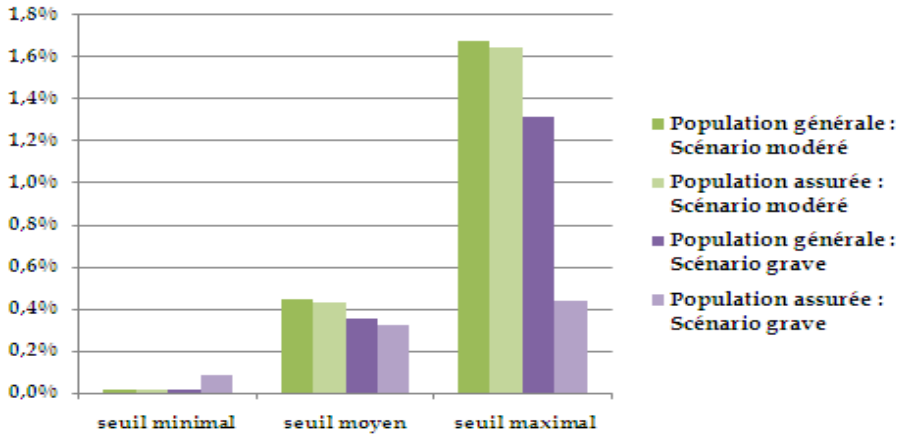


Fig.3.11. Taux de mortalité pour la classe d'âges « moins de 19 ans » : population générale *vs* population assurée

[57] 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.

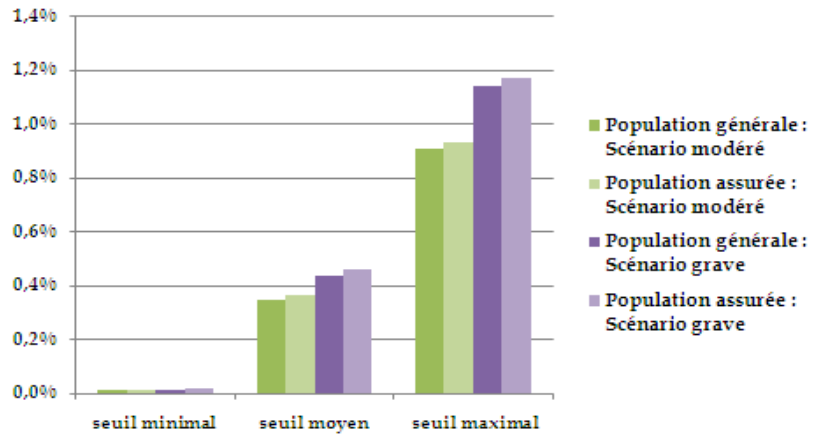


Fig.3.12. Taux de mortalité pour la classe d'âges « de 20 à 64 ans » : population générale *vs* population assurée

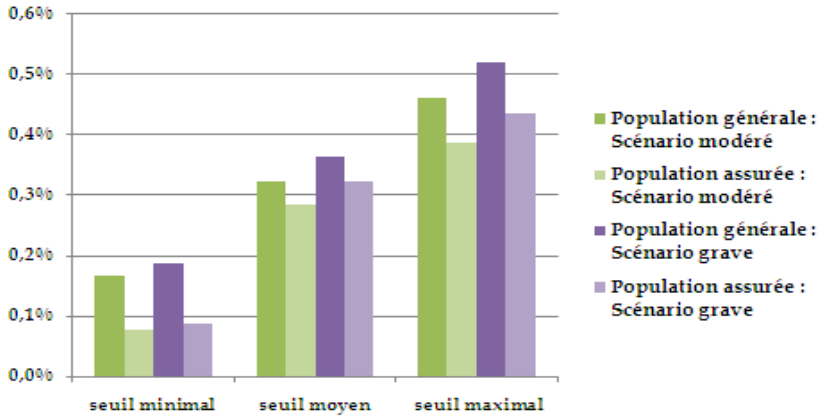


Fig.3.13. Taux de mortalité pour la classe d'âges « 65 ans ou plus » : population générale *vs* population assurée

Comme le montrent les figures, les différents seuils du taux de mortalité présentent la même allure dans une classe d'âges donnée. Globalement, le taux de mortalité varie selon les classes d'âges : une mortalité élevée caractérise les jeunes et les adultes par rapport aux âgés. Bien que les âgés possédent 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 souches des virus grippaux. Cela conduit à des taux de mortalité faibles par rapport à ceux des jeunes et des adultes.

La comparaison des taux de mortalité entre la population générale et la population assurée diffère d'une classe d'âges 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 popultions sont relativement les mêmes. Concernant les âgés, la mortalité la plus élevée caractérise la population générale dans le scénario grave alors qu'elle caractérise la population des assurées dans le scénario modéré.

Cette diférence s'explique essentiellement par la structure par risque dans la population générale qui différe de celle dans la population des assurées.

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'âges de la population générale (*cf.* **Tab.3.1**) et dans chaque classe d'âges de la population assurée (10 %), les taux de mortalité par classe d'âges restent applicables à n'importe quelle structure par âges de la population globale (*i.e.* quelle que soit la taille de la classe d'âges dans la population globale).

Il suffit d'appliquer ensuite les taux de mortalité par classes d'âges 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'âges 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'âges d'une population).

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

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

Où : $n_{population}$ 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'âges donnée ***i***.

La figure **Fig.3.14** 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'âges des deux populations mêmes si elles ont une structure d'âges identique.

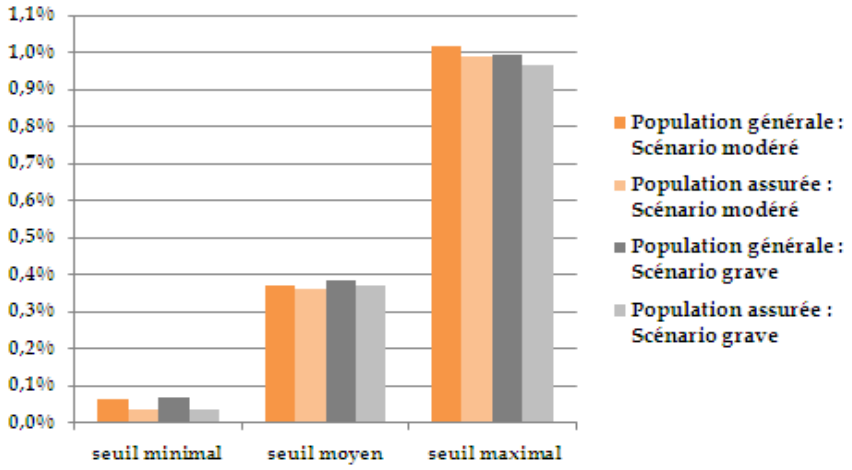


Fig.3.14. Taux de mortalité globale :
population générale *vs* population assurée

Nous avons appliqué également les taux de mortalité par classes d'âges de la population globale à la structure par âges de la population française provisoire de 2010 (soit 24 % pour la classe d'âges « moins de 19 ans », 59 % pour la classe d'âges « de 20 à 64 ans » et 17 % pour la classe d'âges « 65 ans ou plus »[58]).

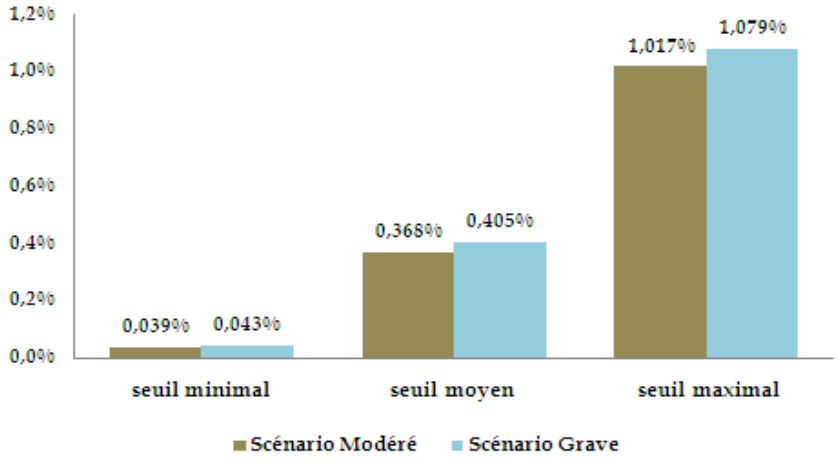


Fig.3.15. Taux de mortalité globale estimé sur la structure par âges de la population française provisoire de 2010

La figure **Fig.3.15** donne les seuils minimal, moyen et maximal du taux de mortalité globale lié aux scénarios grave et modéré d'une pandémie bicentenaire. Dans le QIS 4 ou encore 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 de pandémie ayant une période de retour de deux cent ans. 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

[58] Source : http://www.insee.fr/fr/themes/tableau.asp?reg_id=0&ref_id=NATTEF02164

maximal des taux de mortalité sont largement supérieurs aux taux donnés par SwissRe (ou encore par le CEIOPS). Cela est du essentiellement à la différence entre les hypothèses sous jacentes dans la modélisation des scénarios. En effet, SwissRe prend en compte dans la calibration de son modèle 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 soin de santé, ...). La prise en compte de ces interventions diminue la mortalité causée par la pandémie.

1.2. Nombre de jours d'hospitalisation

Nous considérons dans cette partie les deux vagues de chaque scénario pandémique. Pour chaque vague, nous disposons la distribution des infections par classes d'âges. Nous avons également des taux d'hospitalisation parmi les cas infectés et du nombre de jours d'hospitalisation par individu hospitalisé (*cf.* **Tab.3.18**). Ces données diffèrent à la fois selon la nature du risque de complications (faible ou élevé) liées à la grippe et selon la classe d'âges. Notons que pour le taux d'hospitalisation, on dispose des seuils maximal, moyen et minimal. Ces seuils ainsi que le nombre de jours d'hospitalisation par individu sont supposés être les mêmes pour les sous populations à risque de la population générale et les sous populations à risque de la population assurée[59]. De plus, ce sont les mêmes pour chaque vague épidémique.

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

- Après avoir déterminé la distribution des infections par nature de la population à risque de complications (*i.e.* $m_{\text{à risque}}$), on la multiplie par le taux d'hospitalisation qui lui correspond $\xi^{\text{à risque}}_{\text{classe d'âges}}$. Cela conduit à avoir une distribution du nombre de cas hospitalisés $n^{\text{à risque}}_{\text{hosp}}$ pour chaque population à risque, soit : $n^{\text{à risque}}_{\text{hosp}} = \xi^{\text{à risque}}_{\text{classe d'âges}} \times m_{\text{à risque}}$.

- Pour chaque population à risque, nous disposons le nombre de jours d'hospitalisation par individu hospitalisé (noté j). En multipliant ce nombre de jours par la distribution du nombre de cas hospitalisés par population à risque, nous obtenons une distribution du nombre total de jours d'hospitalisation $\xi^{\text{pop à risque}}_{\text{classe d'âges}}$ relatif à cette population (*cf.* **Fig.3.16**).

  Soit donc : $\xi^{\text{pop à risque}}_{\text{classe d'âges}} = n^{\text{à risque}}_{\text{hosp}} \times j$.

[59] Cette hypothèse est raisonnable puisque ces données sont données en pourcentage et par tête pour chaque population à risque quelle que soit sa taille et donc quelle que soit la structure par risque de la classe d'âges.

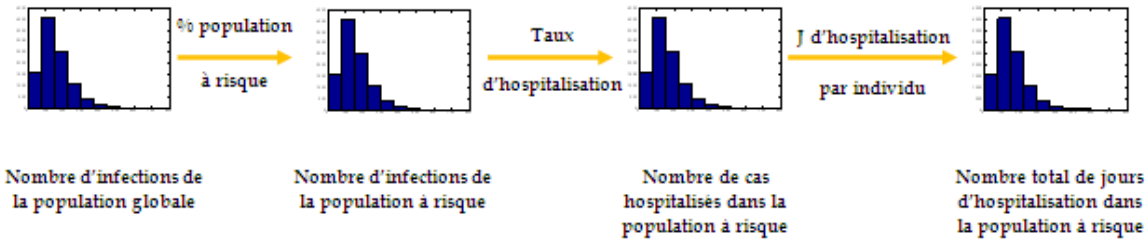


Fig.3.16. Estimation de distribution du nombre total de jours d'hospitalisation pour une population à risque (élevé ou faible) d'une classe d'âges donnée pendant une vague épidémique

- 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'âges et une vague épidémique. On le définit par :

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

- Comme nous l'avons mentionné précédemment, deux hypothèses sont faites concernant l'importance des deux vagues épidémiques pour chaque scénario : soit deux vagues identiques, soit respectivement un tiers et deux tiers pour la première et la seconde. Dans la première hypothèse, on fait la pondération des distributions du nombre total de jours d'hospitalisation par 1/2 pour chaque vague. Dans la deuxième, on fait la pondération des distributions du nombre total de jours d'hospitalisation par 1/3 et 2/3 respectivement pour la première et la deuxième vague. Cela 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 :

$$\xi_{\text{classe d'âges/scénario}} = \alpha_1 . \xi_{\text{classe d'âges/vague 1}} + \alpha_2 . \xi_{\text{classe d'âges/vague 2}}$$

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.3.17**).

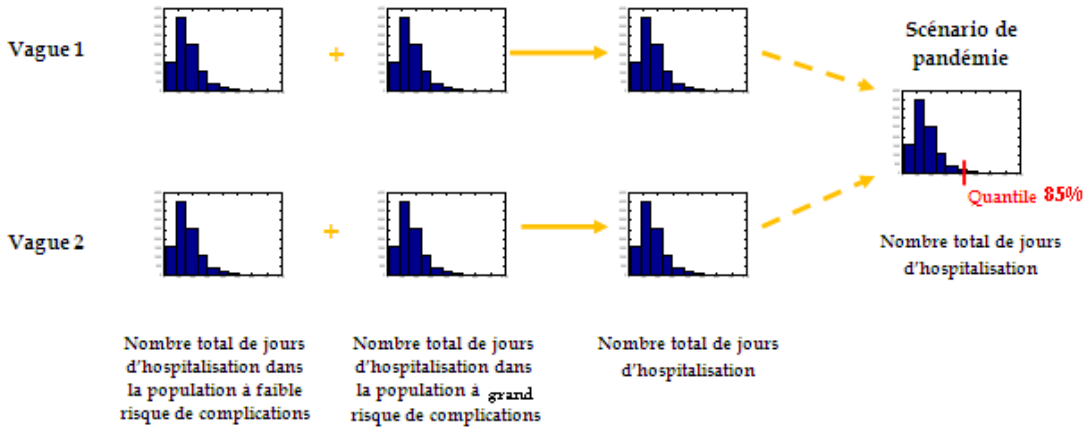


Fig.3.17. Estimation du nombre total de jours d'hospitalisation pour une classe d'âges donnée pendant scénario de pandémie bicentenaire

Les résultats d'estimation de ce quantile relatifs à chaque classe d'âges pour la population générale et la population assurée sont présentés dans les figures **Fig.3.18**, **Fig.3.19** et **Fig.3.20**.

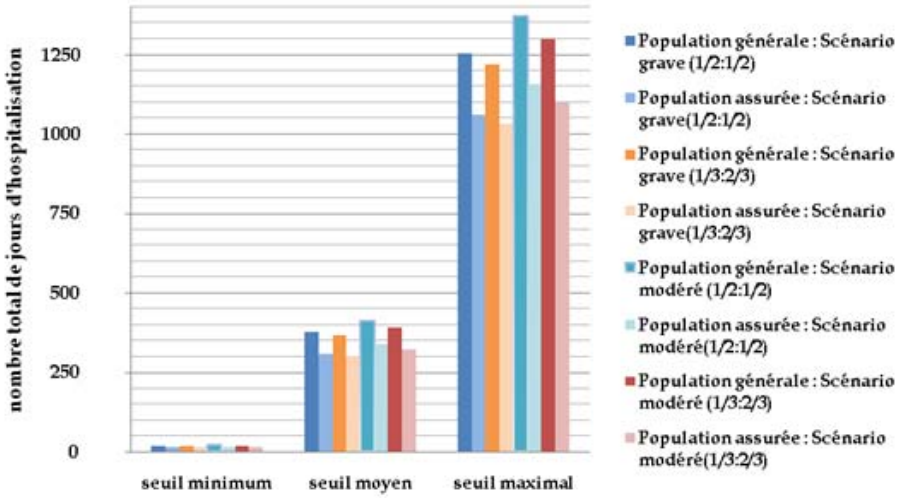


Fig.3.18. Nombre total de jours d'hospitalisation pour la classe d'âges « moins de 19 ans » : population générale vs population assurée

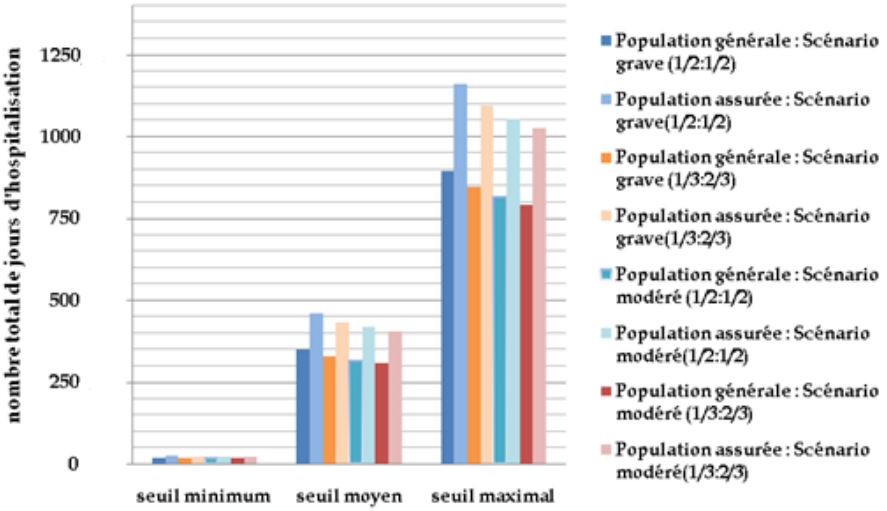


Fig.3.19. Nombre total de jours d'hospitalisation pour la classe d'âges « de 20 ans à 64 ans » : population générale vs population assurée

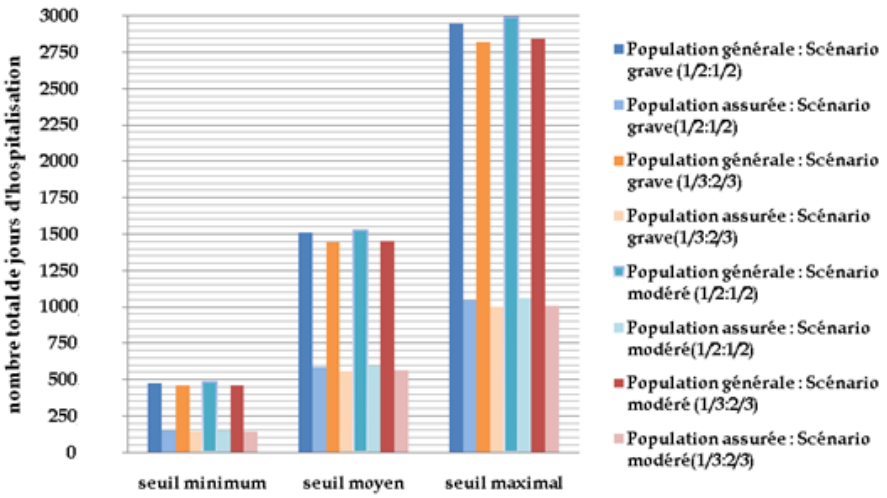


Fig.3.20. Nombre total de jours d'hospitalisation pour la classe d'âges « 65 ans ou plus » : population générale vs population assurée

Pour une classe d'âges donnée, les différents seuils du nombre total de jours d'hospitalisation présentent la même allure.

Le nombre de jours d'hospitalisation diffère globalement d'une classe d'âges à une autre. En particulier, les séjours d'hospitalisation les plus élevés caractérisent les personnes âgées.

En s'intéressant aux séjours d'hospitalisation pour une classe d'âges (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'âges et qu'ils augmentent avec la proportion de la population à grand risque de complications.

Dans ce qui suit, les analyses restent vérifiées aussi bien pour la population assurée que pour la population générale.

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 (*i.e.* le taux d'infection le plus élevé caractérise le scénario modéré (/grave) pour les adultes (/les jeunes et les aînés) et ce scénario est caractérisé également par les séjours d'hospitalisation les plus élevés).

Par ailleurs, la pondération des vagues épidémiques affecte les séjours d'hospitalisation : La prise en compte des deux vagues identiques pour un scénario engendre des séjours d'hospitalisation plus élevés par rapport à une prise en compte d'une pondération d'un tiers et deux tiers respectivement pour la première et la deuxième vague. Nous pouvons déduire que les hospitalisations issues de la deuxième vague sont relativement plus faibles.

1.3. 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.2.1**). Durant la période latente, les symptômes de la maladie apparaissent chez un infecté. Ce dernier reste malade jusqu'à sa guérison. La période réelle de la maladie s'étale ainsi sur une première période latente allant de l'apparition des symptômes jusqu'à la fin de la période latente et sur une deuxième période d'infection allant de la date où le malade devient infectieux jusqu'à sa guérison.

Afin de simplifier le traitement de la période de maladie qui est un paramètre clé pour l'assurance santé, deux hypothèses sont faites :

- Nous négligeons la période qui s'étale entre l'infection (*i.e.* début de la période latente) et l'apparition des symptômes et nous supposons qu'au début de la période latente les symptômes de la maladie apparaissent. La période de la maladie d'un individu s'étale ainsi sur la période latente T_E et la période d'infection T_I.

- Nous supposons que les personnes actives appartiennent uniquement à la classe d'âges « de 20 à 64 ans ». Ces personnes sont supposées en état d'incapacité (*i.e.* arrêt de travail causé par une maladie) durant toute la période de la maladie.

La modélisation épidémiologique de chaque vague épidémique nous a fourni des distributions empiriques de la période latente moyenne T_E^{mean} et de la période d'infection moyenne T_I^{mean} [60]. Ces distributions sont données pour une tête appartenant à une classe d'âges donnée.

Afin d'estimer la distribution du nombre de jours de maladie pour un individu appartenant à une classe d'âges 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 $\gamma^{maladie}_{\text{classe d'âges/vague}}$ durant une vague épidémique. Soit : $\gamma^{maladie}_{\text{classe d'âges/vague}} = T_E^{mean} + T_I^{mean}$.

- Chaque scénario de pandémie inclut deux vagues épidémiques 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 $\gamma^{maladie}_{\text{classe d'âges/scénario}}$ correspondant à un scénario pandémique. Soit :

$$\gamma^{maladie}_{\text{classe d'âges/scénario}} = \alpha_1 . \gamma^{maladie}_{\text{classe d'âges/vague 1}} + \alpha_2 . \gamma^{maladie}_{\text{classe d'âges/vague 2}}$$

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

Le schéma suivant complète cette démarche.

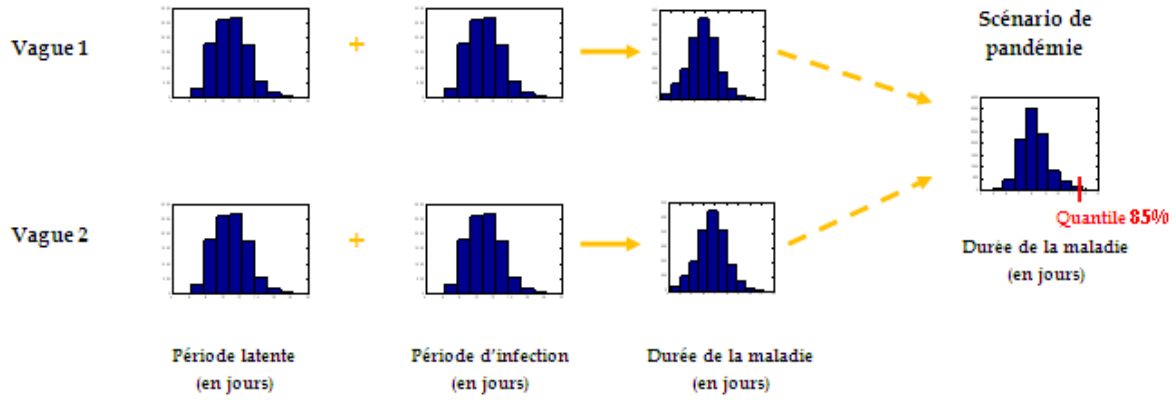


Fig.3.21. Distribution du nombre moyen de jours de maladie pour un individu (appartenant à une classe d'âges donnée) pendant une pandémie

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

[60] Nous rappelons que : $T_E^{mean} = \kappa_E \theta_E$ et $T_I^{mean} = \kappa_I \theta_I$

Pour un individu actif appartenant à la classe d'âges « de 20 à 64 ans », ce quantile correspond également au nombre de jours d'incapacité attendu lors d'une pandémie bicentenaire.

Les résultats pour les différentes classes d'âges et les scénarios sont illustrés dans la figure **Fig.3.22**.

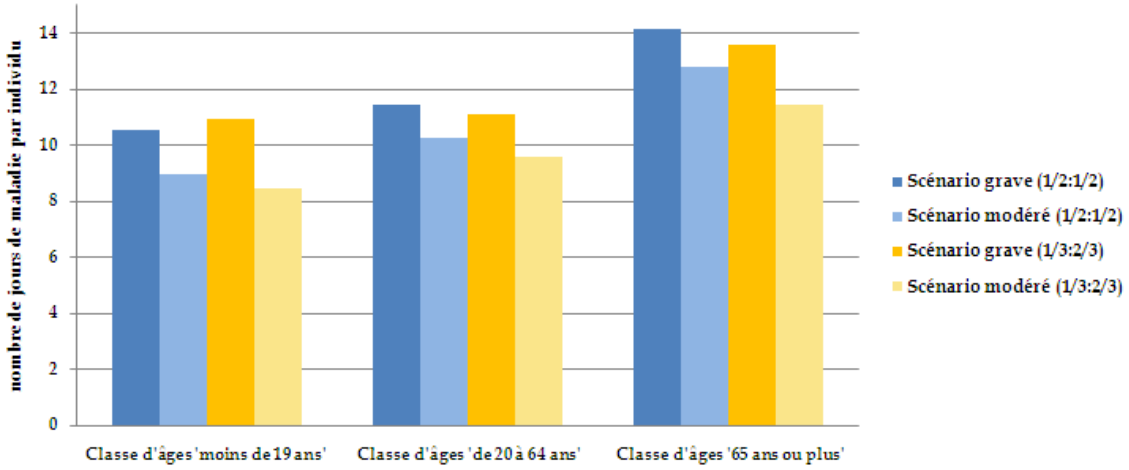


Fig.3.22. Nombre de jours de maladie par individu lors d'un scénario pandémique bicentenaire

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'âges, nous constatons que le nombre de jours de maladie diffère d'une classe d'âges 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 différent d'une classe d'âges 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[61].

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.

[61] Il convient de mentionner que les petits enfants appartenant à la classe d'âges « moins de 19 ans » ont également une durée de maladie relativement élevée en réalité.

Après avoir estimé et analysé les paramètres caractérisant le risque de mortalité (*i.e.* le taux de mortalité) et le risque de morbidité (*i.e.* le nombre de jours d'hospitalisation, le nombre de jours de maladie 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.

2. Evaluation du SCR du risque catastrophe d'une pandémie grippale en assurance prévoyance

Nous considérons tout au long de cette partie 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 dés le premier jour de la maladie jusqu'à le 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, les consultations et visites de médecins généralistes ou spécialistes, ...)

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.

C'est donc justement aux assureurs prévoyance qu'incombe la tâche de quantifier le plus exactement possible les charges supplémentaires (ou les surcoûts) liées à ces différentes garanties que représenterait une pandémie grippale.

Les préconisations mentionnées dans les spécifications techniques des QIS 4 et 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. Nous allons appliquer ensuite cette approche pour calculer le SCR relatif à une seule garantie ou à plusieurs garanties prévoyance.

2.1. Présentation générale de l'approche

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. X est supposé uniformément borné.

On considère β un facteur de risque systémique. 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 qui décrit 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 $X|\beta$ 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 :

$$F_X(x) = P(X \le x) = E\left[P(X \le x | \beta = y)\right]_{|I| \to +\infty} \int \Phi\left(\frac{x - \mu(y)}{\sigma(y)}\right) F_\beta(dy), \forall x \in \Re^+$$

Où :

$\mu(y)$ et $\sigma(y)$ sont respectivement l'espérance et la variance de X conditionnellement à $\beta = y$ 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 $\sigma(y)$.

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 : $\beta_1, ..., \beta_K$ est un échantillon simulé des réalisations de facteur de risque systémique (*i.e.* taux d'infection).

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 $\sigma(\beta_k)$). Cela caractérise la fonction de répartition $\tilde{F}_X(x)$.

- A partir de la fonction de répartition $\widetilde{F}_X(x)$, on cherchera la valeur de x qui correspond au quantile d'ordre 99,5%. Cette valeur correspond au SCR.

2.2. SCR des garanties prévoyance

Nous considérons un portefeuille prévoyance où les assurés sont segmentés en trois classes d'âges : « moins de 19 ans », « de 20 à 64 ans » et « 65 ans ou plus ».

Pour chaque classe d'âges, 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 par classe d'âges (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'âges donnée.
- Le nombre total de jours d'hospitalisation par classe d'âges (noté $\xi_{\text{classe d'âges/scénario}}$). 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'âges.
- Le nombre de jours de maladie par individu appartenant à une classe d'âges donnée (noté $\gamma^{maladie}_{\text{classe d'âges/scénario}}$). En particulier, pour un individu actif appartenant à la classe d'âges « de 20 à 64 ans », ce nombre correspond également au nombre de jours d'incapacité de travail (noté δ).

Cette partie présente comment l'approximation décrite ci-dessus est appliquée pour évaluer le SCR de couverture des risques engendrés par une pandémie bicentenaire sur des garanties prévoyance collectifs ou individuels. Dans un premier temps, nous présentons le SCR relatif à un portefeuille où une seule garantie prévoyance est souscrite. Nous présentons, dans un second temps, le SCR relatif à un portefeuille où plusieurs garanties prévoyance sont souscrites.

2.2.1. SCR relatif à une seule garantie prévoyance

Une seule garantie est supposée souscrite dans le portefeuille prévoyance. Nous cherchons d'abord à calculer les deux premiers moments conditionnels du surcoût (*i.e.* $\mu(\beta_k)$ et $\sigma(\beta_k)$). Nous allons présenter ensuite une application du calcul du SCR sur un portefeuille prévoyance fictif.

a. Surcoût de garantie décès

Nous nous plaçons dans le cas où seule la garantie décès est souscrite dans un portefeuille prévoyance segmenté par classe d'âges.

Dans un scénario d'une pandémie bicentenaire, le décès d'un assuré survient conditionnellement à l'infection selon un taux de mortalité $\lambda_{\text{classe d'âges}}$ relatif à cette pandémie. Sa probabilité de décès q est donnée alors par : $q = \beta_k . \lambda_{\text{classe d'âges}}$ (où β_k est une réalisation du taux d'infection).

Sous l'hypothèse d'indépendance entre les assurés, le décès dans l'ensemble des assurés d'une classe d'âges survient avec un tirage binomial selon la probabilité de décès q.

Pour un montant $C_{Décès}$ de capital assuré moyen par tête dans une classe d'âges donnée, les deux premiers moments conditionnels du surcoût sont donnés par :

$$\begin{cases} \mu(\beta_k) = q.\mathrm{N}.\mathrm{C}_{Décès} = \beta_k.\lambda_{\text{classe d'âges}}.\mathrm{N}.\mathrm{C}_{Décès} \\ \sigma^2(\beta_k) = q.(1-q).\mathrm{N}.\mathrm{C}_{Décès} = \beta_k.\lambda_{\text{classe d'âges}}.(1-\beta_k.\lambda_{\text{classe d'âges}}).\mathrm{N}.\mathrm{C}^2_{Décès} \end{cases}$$

Avec :

N : est le nombre des assurés dans une classe d'âges donnée.

$(\beta_k)_{k=1,...,10000}$: sont les réalisations des taux d'infection issues de la modélisation épidémiologique du deuxième vague d'un scénario pandémique.

b. Surcoût de garantie incapacité

On se place maintenant dans le cas où seule la garantie incapacité est souscrite dans un portefeuille prévoyance. Tous les assurés appartiennent à la classe d'âges « de 20 à 64 ans » et sont supposés actifs.

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.

Sous l'hypothèse d'indépendance entre les assurés et pour un montant C_{Incap} d'indemnité journalière moyenne versée pendant toute la durée d'incapacité, les deux premiers moments conditionnels du surcoût sont définis par :

$$\begin{cases} \mu(\beta_k) = \beta_k.\mathrm{N}.\delta.\mathrm{C}_{Incap} \\ \sigma^2(\beta_k) = \beta_k.(1-\beta_k).\mathrm{N}.\delta.\mathrm{C}^2_{Incap} \end{cases}$$

Avec :

N : est le nombre des assurés.

$(\beta_k)_{k=1,...,10000}$: sont les réalisations des taux d'infection issues de la modélisation épidémiologique d'un scénario pandémique (ce taux est pondéré selon les hypothèses concernant l'importance relative des deux vagues épidémiques dans chaque scénario. On prend une pondération (1/2, 1/2) ou (1/3, 2/3) pour les distributions des taux d'infections issus des deux vagues).

c. Surcoût de garantie frais de santé

On suppose ici que seule la garantie frais de santé est souscrite dans un portefeuille prévoyance. Cette garantie couvre les frais d'hospitalisation et les autres frais de santé (*e.g.* consultation d'un médecin, frais pharmaceutiques, ...).

Les frais de santé liés 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 de garantie frais d'hospitalisation**

Pour une classe d'âges de ***N*** assurés, on considère le nombre total de jours d'hospitalisation $\xi_{\text{classe d'âges/scénario}}$ (calculé sur une population de référence de 1000 assurés).

Du fait de l'indépendance entre les assurés et pour un montant C_{hosp} du forfait journalier moyen d'hospitalisation versé pendant toute la durée d'hospitalisation, les deux premiers moments conditionnels du surcoût sont donnés par :

$$\begin{cases} \mu(\beta_k) = \beta_k.\text{N}.(\xi_{\text{classe d'âges/scénario}}/1000).C_{hosp} \\ \sigma^2(\beta_k) = \beta_k.(1-\beta_k).\text{N}.(\xi_{\text{classe d'âges/scénario}}/1000).C_{hosp}^2 \end{cases}$$

Où : $(\beta_k)_{k=1,...,10000}$: sont les réalisations des taux d'infection issues de la modélisation épidémiologique d'un scénario pandémique .

❖ **Cas d'autres frais de santé**

Pour une classe d'âges de ***N*** assurés, on suppose que le montant total de ces frais de santé est proportionnel au nombre de jours de maladie $\gamma^{maladie}_{\text{classe d'âges/scénario}}$ (calculé par tête) *via* une constante ***c***. Le calcul de cette constante dépasse le cadre de ce mémoire puisqu'elle se base sur des montants réels de frais de santé. Néanmoins, nous pouvons donner l'expression des deux premiers moments conditionnels du surcoût:

$$\begin{cases} \mu(\beta_k) = \beta_k.c.\gamma^{maladie}_{\text{classe d'âges/scénario}}.N \\ \sigma^2(\beta_k) = \beta_k.(1-\beta_k).c^2.\gamma^{maladie}_{\text{classe d'âges/scénario}}.N \end{cases}$$

Où : $(\beta_k)_{k=1,...,10000}$ sont les réalisations des taux d'infection issues de la modélisation épidémiologique d'un scénario pandémique.

d. Evaluation du SCR d'un portefeuille prévoyance à une seule garantie

Une fois que les deux premiers moments conditionnels du surcoût ***X*** sont déterminés, nous pouvons caractériser sa fonction de répartition $\widetilde{F}_X$.

Soit un portefeuille prévoyance fictif où chaque classe d'âges contient 10000 assurés. Trois cas sont considérés dans ce portefeuille :

- Seule la garantie décès est souscrite. Le capital décès moyen assuré par tête est supposé égal à ***1 euro*** (*i.e.* $C_{\text{Décès}} = 1$). La résolution numérique de $\widetilde{F}_X(x) = 0{,}995$ nous donne ainsi le montant du SCR nécessaire à la couverture d'un capital assuré de ***10000 euros*** dans une classe d'âges donnée.
- Seule la garantie incapacité est souscrite. Cette garantie ne concerne que la classe d'âges « de 20 à 64 ans » où les 10000 assurés sont supposés actifs. L'indemnité journalière moyenne d'incapacité est supposée égale à ***1 euro*** (*i.e.* $C_{\text{incap}} = 1$). Résoudre numériquement $\widetilde{F}_X(x) = 0{,}995$ revient à estimer le SCR de couverture du nombre total des jours d'incapacité des 10000 assurés.

- Seule la garantie frais d'hospitalisation est souscrite. Le forfait d'hospitalisation journalier moyen est supposé égal à ***1 euro*** ($i.e. \mathrm{C}_{\mathrm{hosp}} = 1$). La résolution de $\widetilde{F}_X(x) = 0{,}995$ nous fournit le SCR de couverture du nombre total des jours d'hospitalisation dans une classe d'âges donnée.

Les paramètres de mortalité et de morbidité $\lambda_{\text{classe d'âges}}$, $\xi_{\text{classe d'âges/scénario}}$ et δ liés un scénario bicentenaire d'une pandémie grippale sont donnés en seuils (minimal, moyen et maximal), on dispose ainsi de trois distributions des charges supplémentaires (selon les seuils) sur lesquelles on calcule les seuils du SCR relatif à chaque garantie. Les résultats sont donnés dans les tableaux **Tab.3.19**, **Tab.3.20** et **Tab.3.21**.

Tab.3.19 SCR de couverture de garantie décès (en *euros*)

	Scénario Modéré			Scénario Grave		
	min	**moyenne**	**max**	**min**	**moyenne**	**max**
"moins de 19 ans"	**0,726**	**55,770**	**212,093**	**13,810**	**43,126**	**48,709**
"de 20 à 64 ans"	**2,077**	**35,971**	**81,103**	**5,088**	**48,074**	**125,915**
"65 ans ou plus"	**5,669**	**16,466**	**22,276**	**6,296**	**17,846**	**23,994**

Tab.3.20 SCR de couverture de garantie incapacité(en *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)**
24802,402	**23495,743**	**33549,640**	**34470,053**

Tab.3.21 SCR de couverture de garantie frais d'hospitalisation (en *euros*)

			"moins de 19 ans"	**"de 20 à 64 ans"**	**"65 ans ou plus"**
Scénario Grave	**vagues (1/2:1/2)**	**min**	**524,798**	**685,739**	**1205,415**
		mean	**10486,276**	**13082,863**	**4623,648**
		max	**35849,124**	**33011,110**	**8236,064**
	vagues (1/3:2/3)	**min**	**527,421**	**687,199**	**1246,498**
		mean	**10540,719**	**13109,414**	**4784,277**
		max	**36024,671**	**33081,224**	**8525,302**
Scénario Modéré	**vagues (1/2:1/2)**	**min**	**702,833**	**508,762**	**1095,454**
		mean	**14054,501**	**9717,158**	**4203,383**
		max	**48049,823**	**24522,700**	**7491,291**
	vagues (1/3:2/3)	**min**	**724,124**	**500,127**	**1099,948**
		mean	**14469,090**	**9538,140**	**4217,425**
		max	**49464,731**	**24073,504**	**7513,065**

Comme le montrent les chiffres, plus les risques de mortalité et de morbidité causés par un scénario de pandémie sont importants, plus le SCR de couverture des garanties est élevé dans une classe d'âges donnée. A titre d'exemple, pour la classe d'âges « moins de 19 ans », le SCR de couverture de décès ou de frais d'hospitalisation est plus important dans un scénario modéré que dans un scénario grave. Cela est dû au fait que le scénario modéré d'une pandémie bicentenaire présente des taux de mortalité et des nombres de jours d'hospitalisation plus élevés par rapport à un scénario grave.

2.2.2. SCR relatif à plusieurs garanties prévoyance

Nous supposons désormais que plusieurs garanties sont souscrites dans le même portefeuille prévoyance. Trois garanties prévoyance peuvent être souscrites : Décès, frais d'hospitalisation et incapacité.

Quatre combinaisons possibles de ces garanties sont possibles : décès et frais d'hospitalisation, décès et incapacité, frais d'hospitalisation et incapacité et finalement frais d'hospitalisation, incapacité et décès.

Nous allons calculer, d'abord, les deux premiers moments conditionnels des surcoûts (*i.e.* $\mu(\beta_k)$ et $\sigma(\beta_k)$) relatifs à ces différentes combinaisons. Nous allons présenter, ensuite, une application du calcul du SCR sur un portefeuille prévoyance fictif.

a. Surcoût des garanties décès et frais d'hospitalisation

On considère un portefeuille de contrats prévoyance segmenté par classes d'âges. Deux garanties sont souscrites à la fois dans chaque contrat le décès et les frais d'hospitalisation.

On suppose qu'une pandémie peut déclencher à la fois des prestations de décès et de frais d'hospitalisation pour l'ensemble de ces contrats.

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 deux garanties dans une classe d'âges de ***N*** assurés sont donnés par :

$$\begin{cases} \mu(\beta_k) = q.\mathrm{N}.\mathrm{C}_{\text{Décès}} + \beta_k.\mathrm{N}.(\xi_{\text{classe d'âges/scénario}}/1000).\mathrm{C}_{\text{hosp}} \\ \sigma^2(\beta_k) = q.(1-q).\mathrm{N}.\mathrm{C}_{\text{Décès}}^2 + \beta_k.(1-\beta_k).\mathrm{N}.(\xi_{\text{classe d'âges/scénario}}/1000).\mathrm{C}_{\text{hosp}}^2 \end{cases}$$

Où :

$\mathrm{C}_{\text{Décès}}$ et C_{hosp} : sont respectivement le capital décès moyen assuré par tête et le montant moyen de forfait journalier d'hospitalisation.

$(\beta_k)_{k=1,\ldots,10000}$: sont les réalisations des taux d'infection issues de la modélisation épidémiologique d'un scénario pandémique.

b. Surcoût des garanties décès et incapacité, Surcoût des garanties frais d'hospitalisation et incapacité et Surcoût des garanties frais d'hospitalisation, incapacité et décès

On considère désormais un portefeuille où les contrats sont souscrits par ***N*** assurés actifs appartenant à la classe d'âges « de 20 à 64 ans ». Trois cas possibles sont considérés pour les garanties souscrites dans les contrats : Soit les garanties décès et incapacité, soit les garanties frais d'hospitalisation et incapacité ou soit les garanties décès, incapacité et frais d'hospitalisation.

La survenance d'une pandémie suppose qu'elle touche l'ensemble des garanties souscrites dans chaque cas.

On note respectivement le montant moyen de forfait journalier d'hospitalisation, le montant moyen d'indemnité journalière d'incapacité et le capital décès moyen assuré par tête par C_{hosp}, C_{Incap} et $C_{Décès}$. Sous les hypothèses d'indépendance entre les assurés et de mutualisation des risques de mortalité et de morbidité, on définit les moments du surcoût dans chaque cas par :

- **Surcoût des garanties décès et incapacité**

$$\mu(\beta_k) = q.\mathrm{N}.C_{Décès} + \beta_k.\mathrm{N}.\delta.C_{Incap}$$
$$\sigma^2(\beta_k) = q.(1-q).\mathrm{N}.C_{Décès}^2 + \beta_k.(1-\beta_k).\mathrm{N}.\delta.C_{Incap}^2$$

- **Surcoût des garanties frais d'hospitalisation et incapacité**

$$\mu(\beta_k) = \beta_k.\mathrm{N}.\delta.C_{Incap} + \beta_k.\mathrm{N}.(\xi_{\text{classe d'âges/scénario}}/1000).C_{hosp}$$
$$\sigma^2(\beta_k) = \beta_k.(1-\beta_k).\mathrm{N}.\delta.C_{Incap}^2 + \beta_k.(1-\beta_k).\mathrm{N}.(\xi_{\text{classe d'âges/scénario}}/1000).C_{hosp}^2$$

- **Surcoût des garanties frais d'hospitalisation, incapacité et décès**

$$\mu(\beta_k) = q.\mathrm{N}.C_{Décès} + \beta_k.\mathrm{N}.\delta.C_{Incap} + \beta_k.\mathrm{N}.(\xi_{\text{classe d'âges/scénario}}/1000).C_{hosp}$$
$$\sigma^2(\beta_k) = q.(1-q).\mathrm{N}.C_{Décès}^2 + \beta_k.(1-\beta_k).\mathrm{N}.\delta.C_{Incap}^2 + \beta_k.(1-\beta_k).\mathrm{N}.(\xi_{\text{classe d'âges/scénario}}/1000).C_{hosp}^2$$

Avec :

$(\beta_k)_{k=1,\ldots,10000}$ sont les réalisations des taux d'infection issues de la modélisation épidémiologique d'un scénario pandémique.

c. Evaluation du SCR lié à un portefeuille prévoyance à plusieurs garanties

Soit un portefeuille prévoyance fictif où les assurés sont segmentés par classes d'âges de 10000 assurés chacune.

Dans un premier temps, on suppose que les assurés de ce portefeuille ont souscrit à la fois les garanties décès et frais d'hospitalisation. Le capital décès moyen assuré par tête est supposé égal à ***1 euro*** ($i.e.\ C_{Décès} = 1$) et le forfait d'hospitalisation journalier moyen est supposé égal à ***1 euro*** ($i.e.\ C_{hosp} = 1$). La résolution numérique de $\widetilde{F}_X(x) = 0{,}995$ fournit le SCR de couverture d'un capital décès assuré de ***10000 euros*** et des séjours d'hospitalisation dans une classe d'âges donnée.

Dans un second temps, on ne considère désormais que les 10000 assurés appartenant à la classe d'âges « de 20 à 64 ans ». Ces assurés sont supposés actifs. Trois hypothèses possibles sont faites sur les garanties souscrites dans chaque contrat: Soit les garanties décès et incapacité, soit les garanties frais d'hospitalisation et incapacité ou soit les garanties décès, incapacité et frais d'hospitalisation. Le capital décès moyen assuré par tête est supposé égal à ***1 euro*** ($i.e. \mathrm{C}_{\text{Décès}} = 1$), le forfait d'hospitalisation journalier moyen est supposé égal à ***1 euro*** ($i.e. \mathrm{C}_{\text{hosp}} = 1$) et l'indemnité journalière moyenne d'incapacité est supposée égale à ***1 euro*** ($i.e.\ \mathrm{C}_{\text{incap}} = 1$).

Résoudre numériquement $\widetilde{F}_X(x) = 0{,}995$ dans chaque hypothèse faite sur les garanties souscrites nous fournit le SCR de couverture d'un capital décès assuré de ***10000 euros*** et des jours d'incapacité, le SCR de couverture des séjours d'hospitalisation et des jours d'incapacité et finalement le SCR de couverture d'un capital décès assuré de ***10000 euros***, des séjours d'hospitalisation et des jours d'incapacité.

En retenant toujours les paramètres de mortalité et de morbidité $\lambda_{\text{classe d'âges}}$, $\xi_{\text{classe d'âges/scénario}}$ et δ donnés par un scénario bicentenaire d'une pandémie grippale, les SCR lié aux plusieurs garanties souscrites sont présentés dans les tableaux **Tab.3.22** et **Tab.3.23**.

Tab.3.22 SCR lié aux garanties Décès et frais d'hospitalisation (en *euros*)

			"moins de 19 ans"	"de 20 à 64 ans"	"65 ans ou plus"
Scénario Grave	vagues (1/2:1/2)	min	725,596	886,724	1407,514
		mean	10709,802	13312,036	4831,302
		max	36138,960	33285,546	8446,384
	vagues (1/3:2/3)	min	742,195	928,575	1506,142
		mean	11042,922	14109,268	5212,926
		max	37266,774	35300,533	9129,486
Scénario Modéré	vagues (1/2:1/2)	min	904,149	709,356	1296,763
		mean	14291,871	9934,495	4409,668
		max	48390,854	24766,669	7699,734
	vagues (1/3:2/3)	min	965,197	715,075	1356,599
		mean	15501,639	10029,763	4635,624
		max	52526,551	25009,668	8099,347

Tab.3.23 SCR lié aux garanties Décès et incapacité (en *euros*), SCR lié aux garanties frais d'hospitalisation et incapacité (en *euros*) et SCR lié aux garanties frais d'hospitalisation, incapacité et Décès (en *euros*)

			Décès &Incapacité	hospitalisation & Incapacité	hospitalisation & Incapacité & Décès
Scénario Grave	vagues (1/2:1/2)	min	32750,633	33434,460	33435,211
		mean	32778,903	45828,250	45850,477
		max	32824,070	65753,930	65811,194
	vagues (1/3:2/3)	min	33671,025	34356,446	34357,254
		mean	33698,689	46779,288	46803,330
		max	33742,941	66753,187	66815,073
Scénario Modéré	vagues (1/2:1/2)	min	24002,988	24311,207	29768,433
		mean	24019,675	33719,845	41259,905
		max	24046,372	48526,004	59413,627
	vagues (1/3:2/3)	min	22696,327	21095,288	29783,513
		mean	22712,952	32236,382	41332,850
		max	22739,498	46773,010	60063,609

Comme nous l'avons déjà constaté dans le cas d'un SCR d'une seule garantie, le SCR de couverture des garanties décès et frais d'hospitalisation dans chaque classe d'âges augmente avec les risques de morbidité et de mortalité liés au scénario pandémique. Par ailleurs, le SCR calculé sur le portefeuille fictif global est plus élevé dans un scénario modéré.

Les données du tableau **Tab.3.23** nous montrent que le SCR dans un scénario grave est relativement plus élevé par rapport à celui dans un scénario modéré. Cela reste vérifié quelles que soient les garanties souscrites.

L'évaluation du SCR relatif à plusieurs garanties prend en compte l'éventuelle dépendance qui existe entre des garanties vie et santé ou entre des garanties santé. Vu la différence entre les montants des SCR selon certains facteurs comme les classes d'âges, les scénarios et les types des garanties, cette dépendance peut dépendre également de ces facteurs.

Dans le portefeuille fictif, nous avons retenu les mêmes montants à risque (*i.e.* mêmes capital décès moyen assuré, indemnité journalière d'incapacité et forfait journalier d'hospitalisation) pour évaluer le SCR. En réalité, les montants à risque peuvent se différer par exemple selon les classes d'âges et leurs effectifs. Dés lors, la dépendance existante entre les garanties peut dépendre également des sommes assurées à risque.

2.3. Mise en œuvre pratique du calcul du SCR d'un portefeuille prévoyance dans le cadre d'un modèle interne (total ou partiel)

A la place d'un portefeuille réel d'assurance prévoyance, nous avons calculé le SCR dans des cas particuliers des garanties souscrites dans le portefeuille. La méthodologie retenue précédemment reste encore applicable dans le cas d'un portefeuille prévoyance réel.

Un portefeuille prévoyance réel contient des contrats où une seule garantie est souscrite et des contrats où plusieurs garanties sont souscrites (*i.e.* des contrats en régime de croisière). Afin de calculer le SCR global relatif à ce portefeuille, l'assureur prévoyance peut suivre les étapes suivantes :

- **Etape 1 :** Segmenter les assurés en trois classes d'âges : « moins de 19 ans », « de 20 à 64 ans » et « 65 ans ou plus ».

- **Etape 2 :** Dans chaque classe d'âges, on segmente une deuxième fois les contrats par type de garanties souscrites. A titre d'exemple, pour les contrats où les assurés appartiennent à la classe d'âges « moins de 19 ans », on les segmente en : « contrats à garantie décès », « contrats à garantie décès et hospitalisation », ...

  On a à cette étape des classes croisées (*i.e.* par classes d'âges et par types des garanties souscrites).

- **Etape 3 :** Dans chaque classe croisée à *N* assurés, on calcule, selon les types des garanties souscrites, les montants à risque c'est-à-dire le capital décès moyen assuré, l'indemnité journalière d'incapacité et le forfait journalier d'hospitalisation[62].

- **Etape 4 :** En retenant les paramètres du risque de mortalité et de morbidité caractérisant un scénario de pandémie bicentenaire, 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.

- **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.

- **Etape 6 :** Le SCR global de couverture du portefeuille peut se calculer 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 des classes croisées.

  La comparaison de la somme des SCR relatifs aux différentes classes croisées avec le SCR global permettra d'identifier l'existence d'une éventuelle diversification entre les différentes classes croisées[63].

Il convient de noter que cette démarche est applicable sous l'hypothèse qu'une pandémie grippale bicentenaire peut toucher toutes les garanties souscrites des contrats prévoyance. Cela implique que le calcul du SCR se fait sur tous les montants assurés de l'ensemble des garanties du portefeuille prévoyance et exposés aux risques de mortalité et de morbidité engendrés par une éventuelle pandémie. Notre démarche nous semble adéquate avec les règles mentionnées dans le QIS 4 ou encore

[62] L'indemnité journalière d'incapacité et le forfait journalier d'hospitalisation sont généralement connus.
[63] En vérifiant que la somme des SCR est supérieure au SCR global (*i.e.* vérifier le critère de sous additivité).

dans le QIS 5 afin d'élaborer un modèle interne du calcul du SCR relatif au risque catastrophe d'une pandémie pour les garanties santé et décès. Nous rappelons à ce titre que pour les garanties santé, l'évaluation du SCR agrégé sur la base des sommes assurées exposées au risque était retenue dans le modèle interne de calibration d'une catastrophe en assurance complémentaire santé dans le QIS 4. Elle était retenue également dans le QIS 5 pour l'évaluation du SCR relatif au risque catastrophe en assurance santé. Concernant la garantie décès, le SCR relatif au risque catastrophe doit être évalué sur la base des sommes assurées exposées au risque de mortalité lié à une pandémie bicentenaire.

Conclusion

A l'aide de la modélisation épidémiologique des scénarios de pandémie grippale, nous avons déterminé les paramètres caractérisant les risques de mortalité et de morbidité d'un scénario pandémique bicentenaire à savoir le taux de mortalité, les séjours d'hospitalisation et la durée de la maladie.

Le taux de mortalité diffère selon les classes d'âges : il est plus faible chez les aînés. Bien qu'ils présentent les taux de létalité les plus élevés, les personnes âgées acquièrent une certaine immunité contre les virus grippaux du fait de leur exposition aux pandémies historiques. De plus, les taux de mortalité sont plus élevés dans les scénarios pandémiques à taux d'infection élevés.

La mortalité entre la population générale et une population assurée de mêmes structures par âges est différente. Cette différence est dûe essentiellement à la différence entre les structures par risque des deux populations.

Généralement les taux de mortalité sont plus élevés par rapport aux taux de mortalité estimés par l'étude de Swiss Re qui a adopté également une approche épidémiologique. Cela se justifie par la différence des hypothèses prises entre les scénarios et les calibrations des modèles épidémiologiques (notamment la prise en compte de modèle de Swiss Re de certains facteurs qui diminuent les taux de mortalité comme la vaccination).

Les séjours d'hospitalisation sont différents d'une classe d'âges à une autre. Ils augmentent avec le risque de complications liées à la grippe et avec le taux d'infection. En plus, ils sont différents entre la population générale et la population assurée à cause de la différence de leurs structures par risque.

Les durées de la maladie augmentent avec l'âge et elles sont plus élevées dans un scénario pandémique grave.

Les différents paramètres du risque de morbidité et de mortalité estimés sur la population assurée étaient retenus par la suite pour évaluer le SCR relatif à une seule garantie ou à plusieurs garanties prévoyance (à savoir : le décès, l'incapacité et les frais d'hospitalisation). Cette évaluation était faite à l'aide d'une approximation gaussienne des surcoûts engendrés par une pandémie et sous l'hypothèse d'une mutualisation des risques de morbidité et de mortalité.

En particulier, le SCR relatif à plusieurs garanties prend en compte l'éventuelle dépendance existante entre les surcoûts liés aux différentes garanties. Cette dépendance diffère selon plusieurs facteurs comme les capitaux à risque, la structure par âge du portefeuille ou encore les scénarios pandémiques.

Afin d'évaluer l'impact du risque catastrophe d'une pandémie dans le cadre d'un modèle interne (total ou partiel), la modélisation retenue peut être appliquée sur la base des montants exposés à ce risque pour évaluer le SCR global de couverture d'un portefeuille prévoyance.

CONCLUSION

L'objectif de cette partie était de construire un modèle interne (total ou partiel) d'évaluation du risque catastrophe d'une pandémie grippale en assurance prévoyance *via* une approche épidémiologique.

La construction d'un tel modèle nécessite de définir et de modéliser des scénarios de pandémie grippale avant de passer à la quantification de l'impact d'une pandémie sur les garanties prévoyance.

Pour ce faire, nous avons retenu deux scénarios pandémiques à deux vagues chacun : la première vague provoquée par la souche de la grippe porcine et elle est commune aux deux scénarios. La deuxième vague diffère selon les scénarios : elle est provoquée par la souche de la grippe espagnole pour le scénario grave alors qu'elle est provoquée par la souche de la grippe asiatique (ou celle de Hong Kong) pour le scénario modérée. La dynamique de chaque vague était caractérisée par des données cliniques relatives à l'infection, la létalité et l'hospitalisation ainsi que des données relatives à la période latente et la période d'infection par une grippe. L'ensemble de ces données provient essentiellement des études faites par l'INVS sur l'impact sanitaire d'une éventuelle pandémie sur la population française.

Nous avons procédé ensuite à la modélisation épidémiologique de chaque scénario pandémique sur une population française fictive à structure sociale hétérogène et divisée en trois classes d'âges (les jeunes, les adultes et les aînés). Pour cela, nous avons modélisé la première vague et la deuxième vague épidémiques respectivement par des modèles ***SEIRS*** et ***SEIR*** stochastiques tenant en compte l'hétérogénéité existante dans la population. Ces modèles sont estimés par la méthode MCMC. Cette méthode fournit au final des distributions empiriques caractérisant les variables décrivant la dynamique des vagues épidémiques (*i.e*. nombre cumulé des individus infectés, période latente moyenne et période d'infection moyenne).

Ces distributions empiriques sont retenues ensuite afin d'estimer les paramètres clés des risques de mortalité et de morbidité d'un scénario pandémique bicentenaire à savoir : le taux de mortalité, le séjour total d'hospitalisation et la durée de la maladie. Ces paramètres sont estimés à la fois sur la population fictive française et sur une population assurée fictive de mêmes structures par âges. L'analyse de ces différents paramètres nous a révélé la différence existante entre les deux populations à cause de la différence de leurs structures par risque de complications liées à la grippe. Les paramètres différent également d'une classe d'âges à une autre et ils sont plus élevés dans les scénarios à taux d'infection élevés.

Dans un portefeuille de prévoyance individuel ou collectif, le risque d'infection par une pandémie constitue l'événement déclencheur des risques de mortalité et de morbidité touchant les assurés et donc les différentes garanties prévoyance. En particulier, le risque de mortalité touche la garantie décès et le risque de morbidité touche les garanties incapacité et frais de santé.

Pour évaluer le SCR nécessaire à la couverture d'une ou de plusieurs garanties, il suffit de caractériser la distribution des surcoûts (en calculant ses deux premiers moments conditionnels au taux d'infection) et de calculer le quantile d'ordre 99,5 % sur cette distribution. Selon la nature des garanties souscrites (vie ou santé), ces moments dépendent essentiellement des paramètres des risques

de mortalité et de morbidité caractérisant un scénario bicentenaire d'une pandémie et des capitaux à risque (*i.e.* capital décès assuré, indemnité d'incapacité et forfait journalier d'hospitalisation).

Dans un premier temps, nous avons évalué le SCR de couverture d'une seule garantie prévoyance dans un portefeuille structuré par classes d'âges et de capitaux à risque fictifs. Le SCR diffère selon les classes d'âges et il augmente avec les risques de mortalité et de morbidité.

Dans un second temps, nous avons évalué le SCR de couverture de deux ou plusieurs garanties prévoyance d'un portefeuille de capitaux à risque fictifs et dont les assurés sont classés selon leurs âges. Le SCR diffère également selon les classes d'âges et il augmente avec les risques de mortalité et de morbidité caractérisant le scénario pandémique. Toutefois, ce SCR diffère également selon les combinaisons des garanties souscrites dans les contrats puisqu'il tient en compte l'éventuelle dépendance existante entre elles. Cette dépendance peut prendre en compte certains facteurs comme par exemple les capitaux à risque ou encore la structure par âges des assurés.

L'évaluation du SCR faite sur un portefeuille prévoyance fictif reste encore applicable sur un portefeuille prévoyance réel. Pour cela, l'assureur doit segmenter les capitaux à risque des contrats (*i.e.* les sommes exposées aux risques d'une pandémie) selon les âges des assurés et la nature des garanties souscrites et leurs combinaisons (en cas où plusieurs garanties sont souscrites). Une fois que la distribution de surcoût relatif à un segment est caractérisée en calculant les deux premiers moments conditionnels, on peut calculer à la fois le SCR relatif à chaque segment et le SCR relatif au portefeuille global (en caractérisant la distribution de surcoût global en faisant la somme des deux premiers moments des différents segments). La comparaison de la somme des SCR des segments et le SCR global du portefeuille servira à identifier l'existence d'une diversification entre les différents segments.

CONCLUSION

Une pandémie grippale présente un risque catastrophique qui pèse sur la vie et la santé des êtres humains. La survenance d'une telle catastrophe engendre des pertes considérables en assurance vie et santé et donc en assurance prévoyance. Bien que la gestion du risque catastrophe en assurance vie commence aujourd'hui à être transmise aux marchés financiers par le biais de la titrisation, la réassurance traditionnelle n'offre pas de couverture suffisante et ne prend pas généralement le risque d'assurer une pandémie. Dans ce contexte, les assureurs prévoyance doivent s'intéresser de plus près à la prise en compte du risque catastrophe d'une pandémie dans leurs modèles.

C'est dans le cadre de la recherche d'un outil permettant de modéliser le risque d'une pandémie grippale et d'évaluer le chargement en capital de solvabilité (SCR) nécessaire pour le couvrir dans un portefeuille d'assurance prévoyance individuel ou collectif tout en respectant les exigences réglementaires de futur référentiel « Solvabilité 2 », que se situent les objectifs du notre mémoire.

D'un point de vue réglementaire, « Solvabilité 2 » a intégré le risque d'une pandémie grippale comme un sous module catastrophe dans les risques de souscription vie et santé. Des formules standards d'évaluation du SCR lié au sous module catastrophe ont été proposées. La calibration de ces formules diffère entre les branches vie et santé alors que le sous jacent est le même (*i.e.* une pandémie grippale). Concernant le modèle interne, aucune orientation précise n'a été donnée sur la manière d'évaluation du SCR d'une catastrophe de pandémie. Néanmoins, son évaluation doit respecter les exigences réglementaires de base à savoir une calibration sur des scénarios de pandémie bicentenaire (*i.e.* de période de retour de 200 ans).

L'analyse des pandémies de grippe historiques du 20ème siècle nous a montré leurs effets considérables sur la mortalité et la morbidité qui constituent les principaux risques déclencheurs des prestations prévoyance. De ce fait, nous avons dressé un panorama des modèles des risques de mortalité et de mortalité engendrés par une pandémie grippale. A l'issue de l'analyse de ces modèles, nous avons constaté que leurs résultats étaient divergents à cause de la différence des hypothèses sous jacentes aux scénarios de pandémie. De plus, ces résultats sont incohérents avec les exigences de base de « Solvabilité 2 » sauf pour le modèle de mortalité de Swiss Re. Ce dernier se base sur une approche épidémiologique complexe fondée sur des avis d'experts et des jeux d'hypothèses qui ne sont pas totalement transparents. Néanmoins, le modèle de SwissRe est le modèle utilisé actuellement par les assureurs souhaitant d'intégrer le risque de mortalité dans leur modèle interne (total ou partiel) et il était d'ailleurs pris comme référence dans les QIS 4 et QIS 5 pour calibrer le SCR de couverture du risque de mortalité engendré par une pandémie grippale.

En s'inspirant de l'approche épidémiologique pertinente de SwissRe, l'objectif de ce mémoire était de proposer une approche épidémiologique sophistiquée et transparente et qui soit également adaptée à tous les risques induits par une pandémie (*i.e.* risques de mortalité et de morbidité).

L'approche proposée se base sur un modèle épidémiologique du type ***SEIR*** stochastique adapté à la dynamique d'une maladie infectieuse grippale dans une population structurée par classes d'âges et de contacts sociaux aléatoires (*i.e.* transmission de la maladie est aléatoire). Devant le manque des données épidémiologiques à notre disposition, nous avons estimé ce modèle à l'aide des techniques bayésiennes du type MCMC en adoptant deux scénarios de pandémie (grave et modéré) sur une population française fictive. L'avantage des techniques MCMC est qu'elles permettent d'avoir des distributions a posteriori de certaines variables caractérisant chaque scénario comme le taux d'infection, le nombre cumulé d'infections et la durée de la maladie (*i.e.* durée latente et durée d'infection). La combinaison de ces distributions avec des données relatives à la pandémie (*i.e.* taux de létalité, taux d'hospitalisation et nombre de jours d'hospitalisation) et à la structure par risque de complications liées à la grippe (dans la population française et une population assurée de mêmes

structures par âges) permet d'avoir des distributions des paramètres liés aux risque de mortalité et de morbidité induits par chaque scénario de pandémie sur une classe d'âges donnée à savoir : le taux de mortalité supplémentaire, le nombre total de séjours d'hospitalisation et le nombre de jours de maladie. En suivant la méthodologie de SwissRe dans l'estimation du taux de mortalité supplémentaire provoquée par un scénario bicentenaire d'une pandémie, le quantile d'ordre 85% calculé sur les distributions des différents paramètres conduit à caractériser les risques de mortalité et de morbidité d'une pandémie bicentenaire. Les résultats relatifs à ces risques ont été fournis sous formes des seuils (*e.g*. taux de mortalité minimal, moyen, maximal, ...).

Les taux de mortalité estimés par SwissRe se situent entre les seuils minimum et moyen des taux de mortalité estimés par notre modèle. Les deux études se basent sur des jeux d'hypothèses différents auxquels sont très sensibles les résultats. En particulier, le modèle Swiss Re prend en compte certains facteurs qui diminuent les taux de mortalité (comme la vaccination) et qui n'ont pas été retenus dans notre modèle.

Nous avons constaté, en outre, que d'un côté le taux de mortalité supplémentaire diffère selon les classes d'âges. Bien qu'ils présentent les taux de létalité les plus élevés, les âgées possèdent les taux de mortalité les plus faibles grâce à l'immunité acquise suite à l'exposition aux pandémies historiques. D'un autre côté, les taux de mortalité différent entre la population générale et la population assurée supposées de mêmes structures par âges. Cela est du essentiellement à la différence de leurs structures par risque de complications liées à la grippe. Nous avons remarqué également que les taux de mortalité augmentent avec les taux d'infection même si la létalité causée par la pandémie est faible.

L'estimation des paramètres liés au risque de morbidité nous a montré que les séjours d'hospitalisation sont différents aussi bien entre les classes d'âges qu'entre la population générale et la population assurée. De plus, ils augmentent avec le risque de complications liées à la grippe et avec le taux d'infection. Concernant les durées de la maladie, elles augmentent avec l'âge et elles sont plus élevées dans un scénario pandémique grave.

Sous les hypothèses d'indépendance des têtes assurés d'un portefeuille prévoyance individuel ou collectif et de mutualisation des risques de mortalité et de morbidité, nous avons utilisé une approximation gaussienne pour modéliser la distribution des charges supplémentaires découlant d'une pandémie. Cette distribution est calibrée sur la base des paramètres de mortalité et de morbidité estimés sur la population assurée et caractérisant un scénario bicentenaire d'une pandémie grippale. Le calcul du quantile 99,5% sur cette distribution correspond au SCR nécessaire à la couverture d'un portefeuille prévoyance (à une ou à plusieurs garanties) structuré par classes d'âges. L'application sur un portefeuille prévoyance de capitaux à risque fictifs nous a montré que le SCR diffère selon les classes d'âges et augmente avec les risques de mortalité et de morbidité. Nous avons remarqué également que le SCR diffère selon les combinaisons des garanties d'un portefeuille à contrats en régime de croisière. Cette différence peut être justifiée par le fait que ce SCR tient compte de la dépendance existante entre ces garanties. Cette dépendance peut dépendre elle-même de certains facteurs comme les capitaux à risque ou encore la structure par âges des assurés.

L'évaluation du SCR faite sur un portefeuille prévoyance fictif s'applique encore sur un portefeuille prévoyance réel. Pour cela, l'assureur doit segmenter les capitaux à risque des contrats (*i.e*. les sommes exposées aux risques d'une pandémie) selon les âges des assurés et la nature des garanties souscrites et leurs combinaisons (en cas des contrats en régime de croisière). La comparaison de la somme des SCR de tous les segments avec le SCR global du portefeuille conduira à avoir une idée sur l'existence d'un éventuel effet de diversification entre les segments du portefeuille.

Même si la modélisation épidémiologique retenue 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'âges. 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 bicentenaires 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)).

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 épidémies 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. (2008). Spécifications Techniques du QIS4 - Annexe à l'appel à conseil du CEIOPS sur QIS 4 (MARKT/2504/08). *MARKT/2505/08.Bruxelles, 31 Mars 2008*. (http://www.ceiops.eu)

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*.

COMMISSION EUROPÉENNE. (2010). Draft- Technical specifications for QIS 5. *April, 2010.*

COMMISSION EUROPÉENNE. (2009, 1).Consultation Paper No. 72, Draft CEIOPS' Advice for Level 2 Implementing Measures on Solvency II: SCR Standard Formula Further advice on Health Underwriting Risk. *CEIOPS-CP-72/09, November 2009.*

COMMISSION EUROPÉENNE. (2009, 2).CEIOPS' Advice for Level 2 Implementing Measures on Solvency II: Standard formula SCR - Article 109 c -Life underwriting risk (former CP 49). *CEIOPS-DOC-42/09, October 2009.*

COMMISSION EUROPÉENNE. (2007). Spécifications Techniques du QIS3. *Bruxelles, Novembre 2007*.

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

COMMISSION EUROPÉENNE. (2002). « Directive 2002/13/CE du Parlement Européen et du Conseil du 5 mars 2002 modifiant la directive 73/239/CEE du Conseil en ce qui concerne l'exigence de marge de solvabilité des entreprises d'assurance non vie ». *Bruxelles, 5 Mars 2002*.

COMMISSION EUROPÉENNE. (1973). « Directive 73 / 239/CEE du Parlement Européen et du Conseil portant coordination des dispositions législatives, règlementaires et administratives concernant l'accès à l'activité de l'assurance directe autre que l'assurance sur la vie, et son exercice ». *Bruxelles, 24 Juillet 1973*.

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*.

DESENCLOS, J.C. (2005). Les ingrédients d'une réussite d'une épidémie. 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.*

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

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.

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. *Cahier de recherche de l'ISFA n°2126.*

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.*

SwissRe. (2006). Solvabilité II: une approche intégrée des risques pour les assureurs européens. *Sigma : publications de Swiss Re,* n°4, 2006.

SwissRe. (2003). Catastrophes naturelles et Réassurance. *Publications de Swiss Re,* 2003.

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).

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

WORLD HEALTH ORGANISATION. (2005). Avian Influenza: Assessing the pandemic threat.

BIBLIOGRAPHIE DES DONNEES EPIDEMIOLOGIQUES[64]

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, HERIDA M, 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

GLEZEN, W.P. (1996). Emerging Infections: Pandemic influenza. *Epidemiologic Reviews*. **18** (1). 64-76.
http://epirev.oxfordjournals.org/cgi/reprint/18/1/64.pdf

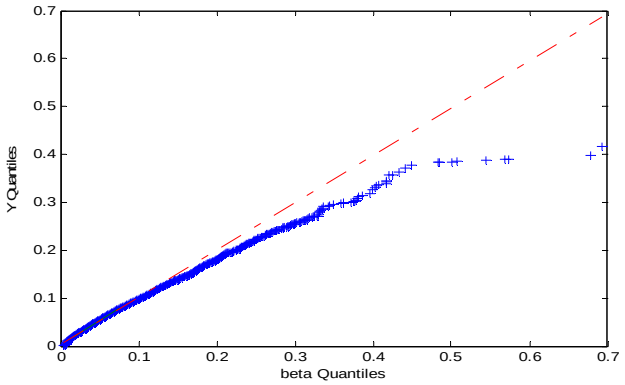
TURBELIN, C., PELAT, C., BOËLLE, P.Y, LÉVY-BRUHL, D, CARRAT, BLANCHON, T., HANSLIK, T. (2009). Early estimates of 2009 pandemic influenza A (H1N1) virus activity in general practice in France: incidence of influenza-like illness and age distribution of reported cases. *Rapid Communication. Euro surveillance*, **14(**39).
http://www.eurosurveillance.org/images/dynamic/EE/V14N39/art19341.pdf

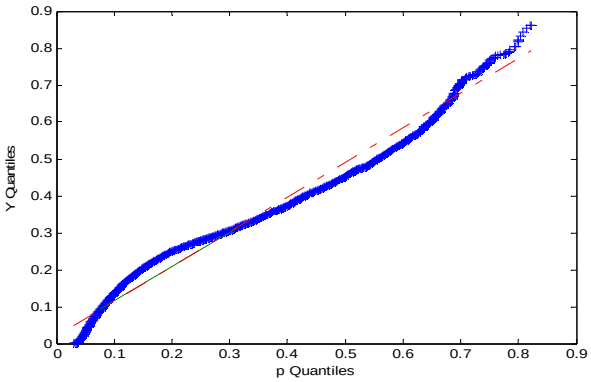
[64] Cette bibliographie concerne les références des données épidémiologiques présentées au niveau du chapitre 1 de la troisième partie de ce mémoire.

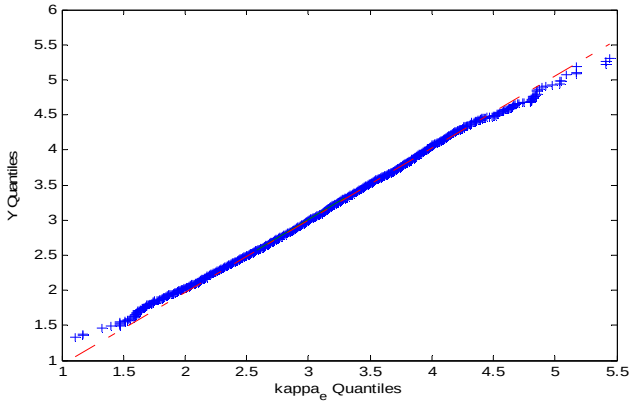
ANNEXE

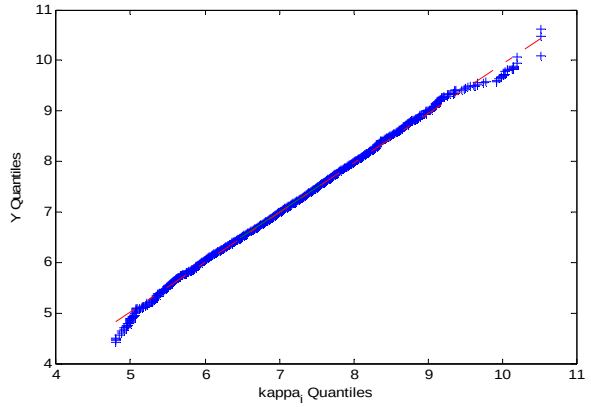
A.1. Tests d'adéquation des lois a posteriori conjuguées *: Résultats relatifs à la classe d'âges « 65 ans ou plus » pendant la première vague épidémique*

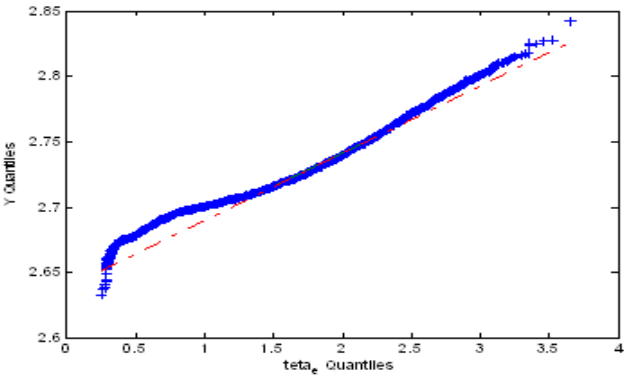
❖ **QQplot de distribution a postériori conjuguée des paramètres vs leurs distributions théoriques (la série Y est une série simulée par la loi théorique dont les paramètres ont été estimés par maximum de vraisemblance sur les distributions a posteriori des paramètres)**

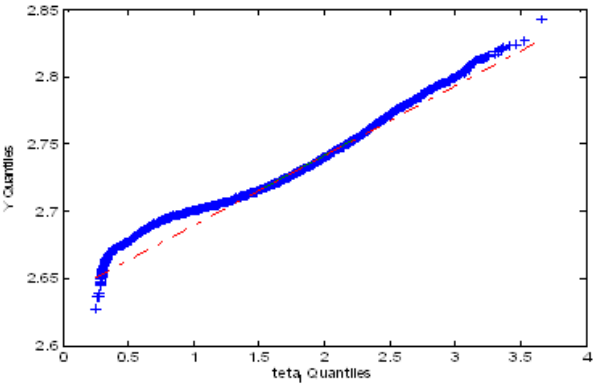












❖ **Test de Kolmogorov Smirnov**

On cherche à tester l'adéquation des distributions empiriques de deux variables aléatoires continues ***X*** et ***Y*** où :

- ***X*** est la distribution a posteriori conjuguée du paramètre de modèle épidémiologique.

- ***Y*** est une série simulée par la loi théorique a posteriori du ***X*** et dont les paramètres ont été estimés par maximum de vraisemblance sur les distributions a posteriori empirique de ***X***.

La statistique du test est définie par : $D = \max\left(\left|F_X(x) - F_Y(y)\right|\right)$

où : F_X et F_Y sont respectivement les fonctions du distribution des variables ***X*** et ***Y***.

D est estimée par : $\hat{D} = \max\left(\left|\hat{F}_X(x) - \hat{F}_Y(y)\right|\right)$

Les hypothèses du test sont :

H0 : F_X et F_Y sont les mêmes *vs* ***H1*** : non ***H0***

A un seuil de confiance de 95%, ***H0*** est acceptée si la ***p-value*** du test est inférieure à 5%.

Paramètre	*p-value*	$\hat{D}$	décision du test
β	**0,0383**	**0.0573**	**H0 acceptée**
κ_I	**0,0292**	**0,0173**	**H0 acceptée**
κ_E	**0.0299**	**0.0187**	**H0 acceptée**
θ_I	**0.0001**	**0.0484**	**H0 acceptée**
θ_E	**0.0001**	**0.0457**	**H0 acceptée**
p	**0,0183**	**0,0133**	**H0 acceptée**

A.2 Résultats d'estimation des paramètres de modélisation de chaque vague épidémique dans chaque classe d'âges

		p	Loi a priori		β	κ_E	κ_I	θ_E	θ_I	p	cor (p, β)
VAGUE 2 Scénario modéré	moins de 19 ans	0,1	Conjuguée	moyenne	0,538	1,975	4,972	1,411	0,871	0,342	-0,210
				cv	0,050	0,308	0,597	0,391	0,145	0,046	
			Uniforme	moyenne	0,538	1,110	4,482	1,512	1,979	0,515	-0,210
				cv	0,084	0,161	2,210	0,360	0,161	0,064	
		0,2	Conjuguée	moyenne	0,523	2,107	5,014	1,015	0,880	0,249	-0,114
				cv	0,050	0,211	0,419	0,170	0,087	0,055	
			Uniforme	moyenne	0,553	2,026	5,026	1,173	1,053	0,547	-0,119
				cv	0,084	0,321	1,625	0,186	0,075	0,088	
		0,5	Conjuguée	moyenne	0,546	2,068	5,178	0,912	1,017	0,583	-0,118
				cv	0,055	0,216	0,406	0,170	0,051	0,098	
			Uniforme	moyenne	0,571	2,024	4,431	1,213	1,058	0,549	-0,181
				cv	0,088	2,024	2,586	0,210	0,099	0,077	
		0,7	Conjuguée	moyenne	0,549	2,022	4,977	1,051	0,934	0,711	-0,074
				cv	0,053	0,183	0,439	0,220	0,072	0,048	
			Uniforme	moyenne	0,557	1,916	4,537	1,139	1,050	0,717	-0,084
				cv	0,091	0,313	2,271	0,216	0,082	0,058	
		0,8	Conjuguée	moyenne	0,530	2,092	5,318	0,833	0,980	0,834	-0,046
				cv	0,055	0,198	0,548	0,098	0,031	0,051	
			Uniforme	moyenne	0,645	1,992	4,445	1,079	0,920	0,886	-0,094
				cv	0,081	0,306	2,423	0,185	0,079	0,078	

		p	Loi a priori		β	κ_E	κ_I	θ_E	θ_I	p	cor (p, β)
VAGUE 2 Scénario Grave	moins de 19 ans	0,1	Conjuguée	moyenne	0,406	3,032	6,966	1,461	0,762	0,412	-0,064
				cv	0,367	0,177	0,125	0,387	0,447	0,590	
			Uniforme	moyenne	0,484	4,070	6,643	1,340	0,880	0,660	-0,238
				cv	0,392	0,302	0,247	0,370	0,453	0,355	
		0,2	Conjuguée	moyenne	0,353	3,200	7,211	0,947	0,911	0,337	-0,199
				cv	0,515	0,175	0,119	0,358	0,309	0,643	
			Uniforme	moyenne	0,369	4,450	6,559	1,066	0,691	0,442	-0,391
				cv	0,606	0,294	0,253	0,311	0,383	0,435	
		0,5	Conjuguée	moyenne	0,429	2,932	6,890	0,888	1,240	0,711	-0,031
				cv	0,405	0,179	0,121	0,526	0,215	0,405	
			Uniforme	moyenne	0,459	3,990	6,568	1,002	1,185	0,522	-0,177
				cv	0,419	0,339	0,245	0,462	0,285	0,433	
		0,7	Conjuguée	moyenne	0,409	2,886	6,812	0,866	1,103	0,729	-0,029
				cv	0,389	0,181	0,118	0,543	0,220	0,283	
			Uniforme	moyenne	0,469	3,561	6,506	1,175	0,990	0,655	-0,051
				cv	0,410	0,387	0,286	0,520	0,371	0,358	
		0,8	Conjuguée	moyenne	0,409	3,203	6,859	1,015	0,793	0,762	-0,001
				cv	0,344	0,166	0,114	0,328	0,273	0,417	
			Uniforme	moyenne	0,456	4,026	6,757	0,873	0,877	0,772	-0,020
				cv	0,433	0,329	0,244	0,360	0,245	0,572	

		p	Loi a priori		β	κ_E	κ_I	θ_E	θ_I	p	cor (p, β)
VAGUE 2 Scénario Grave	de 20 ans à 64 ans	0,1	Conjuguée	moyenne	0,319	3,093	7,189	1,006	1,197	0,228	-0,295
				cv	0,534	0,178	0,119	0,482	0,286	0,844	
			Uniforme	moyenne	0,318	4,499	6,586	1,269	1,141	0,494	-0,106
				cv	0,545	0,313	0,313	0,367	0,339	0,508	
		0,2	Conjuguée	moyenne	0,288	3,145	6,981	1,113	0,887	0,354	-0,362
				cv	0,469	0,176	0,115	0,375	0,292	0,489	
			Uniforme	moyenne	0,369	4,346	6,424	1,175	0,979	0,635	-0,157
				cv	0,571	0,316	0,302	0,353	0,320	0,259	
		0,5	Conjuguée	moyenne	0,335	3,075	6,981	1,307	1,008	0,775	-0,279
				cv	0,407	0,175	0,114	0,399	0,299	0,300	
			Uniforme	moyenne	0,404	3,330	5,812	0,863	1,481	0,556	-0,085
				cv	0,517	0,355	0,274	0,510	0,231	0,429	
		0,7	Conjuguée	moyenne	0,367	2,921	7,011	0,730	1,077	0,765	-0,111
				cv	0,430	0,170	0,105	0,488	0,174	0,343	
			Uniforme	moyenne	0,396	3,179	4,718	1,135	1,058	0,782	-0,043
				cv	0,524	0,363	0,321	0,502	0,407	0,344	
		0,8	Conjuguée	moyenne	0,332	3,018	7,442	0,815	0,968	0,816	-0,103
				cv	0,458	0,184	0,125	0,309	0,249	0,435	
			Uniforme	moyenne	0,365	4,016	6,552	0,855	0,908	0,811	-0,082
				cv	0,555	0,336	0,304	0,368	0,268	0,433	

		p	Loi a priori		β	κ_E	κ_I	θ_E	θ_I	p	cor (p, β)
VAGUE 2 Scénario modéré	de 20 ans à 64 ans	0,1	Conjuguée	moyenne	0,276	2,132	4,949	1,871	0,612	0,483	-0,414
				cv	0,020	0,177	0,495	0,275	0,107	0,062	
			Uniforme	moyenne	0,294	2,069	5,038	1,714	1,004	0,535	-0,302
				cv	0,022	0,294	1,445	0,440	0,164	0,072	
		0,2	Conjuguée	moyenne	0,264	2,097	5,110	1,021	0,875	0,345	-0,381
				cv	0,022	0,191	0,576	0,196	0,082	0,022	
			Uniforme	moyenne	0,270	2,145	4,745	1,344	0,847	0,546	-0,277
				cv	0,023	0,297	1,450	0,216	0,092	0,020	
		0,5	Conjuguée	moyenne	0,235	2,087	5,005	0,963	0,764	0,454	-0,380
				cv	0,020	0,205	0,517	0,129	0,054	0,084	
			Uniforme	moyenne	0,269	1,958	5,295	1,032	0,862	0,462	-0,391
				cv	0,022	0,320	1,237	0,169	0,054	0,074	
		0,7	Conjuguée	moyenne	0,277	2,039	5,220	0,849	1,086	0,693	-0,225
				cv	0,019	0,193	0,473	0,141	0,042	0,067	
			Uniforme	moyenne	0,305	1,875	5,083	1,050	1,060	0,554	-0,189
				cv	0,028	0,330	1,299	0,212	0,069	0,065	
		0,8	Conjuguée	moyenne	0,276	1,934	5,105	0,830	1,010	0,885	-0,082
				cv	0,018	0,177	0,476	0,158	0,048	0,032	
			Uniforme	moyenne	0,320	1,843	4,966	1,078	0,966	0,569	-0,008
				cv	0,030	0,315	1,316	0,231	0,064	0,048	

		p	Loi a priori		β	κ_E	κ_I	θ_E	θ_I	p	cor (p, β)
VAGUE 2 Scénario Grave	65 ans ou plus	0,1	Conjuguée	moyenne	0,168	3,042	7,022	1,698	1,129	0,192	-0,350
				cv	0,549	0,175	0,114	0,420	0,379	0,360	
			Uniforme	moyenne	0,161	4,282	6,196	1,705	1,512	0,168	-0,391
				cv	0,740	0,326	0,327	0,416	0,382	0,409	
		0,2	Conjuguée	moyenne	0,170	3,145	7,095	1,069	0,897	0,220	-0,049
				cv	0,402	0,174	0,118	0,386	0,303	0,110	
			Uniforme	moyenne	0,176	5,104	6,412	1,090	0,852	0,284	-0,501
				cv	0,791	0,269	0,311	0,306	0,417	0,121	
		0,5	Conjuguée	moyenne	0,170	3,009	7,170	0,863	1,270	0,748	-0,179
				cv	0,431	0,184	0,111	0,456	0,198	0,343	
			Uniforme	moyenne	0,164	3,620	5,840	0,964	1,441	0,686	-0,191
				cv	0,767	0,361	0,299	0,474	0,264	0,316	
		0,7	Conjuguée	moyenne	0,149	2,961	7,058	0,749	1,066	0,579	-0,055
				cv	0,357	0,185	0,113	0,417	0,185	0,344	
			Uniforme	moyenne	0,147	3,846	6,547	0,896	1,012	0,596	-0,146
				cv	0,740	0,349	0,318	0,410	0,274	0,397	
		0,8	Conjuguée	moyenne	0,139	3,014	6,924	1,048	0,772	0,476	-0,081
				cv	0,409	0,170	0,120	0,379	0,115	0,234	
			Uniforme	moyenne	0,133	3,689	6,509	0,901	0,953	0,544	-0,124
				cv	0,788	0,345	0,292	0,437	0,297	0,371	

		p	Loi a priori		β	κ_E	κ_I	θ_E	θ_I	p	cor (p, β)
VAGUE 2 Scénario modéré	65 ans ou plus	0,1	Conjuguée	moyenne	0,101	1,978	4,984	0,855	0,668	0,175	-0,574
				cv	0,008	0,189	0,485	0,144	0,061	0,020	
			Uniforme	moyenne	0,076	1,792	5,319	1,100	0,788	0,273	-0,733
				cv	0,003	0,299	0,556	0,328	0,180	0,052	
		0,2	Conjuguée	moyenne	0,105	2,049	4,984	1,173	0,879	0,263	-0,545
				cv	0,009	0,190	0,510	0,216	0,091	0,014	
			Uniforme	moyenne	0,101	1,980	5,238	1,461	0,900	0,204	-0,650
				cv	0,003	0,318	0,649	0,285	0,150	0,002	
		0,5	Conjuguée	moyenne	0,176	1,901	4,864	0,915	1,190	0,771	-0,156
				cv	0,014	0,164	0,453	0,290	0,092	0,042	
			Uniforme	moyenne	0,134	1,735	7,144	1,149	1,048	0,630	-0,228
				cv	0,002	0,307	0,751	0,399	0,112	0,058	
		0,7	Conjuguée	moyenne	0,175	1,871	4,873	0,910	0,966	0,854	-0,061
				cv	0,014	0,168	0,457	0,244	0,069	0,036	
			Uniforme	moyenne	0,136	1,651	4,253	1,123	1,128	0,605	-0,166
				cv	0,002	0,278	0,520	0,369	0,171	0,048	
		0,8	Conjuguée	moyenne	0,134	1,986	5,057	0,974	1,025	0,674	0,048
				cv	0,009	0,195	0,473	0,263	0,097	0,040	
			Uniforme	moyenne	0,126	1,760	5,660	1,322	0,975	0,695	-0,186
				cv	0,002	0,272	0,597	0,349	0,143	0,051	

A.3 Résultats d'estimation des variables caractérisant la dynamique de chaque vague épidémique dans chaque classe d'âges

		p	Loi a priori		$\kappa_E\theta_E$	$\kappa_E\theta_E^2$	$\kappa_I\theta_I$	$\kappa_I\theta_I^2$	m	R_0
VAGUE 2 Scénario Grave	moins de 19 ans	0,1	Conjuguée	moyenne	4,365	7,217	5,226	4,711	406	2, 907
				cv	0,343	0,655	0,634	0,846	0,367	0,610
			Uniforme	moyenne	5,192	7,543	5,690	5,866	484	2,223
				cv	0,357	0,663	0,656	0,771	0,392	0,397
		0,2	Conjuguée	moyenne	3,000	3,165	6,568	6,540	353	2,634
				cv	0,264	0,457	0,323	0,544	0,515	0,888
			Uniforme	moyenne	4,494	4,966	4,296	3,241	369	2,654
				cv	0,376	0,671	0,324	0,650	0,606	0,653
		0,5	Conjuguée	moyenne	2,571	2,871	8,501	10,964	429	2,634
				cv	0,426	0,733	0,223	0,367	0,405	0,888
			Uniforme	moyenne	3,725	4,214	7,444	9,139	458	2,518
				cv	0,517	1,731	0,234	0,427	0,419	0,443
		0,7	Conjuguée	moyenne	3,465	3,713	7,453	8,554	408	6,332
				cv	0,436	0,793	0,217	0,273	0,389	0,432
			Uniforme	moyenne	3,019	3,016	6,151	6,606	468	5,335
				cv	0,500	0,955	0,354	0,364	0,410	0,370
		0,8	Conjuguée	moyenne	3,224	3,584	5,399	4,568	338	6,236
				cv	0,237	0,592	0,172	0,302	0,344	0,411
			Uniforme :	moyenne	3,294	3,045	5,743	5,172	456	5,852
				cv	0,319	0,674	0,248	0,410	0,433	0,624

		p	Loi a priori		$\kappa_E\theta_E$	$\kappa_E\theta_E^2$	$\kappa_I\theta_I$	$\kappa_I\theta_I^2$	m	R_0
VAGUE 2 Scénario modéré	moins de 19 ans	0,1	Conjuguée	moyenne	2,703	4,430	4,338	4,506	537	2,709
				cv	0,322	0,590	0,376	0,517	0,050	0,722
			Uniforme	moyenne	2,841	4,710	4,688	5,500	538	3,800
				cv	0,461	0,616	0,355	0,541	0,084	0,587
		0,2	Conjuguée	moyenne	2,127	2,484	4,382	4,257	523	4,964
				cv	0,336	0,642	0,235	0,391	0,050	1,032
			Uniforme	moyenne	2,306	2,963	5,158	5,629	552	3,485
				cv	0,389	0,647	0,286	0,438	0,084	0,630
		0,5	Conjuguée	moyenne	1,877	2,036	5,216	5,511	546	4,954
				cv	0,285	0,556	0,210	0,378	0,055	0,564
			Uniforme	moyenne	2,364	3,145	4,455	4,821	570	3,124
				cv	0,376	0,641	0,345	0,463	0,088	0,585
		0,7	Conjuguée	moyenne	2,114	2,739	4,597	4,600	549	6,606
				cv	0,375	0,509	0,281	0,418	0,053	0,373
			Uniforme	moyenne	2,095	2,660	4,573	4,917	557	3,762
				cv	0,403	0,696	0,323	0,431	0,091	0,558
		0,8	Conjuguée	moyenne	2,726	2,622	5,177	5,197	530	7,019
				cv	0,407	0,645	0,190	0,313	0,055	0,314
			Uniforme	moyenne	2,109	2,571	3,993	3,866	644	4,373
				cv	0,439	0,724	0,392	0,522	0,081	0,541

		p	Loi a priori		$\kappa_E\theta_E$	$\kappa_E\theta_E^2$	$\kappa_I\theta_I$	$\kappa_I\theta_I^2$	m	R_0
VAGUE 2 Scénario Grave	de 20 ans à 64 ans	0,1	Conjuguée	moyenne	3,078	3,768	8,572	11,045	319	2,285
				cv	0,493	0,948	0,295	0,492	0,534	0,801
			Uniforme	moyenne	5,388	7,249	7,003	8,242	318	3,689
				cv	0,325	0,550	0,283	0,478	0,545	0,605
		0,2	Conjuguée	moyenne	3,463	4,343	6,148	5,874	288	6,031
				cv	0,383	0,686	0,288	0,537	0,469	0,340
			Uniforme	moyenne	4,786	5,929	6,053	6,271	369	4,749
				cv	0,319	0,524	0,345	0,549	0,571	0,462
		0,5	Conjuguée	moyenne	2,972	4,931	6,984	7,608	335	6,031
				cv	0,401	0,666	0,292	0,538	0,407	0,340
			Uniforme	moyenne	3,689	5,751	8,207	12,215	403	4,826
				cv	0,478	0,897	0,183	0,295	0,517	0,459
		0,7	Conjuguée	moyenne	2,110	1,884	7,478	7,223	367	6,,02
				cv	0,291	0,568	0,151	0,285	0,430	0,385
			Uniforme	moyenne	3,221	4,241	4,628	5,393	396	5,800
				cv	0,392	0,733	0,345	0,312	0,524	0,434
		0,8	Conjuguée	moyenne	2,452	2,314	7,225	7,432	332	5,741
				cv	0,232	0,469	0,281	0,444	0,458	0,503
			Uniforme :	moyenne	3,243	2,958	5,739	5,360	365	5,568
				cv	0,349	0,585	0,307	0,445	0,555	0,536

		p	Loi a priori		$\kappa_E\theta_E$	$\kappa_E\theta_E^2$	$\kappa_I\theta_I$	$\kappa_I\theta_I^2$	m	R_0
VAGUE 2 Scénario modéré	de 20 ans à 64 ans	0,1	Conjuguée	moyenne	3,903	7,708	3,024	2,371	276	1,849
				cv	0,271	0,420	0,549	1,125	0,020	0,707
			Uniforme	moyenne	3,435	6,530	4,969	5,690	294	3,190
				cv	0,396	0,623	0,434	0,723	0,022	0,595
		0,2	Conjuguée	moyenne	2,106	2,509	4,447	4,283	264	2,039
				cv	0,437	0,771	0,342	0,575	0,022	0,766
			Uniforme	moyenne	2,813	4,115	3,979	3,765	270	2,635
				cv	0,370	0,591	0,430	0,675	0,023	0,508
		0,5	Conjuguée	moyenne	1,991	2,157	3,800	3,154	234	2 ,039
				cv	0,406	0,693	0,321	0,571	0,020	0,766
			Uniforme	moyenne	1,935	2,208	4,484	4,063	268	2,524
				cv	0,392	0,668	0,289	0,483	0,022	0,710
		0,7	Conjuguée	moyenne	1,707	1,704	5,613	6,247	278	4,534
				cv	0,363	0,662	0,181	0,320	0,019	0,462
			Uniforme	moyenne	1,920	2,322	5,238	5,721	305	3,647
				cv	0,476	0,785	0,241	0,391	0,028	0,511
		0,8	Conjuguée	moyenne	1,600	1,619	5,116	5,366	296	5,859
				cv	0,213	0,634	0,222	0,371	0,018	0,366
			Uniforme	moyenne	1,903	2,340	4,672	4,685	320	3,779
				cv	0,436	0,742	0,261	0,420	0,030	0,464

		p	Loi a priori		$\kappa_E\theta_E$	$\kappa_E\theta_E^2$	$\kappa_I\theta_I$	$\kappa_I\theta_I^2$	m	R_0
VAGUE 2 Scénario Grave	65 ans ou plus	0,1	Conjuguée	moyenne	3,074	2,732	7,964	7,044	148	1,738
				cv	0,207	0,528	0,303	0,300	0,549	0,849
			Uniforme	moyenne	3,694	3,288	6,765	7,142	141	3,127
				cv	0,323	0,600	0,348	0,568	0,740	0,528
		0,2	Conjuguée	moyenne	3,309	3,098	6,343	6,182	120	1,547
				cv	0,282	0,497	0,310	0,561	0,402	0,711
			Uniforme	moyenne	2,464	3,324	5,229	4,995	175	2,656
				cv	0,345	0,504	0,435	0,725	0,791	0,455
		0,5	Conjuguée	moyenne	2,562	2,675	9,045	11,853	170	1,547
				cv	0,473	0,933	0,194	0,346	0,431	0,711
			Uniforme	moyenne	3,247	3,563	7,919	11,502	164	4,347
				cv	0,424	0,769	0,196	0,338	0,767	0,417
		0,7	Conjuguée	moyenne	2,193	1,927	7,471	8,177	160	4,711
				cv	0,447	0,849	0,178	0,328	0,357	0,528
			Uniforme	moyenne	3,190	3,092	6,302	6,484	177	3,567
				cv	0,346	0,636	0,287	0,415	0,740	0,517
		0,8	Conjuguée	moyenne	3,120	3,686	5,306	4,471	139	4,381
				cv	0,377	0,671	0,314	0,572	0,409	0,556
			Uniforme	moyenne	3,053	3,026	5,898	5,805	172	3,629
				cv	0,347	0,682	0,280	0,445	0,788	0,512

		p	Loi a priori		$\kappa_E\theta_E$	$\kappa_E\theta_E^2$	$\kappa_I\theta_I$	$\kappa_I\theta_I^2$	m	R_0
VAGUE 2 Scénario modéré	65 ans ou plus	0,1	Conjuguée	moyenne	1,655	1,648	4,293	4,466	111	2,822
				cv	0,430	0,845	0,362	0,681	0,008	0,134
			Uniforme	moyenne	1,830	2,368	3,630	3,197	76	3,004
				cv	0,434	0,865	0,411	0,822	0,003	0,157
		0,2	Conjuguée	moyenne	2,360	3,132	4,337	4,214	105	2,022
				cv	0,294	0,486	0,343	0,623	0,009	0,459
			Uniforme	moyenne	2,763	3,348	4,201	3,989	101	1,259
				cv	0,345	0,577	0,483	0,674	0,003	0,507
		0,5	Conjuguée	moyenne	1,707	2,050	5,708	7,141	176	4,013
				cv	0,583	1,102	0,240	0,401	0,014	0,488
			Uniforme	moyenne	1,855	2,590	6,868	7,188	133	3,392
				cv	0,489	0,914	0,296	0,389	0,002	0,471
		0,7	Conjuguée	moyenne	1,671	1,926	4,673	4,806	175	3,948
				cv	0,542	0,983	0,276	0,457	0,014	0,474
			Uniforme	moyenne	1,718	2,337	4,199	4,874	136	2,795
				cv	0,473	0,889	0,292	0,477	0,002	0,430
		0,8	Conjuguée	moyenne	1,924	2,364	5,145	5,713	134	3,606
				cv	0,555	0,973	0,309	0,500	0,009	0,569
			Uniforme	moyenne	2,209	3,323	4,926	4,976	126	2,801
				cv	0,418	0,726	0,358	0,540	0,002	0,519