



# Projet Python 1A – Rapport

Aeson Feehan    Romain Ilbert    Emmanuel Merone

## Contents

<b>1</b>	<b>Le modèle SIS</b>	<b>2</b>
1.1	Description et paramètres du modèle . . . . .	2
1.2	Représentation à l'aide d'équations différentielles . . . . .	3
1.3	Applications numériques . . . . .	4
<b>2</b>	<b>Le modèle SIR</b>	<b>6</b>
2.1	Description et paramètres du modèle . . . . .	6
2.2	Représentation à l'aide d'équations différentielles . . . . .	7
2.2.1	Modèle SIR sans renouvellement de la population . . . . .	7
2.2.2	Modèle SIR avec renouvellement de la population . . . . .	8
2.3	Éléments d'éradication . . . . .	9
2.3.1	La vaccination . . . . .	9
2.3.2	La mise en quarantaine . . . . .	10
<b>3</b>	<b>Élaboration d'un modèle structuré</b>	<b>11</b>
3.1	Construction d'un modèle SIS social . . . . .	11
3.2	Conséquences sur la propagation et l'éradication . . . . .	11
3.2.1	Conséquences sur la propagation . . . . .	11
3.2.2	Conséquences sur l'éradication . . . . .	12
3.3	Extension possible : éradication d'une maladie inconnue . . . . .	15

# Introduction

Comme nous avons pu le constater avec l'épidémie Ebola qui a récemment touché le continent Africain, savoir contrôler une maladie révèle d'importants enjeux sanitaires. Comprendre la manière dont celle-ci se développe permettrait de l'éradiquer, notamment par l'introduction du nombre adéquat de vaccins dans la population.

Pour ce faire, divers modèles ont été développés et même tous en avant le même paramètre  $R_0$ . Ce paramètre décrit le nombre moyen de nouvelles infections dues à un individu malade. Nous pouvons conjecturer que si  $R_0 > 1$  l'épidémie aura tendance à se propager à l'ensemble de la population. Elle tendra au contraire à s'éteindre si  $R_0 < 1$ .

Cependant, ce paramètre  $R_0$  n'est pas capable de décrire à lui seul l'évolution de l'épidémie et bien d'autres paramètres doivent être pris en compte. La taille de la population mais aussi est importante mais aussi les différentes structures de groupes qui se forment à l'intérieur de celle-ci et permettent de mieux cibler les groupes qui ont la plus grande probabilité d'être touchés. Modéliser cela requiert des modèles bien plus complets que chercher uniquement le paramètre  $R_0$ .

Ainsi, nous nous demanderons *quels moyens doivent être mis en oeuvre afin d'éradiquer une maladie* 2.0 ?

Pour répondre à cette problématique nous nous attacherons à développer un modèle le plus complet possible. Tout d'abord nous nous attacherons au modèle le plus simple qui est le modèle SIS. Ensuite, nous tenterons d'améliorer ce modèle en prenant en compte d'autres paramètres. Enfin, nous tenterons d'appliquer nos modèles à une maladie inconnue ainsi qu'à des groupes structurés.

Maladie	$R_0$
Rougeole	12-18
Variole	5-7
Oreillons	4-7
VIH	2-5
Grippe	2-3

## Lecture du rapport :

Ce rapport est composé du présent document et d'un notebook. Le rapport explique dans un premier temps la théorie et les enjeux du projet, puis le notebook permet des simulations dans différents contextes. Notons que les structures et paramètres utilisés dans l'essentiel du code sont trop complexes pour avoir une expression analytique satisfaisante.

# 1 Le modèle SIS

## 1.1 Description et paramètres du modèle

Les modèles mathématiques de maladies infectieuses ont commencé à être mis en pratique après la découverte du virus du SIDA au début des années 1980. Aujourd'hui, ils permettent de prévoir les conséquences d'actions aussi variées que la vaccination, la mise en quarantaines ou encore la distribution de tests de dépistage.

Une première approche fut celle des modèles compartimentaux qui divisent la population en classes épidémiologiques. C'est en particulier les cas des modèles SIS et SIR.

Dans le modèle SIS, la population se décline en deux catégories :

1. **S** : les individus sains, susceptibles d'être infectés
2. **I** : les individus infectés

Il existe donc dans ce modèle une proportion  $p_{S \rightarrow I}$  d'individus sains devenant infectés et une proportion  $p_{I \rightarrow S}$  d'individus infectés guéris. L'acronyme **SIS** est d'ailleurs fondé sur cet ordre-ci. Un individu sain (S) devient infecté (I) puis guérit (S).

Cependant, pour certaines maladies comme le VIH, la guérison n'est pas encore permise par la médecine actuelle et il s'agit simplement d'un modèle SI.

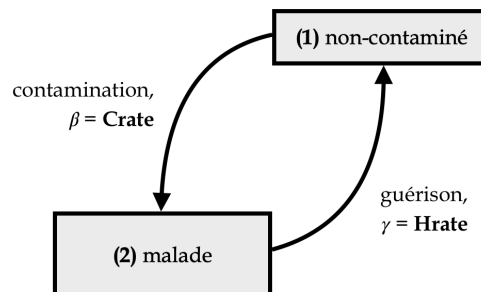
Nous pouvons dès lors émettre quelques hypothèses. Plus la population est nombreuse et concentrée et plus la propagation se fera facilement. À l'inverse, plus un pays sera développé, plus la guérison sera facilitée. Nous pouvons donc introduire les paramètres suivants :

- $b \geq 0$  : le taux de naissance
- $\beta \geq 0$  : le taux de contact entre individus
- $\gamma \geq 0$  : le taux de guérison

D'après notre conjecture, si nous notons  $I$  le nombre d'infectés, nous pouvons dire que  $I$  est croissant en  $b$  et en  $\beta$  et décroissant en  $\gamma$ . Dans le modèle SIS,

1. un individu ne développe pas d'immunité à la maladie,
2. un individu sain devient infecté, et a fortiori infectieux, après un contact positif avec un individu infecté,
3. un individu infecté guérit à taux  $\gamma$ ,
4. la taux de mortalité naturelle se fait à taux  $b$  également de telle façon que la population reste constante au cours du temps.

Nous pouvons construire le graphe du modèle SIS (les notations du programme Python sont données en caractères gras) :



On utilise dans toute cette partie l'algorithme **SISpropagation** du notebook. Il permet de simuler une propagation dans le modèle SIS, dans une structure sociale représentée par une matrice  $n \times m$ . Le calcul de  $R_0$  avec l'algorithme est difficile, car on a le contrôle du nombre moyen d'infections par tour lorsque tout l'entourage d'un individu est sain, mais lorsque son entourage est partiellement malade, le coefficient diminue. D'ailleurs, les individus au bord de la matrice de population n'ont pas autant de possibilités d'infection. Enfin, la contamination d'un individu par un autre n'est pas aléatoire, car elle se fait de proche en proche. On a donc pour chaque individu  $(i, j)$  que  $0 \leq R_{0,i,j} \leq \text{Crate}$ . La configuration de  $R_0$  ne sera donc pas directe, mais on pourra retrouver sa valeur moyenne avec la théorie mathématique.

## 1.2 Représentation à l'aide d'équations différentielles

Les modèles compartimentaux permettent d'estimer comment le nombre d'individus dans chaque compartiment varie au cours du temps. Pour savoir comment ce nombre varie, il est nécessaire de savoir comment déduire le nombre d'individus d'une étape à une autre, c'est à dire du temps  $t$  au temps  $t+1$ . Ainsi :

$$\frac{S(t+1) - S(t)}{t} = \frac{dS}{dt} + o(1)$$

Par abus de notation, nous noterons donc

$$\frac{S(t+1) - S(t)}{t} = \frac{dS}{dt}$$

car le nombre d'individus représentés par  $o(1)$  est négligeable devant un individu, nous pouvons donc le considérer comme nul. Au temps  $t$ , la proportion d'individus infectés est

$$\frac{I(t)}{I(t) + S(t)}$$

Si nous supposons qu'un individu rencontre un autre individu de façon totalement aléatoire (nous faisons cette hypothèse ici mais nous verrons ultérieurement que cette rencontre n'est pas aléatoire si nous considérons des groupes sociologiques) alors il devient infecté avec une probabilité

$$\beta \frac{I(t)}{I(t) + S(t)}$$

par indépendance des deux événements. La proportion d'individus sains qui deviennent infectés au temps  $t$  est donc

$$\beta \frac{I(t)}{I(t) + S(t)}$$

De même, un individu infecté n'est plus infecté de deux façons :

1. soit il guérit à taux  $\gamma$ ,
2. soit il décède à taux  $b$

Ans, la proportion d'individus infectés au temps  $t$  qui ne le sont plus à  $t+1$  est  $(b + \gamma)I(t)$ . Comme la population reste constante au cours du temps, on a

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

par conséquent :

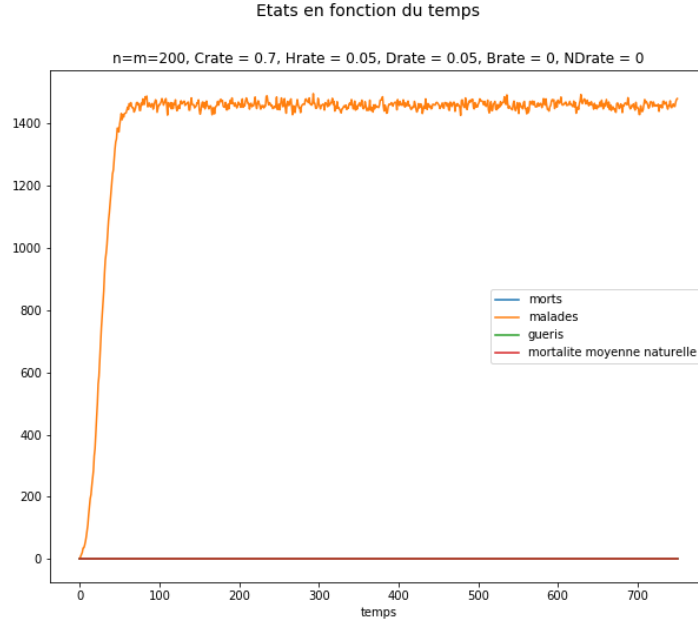
$$\frac{dS}{dt} = -\beta \frac{I(t)S(t)}{N} + (b + \gamma)I(t)$$

Comme  $\frac{dN}{dt} = 0$  on obtient donc :

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \frac{I(t)S(t)}{N} + (b + \gamma)I(t) \quad (1)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta \frac{I(t)S(t)}{N} - (b + \gamma)I(t) \quad (2)$$

On se propose de simuler une propagation avec le modèle SIS. En utilisant l'algorithme, on simule l'expérience en question et on trace le graphe du nombre de malades en fonction du temps.



Les paramètres de l'expérience sont donnés ci-dessus (le coefficient de mortalité, **Drate**, n'est pas utilisé ici). On s'aperçoit que le nombre de malades se stabilise à environ 3,75% de la population. On peut donc émettre la conjecture que la solution  $S$  de l'équation différentielle étudiée admet une dérivée nulle en  $+\infty$ .

Reprenons les calculs. On introduit

$$R_0 = \frac{\beta}{b + \gamma}$$

(1) devient donc :

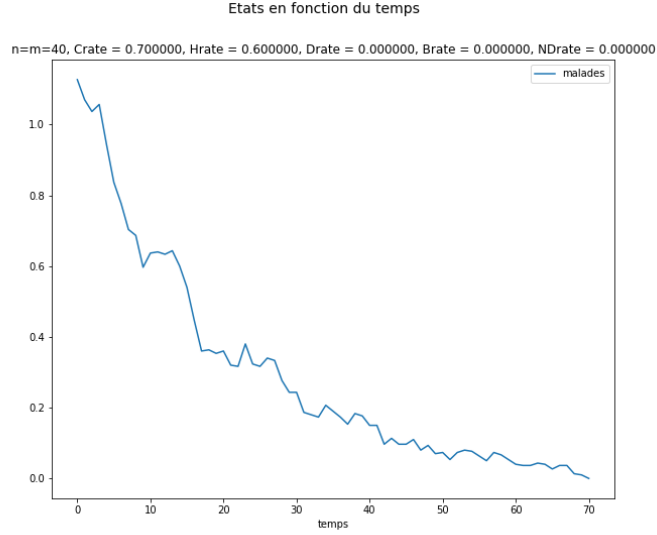
$$\frac{dS}{dt} = \frac{b + \gamma}{N} (N - S(t))(N - R_0 S(t))$$

Par conjecture, comme la courbe précédente admet une asymptote, alors, d'après l'équation (1),  $S$  admet potentiellement deux limites :

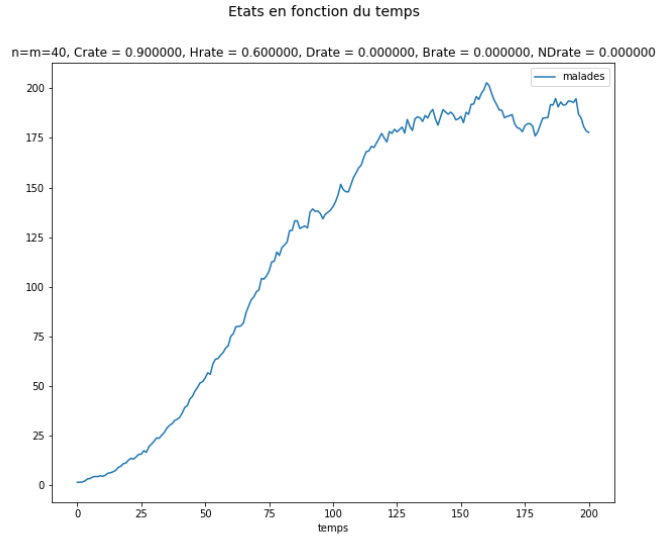
$$N \text{ ou } \frac{N}{R_0}$$

### 1.3 Applications numériques

En utilisant l'algorithme de propagation dans le modèle SIS, on trace les courbes des malades en fonction du temps, selon le paramètre  $R_0$ . Dans le cas d'une population structurée, on obtient les graphiques suivants :



CAS 1 :  $R_0 < 1$  (la maladie disparaît d'elle-même)

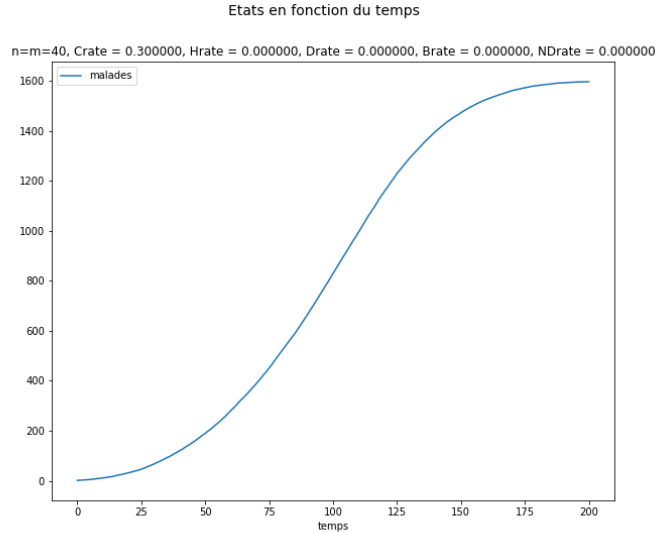


CAS 2 :  $R_0 > 1$  (état stationnaire)

Dans le deuxième cas, on devrait observer que le nombre de malades tend vers  $\frac{N}{R_0}$  ou vers  $N$ . Or la limite n'est pas  $N = 1600$ , donc est nécessairement  $\frac{N}{R_0}$ . On relève graphiquement que l'asymptote s'établit à environ 190 individus, d'où dans ce cas

$$R_0 \simeq \frac{1600}{190} \simeq 8,42$$

La méthode ci-dessus permettra dans la suite d'approximer le coefficient dans le cas d'une population structurée. Dans le cas non-structurée, celui-ci est défini par **Crate** et **Hrate**.



CAS 3 :  $R_0 > 1$  et pas de guérison

Dans ce cas, la limite est de  $N$ , ce qui est un résultat intuitif : personne ne guérit, donc tout le monde finit par être infecté quel que soit le taux de transmission.

## 2 Le modèle SIR

### 2.1 Description et paramètres du modèle

Dans le modèle SIR, nous considérons une maladie infectieuse qui procure une immunité une fois l'individu guéri. Alors que le modèle SIS dispose de deux compartiments, le modèle SIR en dispose donc de trois :

1. **S** : les individus sains, susceptibles d'être infectés
2. **I** : les individus infectés
3. **R** : les individus qui ne répandent plus la maladie

Ainsi, le compartiment noté R représente à la fois les individus immunisés mais aussi les individus décédés. Nous reprendrons les notations du modèle SIS et nous noterons  $R(t)$  l'ensemble des individus du compartiment R à l'instant  $t$ . Nous pouvons donc introduire les paramètres suivants :

- $b \geq 0$  : le taux de naissance
- $\beta \geq 0$  : le taux de contact entre individus
- $\gamma \geq 0$  : le taux de guérison
- $\alpha \geq 0$  : le taux de létalité de la maladie

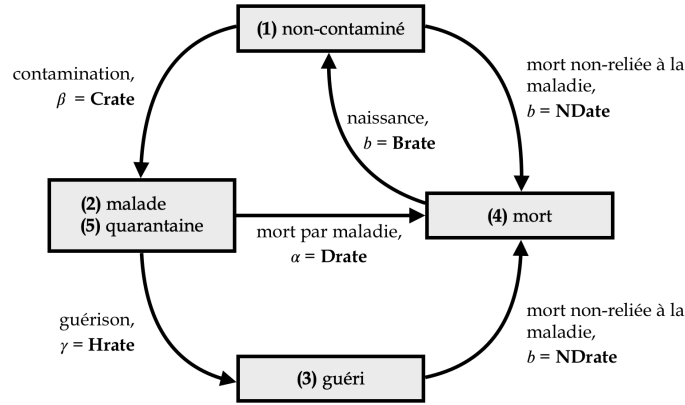
Les hypothèses que nous émettons sont les mêmes que pour le modèle SIS, auxquelles on en rajoute une importante : plus la létalité de la maladie est élevée, plus les infectés décèdent rapidement, et moins la maladie se propage. Le nombre d'individus infectés  $I$  est donc décroissant en  $\alpha$ . Dans le modèle SIR,

1. un individu développe une immunité à la maladie,
2. un individu sain devient infecté, et a fortiori infectieux, après un contact positif avec un individu infecté,

3. un individu infecté guérit à taux  $\gamma$  et décède à taux  $\alpha$ ,
4. la taux de mortalité naturelle se fait à taux  $b$
5. le système étudié est clos, c'est à dire que la population étudiée reste constante au cours du temps :

$$S + I + R = N$$

Nous pouvons construire le graphe du modèle SIR :



On utilise dans toute cette partie l'algorithme **propagation** du notebook. Il permet de simuler une propagation dans le modèle SIR, en s'appuyant sur des fonctions déjà utilisées pour le modèle précédent. On y ajoute plus précisément le renouvellement naturel de la population et la guérison.

## 2.2 Représentation à l'aide d'équations différentielles

### 2.2.1 Modèle SIR sans renouvellement de la population

Nous avons vu précédemment que :

$$\frac{S(t+1) - S(t)}{t} = \frac{dS}{dt}$$

De plus, au temps  $t$ , la proportion d'individus infectée est :

$$\frac{I(t)}{I(t) + S(t) + R(t)}$$

Si nous supposons qu'un individu rencontre un autre individu de façon totalement aléatoire (nous faisons cette hypothèse ici mais nous verrons ultérieurement que cette rencontre n'est pas aléatoire si nous considérons des structures sociologiques), alors il devient infecté avec une probabilité

$$p_I = \beta \frac{I(t)}{I(t) + S(t) + R(t)}$$

par indépendance des deux événements. La proportion d'individus sains qui deviennent infectés au temps  $t$  est donc de  $p_I$ . De même, un individu infecté n'est plus infecté de deux façons :

1. soit il guérit à taux  $\gamma$ ,
2. soit il décède à taux  $b$  de mort naturelle,



3. soit il décède à taux  $\alpha$  lié à la maladie.

Ainsi, la proportion d'individus infectés au temps  $t$  qui ne le sont plus à  $t + 1$  est  $(b + \gamma + \alpha)I(t)$ . Comme la population reste constante au cours du temps, on a

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

par conséquent :

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \frac{I(t)S(t)}{N} - bS(t)$$

On obtient donc :

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \frac{I(t)S(t)}{N} - bS(t) \quad (3)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta \frac{I(t)S(t)}{N} - (b + \gamma + \alpha)I(t) \quad (4)$$

$$\frac{dR}{dt} = (b + \gamma + \alpha)I(t) + bS(t) \quad (5)$$

Ainsi, un individu infecte en moyenne  $\beta$  individus sains par unité de temps. De plus,  $(b + \gamma + \alpha)$  individus infectés à l'instant  $t$  ne le sont plus à l'instant  $t+1$ . Nous pouvons donc poser :

$$R_0 = \frac{\beta}{b + \gamma + \alpha}$$

Si nous notons  $l(S)$ ,  $l(I)$  et  $l(R)$  les limites respectives de  $S$ ,  $I$  et  $R$  alors (3) donne que  $l(I)$  et  $l(S)$  sont de signe opposés, or  $l(I)$  et  $l(S)$  sont positifs donc  $l(S) = 0$ ,  $l(I) = 0$  et  $l(R) = N$ .

Ce cas n'est pas réellement intéressant. En effet, nous pouvions facilement deviner que, s'il n'y a pas de naissance et un taux de mortalité strictement positif, alors nécessairement toute la population décède quand  $t$  tend vers l'infini, et cela même s'il n'y a pas de maladie.

### 2.2.2 Modèle SIR avec renouvellement de la population

Considérons un second cas, plus intéressant :

1. un individu développe une immunité à la maladie,
2. un individu sain devient infecté, et a fortiori infectieux, après un contact positif avec un individu infecté,
3. un individu infecté guérit à taux  $\gamma$  et décède à taux  $\alpha$ ,
4. la taux de mortalité naturelle se fait à taux  $b$
5. le taux de natalité se fait à taux  $b$  également, de telle façon que la population n'est plus constante au cours du temps.

La fonction Python permettant le renouvellement naturel de la population est `recyclePop`, qui s'intègre dans la fonction de propagation. Les équations deviennent donc :

$$\frac{dS}{dt} = bN - \beta \frac{I(t)S(t)}{N} - bS(t) \quad (6)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta \frac{I(t)S(t)}{N} - (b + \gamma + \alpha)I(t) \quad (7)$$

$$\frac{dR}{dt} = (b + \gamma + \alpha)I(t) + bS(t) \quad (8)$$

D'après la courbe, nous pouvons conjecturer qu'un état stationnaire se forme. C'est à dire que les dérivées de  $S$  de  $I$  et de  $R$  tendent vers 0, on obtient donc :

$$bN = \beta \frac{l(I)l(S)}{N} + bl(S)$$

$$\beta \frac{l(I)l(S)}{N} = (b + \gamma + \alpha)l(I)$$

Ainsi,

$$l(S) = \frac{N}{R_0} \quad \text{et} \quad l(I) = \frac{\beta b N}{R_0} \left(1 - \frac{1}{R_0}\right)$$

ou

$$l(S) = N \quad \text{et} \quad l(I) = 0$$

## 2.3 Éléments d'éradication

Empêcher une maladie de se propager nécessite la mise en place d'éléments qui vont permettre de freiner sa propagation. Dans ce projet nous allons nous intéresser à deux principaux éléments d'éradication : la mise en quarantaine et la vaccination.

### 2.3.1 La vaccination

La vaccination est l'administration d'un agent antigénique dans le but de stimuler le système immunitaire d'un organisme vivant afin d'y développer une immunité adaptative contre un agent infectieux. Celui-ci peut être administré dans le cadre d'une prévention, ou pendant une épidémie afin de stimuler le système immunitaire face à l'infection.

L'objectif de la vaccination (lorsque l'on a la chance de disposer d'un vaccin) est évidemment d'enrayer l'épidémie. Nous allons voir dans ce paragraphe que grâce au Théorème du Seuil on peut montrer que pour empêcher une maladie contagieuse de se développer il n'est en fait pas nécessaire de vacciner toute une population mais qu'il suffit pour cela de ramener le nombre de sujets réceptifs en-dessous du seuil d'épidémie. C'est ce qu'on appelle l'**immunité de groupe**.

**Théorème du seuil** (Kermack et McKendrick, 1927):

Il ne peut y avoir épidémie que si l'effectif des sujets réceptifs est au-dessus du seuil.

On a vu avant que la maladie s'éteignait d'elle-même si  $R_0 < 1$ . L'idée est donc de ramener artificiellement ce taux de reproduction en-dessous du seuil 1 en vaccinant une proportion  $p$  de la population.

On suppose que la vaccination est idéale, c'est-à-dire qu'un individu vacciné devient complètement neutre vis-à-vis de la maladie.

Si on vaccine une fraction  $p$  de la population initiale, le nombre d'individus sains susceptibles d'être infectés n'est plus  $S(0)$  mais  $(1 - p)S(0)$  et le taux de reproduction de base  $R_0$  devient donc  $(1 - p)R_0$ . Ainsi, pour empêcher l'épidémie d'exploser, il faut

$$(1 - p)R_0 < 1, \quad \text{soit} \quad p > 1 - \frac{1}{R_0}$$

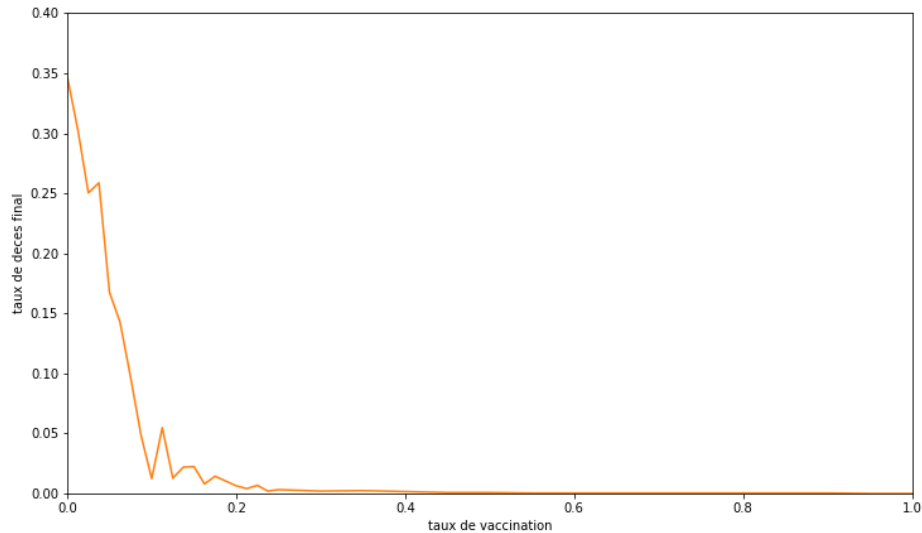
Si nous prenons les exemples du tableau donné en introduction, nous voyons que  $R_0$  pour la rougeole varie entre 12 et 18, nous le prenons donc à 15, il faut donc vacciner  $(1 - \frac{1}{15}) \times 100 = 93$  individus. De même, si nous prenons le  $R_0$  de la grippe égal à 2.5, vacciner 60 individus suffit. On peut identifier ce seuil dans les simulations.

Dans l'algorithme de propagation utilisé, la vaccination est contrôlée à l'aide d'une stratégie de vaccination `vac` et d'un coefficient de vaccination `R`. Les stratégies vaccinent en début d'expérience une proportion `R` des individus, selon une répartition qui est donnée par la fonction de stratégie.

Pour déterminer le seuil de vaccination critique, on utilise la fonction `plotVacImpact` du notebook. Dans l'ordre,

1. on fixe un taux de vaccination,
2. on réalise `niter` expériences de propagation, en stockant – pour chaque expérience – chaque état de la population dans une liste,
3. pour chaque instant, on calcule la moyenne de l'effectif de chaque sous-ensemble d'individus dans un état donné au temps choisi dans toutes les expériences.
4. on recommence avec un autre taux de vaccination

La complexité de cette fonction laisse à désirer, mais elle permet de faire ressortir très clairement le seuil de vaccination optimal. Dans le but de déterminer la quantité de vaccinations optimales, on se propose de mettre en œuvre la méthode présentée. On obtient le graphique suivant :



Pour les expériences ci-dessus, les paramètres sont `Crate` = 0.7, `Hrate` = 0.1, `Drate` = 0.1. La mortalité baisse fortement pour un taux de vaccination variant de 0% à 10%, valeur au-delà de laquelle la mortalité est quasiment nulle. Augmenter le nombre de vaccinations a donc le plus d'effet dans la zone de 0% à 10% et le taux optimal semble être de 10%.

### 2.3.2 La mise en quarantaine

La quarantaine est le fait de mettre à l'écart des personnes, des animaux, ou des végétaux durant une certaine période. Cet isolement sanitaire forcé a pour but d'empêcher la transmission de maladies supposées contagieuses et est toujours utilisé en cas de suspicion de ce type de maladies. La quarantaine est une des premières méthodes pour lutter contre les maladies infectieuses. En empêchant les personnes d'avoir des contacts avec d'autres, on rend la contagion impossible et les maladies infectieuses disparaissent d'elles-mêmes.

La quarantaine peut également être utilisée pour prévenir les infections. C’est ainsi que le Royaume-Uni obligeait jusqu’au 28 février 2000 les animaux à subir une quarantaine d’une durée de six mois, de manière à prévenir la rage.

Dans l’algorithme utilisé, la mise en quarantaine est permise pas la fonction `quarantaine`, qui est appelée par la fonction de propagation. Un argument de cette seconde fonction est le nombre maximal d’individus pouvant être mis en quarantaine après 100 étapes de la propagation, ce qui permet de visualiser l’effet sur une maladie qui se propage déjà. En général, comme le modèle informatique sait identifier tous les individus malades dès lors qu’ils sont infectés, la mise en quarantaine est **ultra-efficace**, stoppant la propagation de manière beaucoup plus nette que pour la vaccination. C’est une méthode qui est d’autant plus efficace qu’elle élimine les problèmes liés aux maladies qui se transmettent de très loin dans la population (ayant une matrice de transmission de type 2 ou 3 du notebook), puisque l’isolation est totale.

Le modèle n’est pas aussi réaliste qu’on le souhaiterait sur ce point. En effet, en réalité, on mettra un certain temps à identifier les individus infectés avant de les mettre en quarantaine. On peut envisager d’introduire un décalage entre le moment auquel un individu est infecté et le moment auquel il est éventuellement mis en quarantaine.

### 3 Élaboration d’un modèle structuré

Le modèle décrit dans cette partie n’est pas encore implémenté en Python. La structure utilisée dans les algorithmes de propagation plus réalistes `SISpropagation` et `propagation` ne tient pas compte du comportement, mais tient compte de la distance entre individus. La théorie mathématique développée ici en est la plus poussée qui a été élaborée au cours du projet.

#### 3.1 Construction d’un modèle SIS social

Jusqu’à présent, nous avons considéré que chaque individu avait la même probabilité de se faire infecter par la maladie, ce qui permettait de simplifier le problème. Cependant, ce n’est pas le cas en pratique. En effet, dans la réalité nous pouvons distinguer différentes catégories d’individus, ceux qui ont un comportement à risques, c’est à dire qui s’exposent plus facilement à la maladie, volontairement (non-utilisation du préservatif dans le cadre du virus du SIDA) ou involontairement (l’individu appartient à une classe sociale plus susceptible d’être infectée).

Nous pouvons donc assigner deux valeurs à l’individu : une si son risque est élevé, et une si ce risque est normal. Ainsi, la distribution des risques n’est plus uniforme dans la population.

On crée ainsi un modèle général avec deux classes d’individus (classes 1 et 2) et on utilise ce modèle pour modéliser des comportements à risques ou simplement pour simuler des déplacements entre deux régions géographiques, ce qui était impossible dans les modèles élaborés jusqu’ici. Ce n’est qu’un pas dans cette direction cependant : on peut envisager de faire déplacer des individus avec beaucoup plus de précision.

#### 3.2 Conséquences sur la propagation et l’éradication

##### 3.2.1 Conséquences sur la propagation

Nous distinguons deux types de propagation :

1. les infections globales entre individus de deux classes différentes,
2. les infections locales entre individus d’une même classe.

Ainsi, si nous considérons deux classes d'individus 1 et 2,

- Un individu de  $S_1$  infecté par un individu de  $I_1$  devient un individu de  $I_1$
- Un individu de  $S_1$  infecté par un individu de  $I_2$  devient un individu de  $I_1$
- Un individu de  $S_2$  infecté par un individu de  $I_1$  devient un individu de  $I_2$
- Un individu de  $S_2$  infecté par un individu de  $I_2$  devient un individu de  $I_2$

Dans ce modèle :

1. un individu ne développe pas d'immunité à la maladie,
2. un individu sain de classe  $i$  devient infecté, et a fortiori infectieux, après un contact positif avec un individu infecté de classe  $j$  à taux de contact  $\beta_j$
3. un individu infecté de classe  $i$  guérit à taux  $\gamma_i$ ,
4. il n'y a ni naissance, ni mortalité, le système est donc clos et la population constante

Nous obtenons donc le système d'équations différentielles suivant :

$$\begin{aligned}\frac{dS_1}{dt} &= -\beta_1 \frac{I_1(t)S_1(t)}{N} - \beta_2 \frac{I_2(t)S_1(t)}{N} + \gamma_1 I_1(t) \\ \frac{dS_2}{dt} &= -\beta_1 \frac{I_1(t)S_2(t)}{N} - \beta_2 \frac{I_2(t)S_2(t)}{N} + \gamma_2 I_2(t) \\ \frac{dI_1}{dt} &= \beta_1 \frac{I_1(t)S_1(t)}{N} + \beta_2 \frac{I_2(t)S_1(t)}{N} - \gamma_1 I_1(t) \\ \frac{dI_2}{dt} &= \beta_1 \frac{I_1(t)S_2(t)}{N} + \beta_2 \frac{I_2(t)S_2(t)}{N} - \gamma_2 I_2(t)\end{aligned}$$

Si l'on pose  $p$  la proportion d'individus de classe 1 et  $1 - p$  la proportion d'individus de classe 2, cela équivaut à

$$\begin{aligned}\frac{dS_1}{dt} &= -\beta_1 \frac{I_1(t)S_1(t)}{N} - \beta_2 \frac{I_2(t)S_1(t)}{N} + \gamma_1 I_1(t) \\ \frac{dS_2}{dt} &= -\beta_1 \frac{I_1(t)S_2(t)}{N} - \beta_2 \frac{I_2(t)S_2(t)}{N} + \gamma_2 I_2(t) \\ S_1(t) + I_1(t) &= pN \\ S_2(t) + I_2(t) &= (1 - p)N\end{aligned}$$

Afin de résoudre ce problème, nous utilisons la méthode d'Euler généralisée.

### 3.2.2 Conséquences sur l'éradication

Tous les résultats permettant de décrire l'évolution d'une épidémie obtenue dans les parties précédentes et faisaient intervenir le paramètre  $R_0$ . Cependant, ce paramètre est plus difficile à introduire dans ce nouveau modèle : un individu infecté au sein d'une certaine classe peut par exemple contaminer tout le reste de celle-ci sans que la maladie ne se propage dans les autres classes. Les interactions globales jouent donc un rôle fondamental et étudier le nombre moyen d'individus infectés au sein d'une population de susceptibles par une personne infectieuse ne suffit plus.

En revanche, la lutte contre la maladie avec la vaccination est plus intéressante dans ce modèle. Par exemple, si nous considérons deux classes d'individus

**Classe 1 :** "Individus avec de nombreux contacts quotidiens"

**Classe 2 :** "Individus avec peu de contacts quotidiens"

alors cibler des individus de la classe 1 plutôt que vacciner au hasard serait rentable. Nous pouvons ainsi modéliser la situation décrite en supposant  $\beta_1 \gg \beta_2$ . Ainsi, si nous reconsidérons le graphe précédant, nous pouvons considérer l'ensemble des individus de classe 1 comme fermé.

En reprenant les résultats du modèle SIS – toujours en notant  $p$  la fraction d'individus de classe 1 et  $1 - p$  celle de classe 2 – nous savons donc que

$$l(S_1) = pN \quad \text{et} \quad l(I_1) = 0$$

ou

$$l(S_1) = \frac{pN}{\beta_1} \gamma_1 \quad \text{et} \quad l(I_1) = pN(1 - \frac{\gamma_1}{\beta_1})$$

Comme il n'y a pas de naissance, nous obtenons

$$R_0 = \frac{\beta_1}{\gamma_1}$$

Nous pouvons définir ce  $R_0$  car le système 1 est considéré comme fermé. De plus, si nous considérons la propagation d'une seule maladie. Enfin, nous pouvons émettre l'hypothèse que les individus de la classe 1 guérissent au même taux que ceux de la classe 2, ainsi  $\gamma_1 = \gamma_2$ . Alors

- si  $\gamma_1 > \beta_1$ , alors

$$\begin{aligned} l(S_1) &= pN \\ l(I_1) &= 0 \\ l(S_2) &= (1 - p)N \\ l(I_2) &= 0 \end{aligned}$$

- si  $\gamma_1 < \beta_1$ , alors

$$\begin{aligned} l(S_1) &= \frac{pN}{\beta_1} \gamma_1 \\ l(I_1) &= pN(1 - \frac{\gamma_1}{\beta_1}) \\ l(S_2) &= (1 - p)N(1 - (\frac{\beta_1 - \gamma_1}{\beta_2})) \\ l(I_2) &= (\frac{\beta_1 - \gamma_1}{\beta_2})N(1 - p) \end{aligned}$$

À présent, on peut envisager deux méthodes de vaccination différentes. La première ne tient pas compte des classes : un individu de classe 1 serait donc vacciné avec une probabilité  $p$  et un de classe 2 avec une probabilité  $1 - p$ . La seconde méthode consiste à vacciner en priorité tous les individus de la classe 1 et seulement après les individus de classe 2. Dans la suite, nous supposons que  $n \geq pN$ .

Si nous notons chaque  $X_{i,1}$  une variable aléatoire égale à 1 si un individu de classe 1 est vacciné et 0 sinon alors chaque  $X_{i,1} \sim \text{Ber}(p)$ . En posant

$$X_1 = \sum_{i=1}^n X_{i,1}$$

$X \sim \mathcal{B}(n, p)$ . Ainsi, le nombre moyen d'individus vaccinés dans la classe 1 est  $np$ . De manière analogue, le nombre moyen d'individus vaccinés dans la classe 2 est  $n(1-p)$ . Donc le nombre d'individus susceptibles dans chaque classe est donnée par

$$\text{classe 1 : } pN - np = p(N - n)$$

$$\text{classe 2 : } (1-p)N - (1-p)n = (1-p)(N - n)$$

Finalement :

1. - si  $\gamma_1 > \beta_1$ ,

$$l(S_1) = p(N - n)$$

$$l(I_1) = 0$$

$$V_1 = np$$

$$l(S_2) = (1-p)(N - n)$$

$$l(I_2) = 0$$

$$V_2 = (1-p)n$$

Avec  $V_1$  et  $V_2$  les nombres d'individus vaccinés de classe 1 et de classe 2 de telle sorte que la somme totale soit égale à  $N$ , le nombre d'individus dans la population.

2. si  $\gamma_1 < \beta_1$ ,

$$l(S_1) = p(N - n) \frac{\gamma_1}{\beta_1}$$

$$l(I_1) = p(N - n) \left(1 - \frac{\gamma_1}{\beta_1}\right)$$

$$V_1 = np$$

$$l(S_2) = (1-p)(N - n) \left(1 - \frac{\beta_1 - \gamma_1}{\beta_2}\right)$$

$$l(I_2) = (1-p)(N - n) \left(\frac{\beta_1 - \gamma_1}{\beta_2}\right)$$

$$V_2 = (1-p)n$$

En mettant en place une vaccination ciblée sur  $n$  individus, les nombres d'individus susceptibles par classe sont donnés par

$$\text{classe 1 : } pN - pN = 0$$

$$\text{classe 2 : } (1-p)N - (n - pN) = (N - n)$$

Reprenons :

1. si  $\gamma_1 > \beta_1$ ,

$$l(S_1) = 0$$

$$l(I_1) = 0$$

$$V_1 = pN$$

$$l(S_2) = (1-p)N - n + pN = N - n$$

$$l(I_2) = 0$$

$$V_2 = n - pN$$

2. si  $\gamma_1 < \beta_1$ ,

$$\begin{aligned}
l(S_1) &= 0 \\
l(I_1) &= 0 \\
V_1 &= pN \\
l(S_2) &= (N - n)(1 - \frac{\beta_1 - \gamma_1}{\beta_2}) \\
l(I_2) &= (N - n)(\frac{\beta_1 - \gamma_1}{\beta_2}) \\
V_2 &= n - pN
\end{aligned}$$

Ainsi, dans le cas où l'épidémie se propage, c'est à dire où  $\gamma_1 < \beta_1$ , le nombre d'infectés dans chaque cas est donné respectivement par

$$\begin{aligned}
p(N - n)(1 - \frac{\gamma_1}{\beta_1}) + (1 - p)(N - n)(\frac{\beta_1 - \gamma_1}{\beta_2}) \\
(N - n)(\frac{\beta_1 - \gamma_1}{\beta_2})
\end{aligned}$$

Comparons les deux quantités. On peut écrire

$$p(1 - \frac{\gamma_1}{\beta_1}) + (1 - p)(\frac{\beta_1 - \gamma_1}{\beta_2}) - (\frac{\beta_1 - \gamma_1}{\beta_2}) = \frac{\beta_1\gamma_1 - \beta_2\gamma_1}{\beta_1\beta_2}$$

Or, nous avons supposé  $\beta_1 > \beta_2$  donc

$$\frac{\beta_1\gamma_1 - \beta_2\gamma_1}{\beta_1\beta_2} > 0$$

Nous pouvons donc conclure que le nombre d'infectés dans le cas 1 est supérieur au nombre d'infectés dans le cas 2. Par conséquent, **cibler le vaccin sur les individus les plus à risque est plus efficace que vacciner au hasard dans la population.**

### 3.3 Extension possible : éradication d'une maladie inconnue

En utilisant les modèles élaborés précédemment, on pourrait envisager de créer des tests statistiques pour estimer les paramètres d'une maladie inconnue. Ainsi, on pourrait proposer après analyse la meilleure stratégie à employer pour combattre la maladie, avec des ressources pré-déterminées.

## Conclusion

La modélisation de la propagation d'une épidémie fait ressortir un paramètre de seuil  $R_0$ . Dans un modèle comme dans l'autre, il permet de distinguer le cas où l'épidémie s'étendra de celui elle s'éteindra. Cependant, dans des modèles plus réalistes, prenant en compte les différences entre individus, les définitions naïves de ce paramètre ne suffisent plus et il faut alors réfléchir à une manière plus pertinente de raisonner. Cela rentre dans le cadre de la difficulté de déterminer les hypothèses d'un modèle. Dans ce dernier cas, nous avons distingué les individus à risques des individus normaux. Cette étude nous permet à présent de répondre à notre problématique qui était : *quels moyens doivent être mis en oeuvre afin d'éradiquer une maladie 2.0 ?*

Le moyen le plus efficace est la vaccination d'individus à risques en priorité par rapport au reste de la population. La vaccination n'est évidemment pas le seul moyen qu'un Etat peut mettre en place afin d'enrayer une épidémie, la prévention et le lavage des mains sont d'autres moyens qui permettent de lutter contre la propagation.