

# Modélisation d'une épidémie

PREVOT Alexia – 41780 – CPGE Metz – 2020/2021

Comment modéliser l'évolution d'une épidémie et prévoir les influences des différentes mesures prises pour contrer celle-ci ?

# SOMMAIRE

## I. Modèle SIR

- Présentation du modèle
- Complément du modèle

## II. Taux de reproduction

- Définition
- Intérêts et difficultés de le calculer

## III. Simulation dans l'espace

- Autre modèle épidémiologique
- Comment affiner le modèle

# SOMMAIRE

## I. Modèle SIR

- Présentation du modèle
- Complément du modèle

## II. Taux de reproduction

- Définition
- Intérêts et difficultés de le calculer

## III. Simulation dans l'espace

- Autre modèle épidémiologique
- Comment affiner le modèle

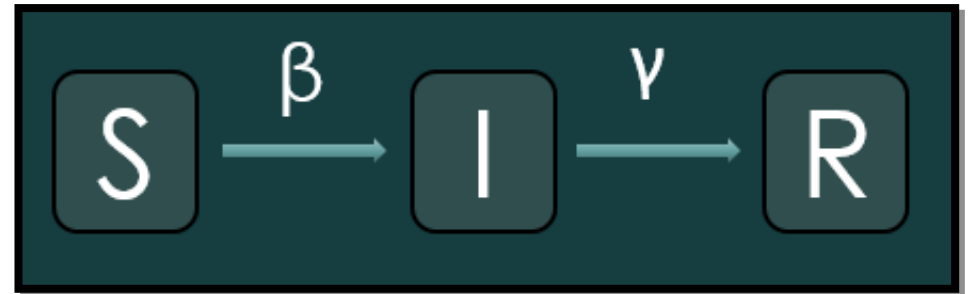


# Modèle SIR

- $S(t)$  : sains
- $I(t)$  : infectés
- $R(t)$  : retirés
- Population totale :  
 $N = S(t) + I(t) + R(t)$
- $\beta$  = taux de transmission
- $\gamma$  = taux de guérison

Système différentiel:

$$\begin{cases} S' = -\beta SI \\ I' = \beta SI - \gamma I \\ R' = \gamma I \end{cases}$$

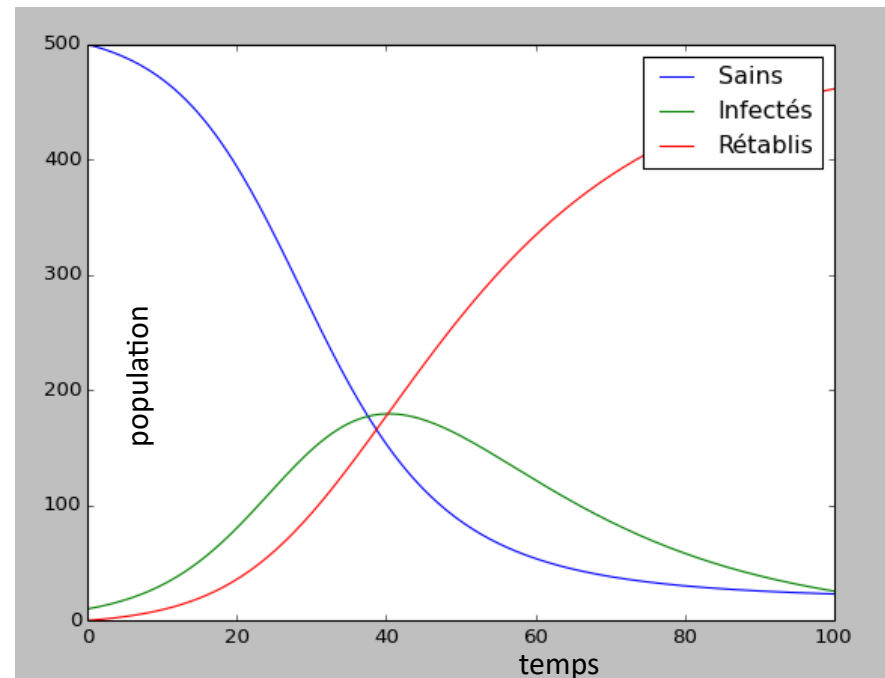
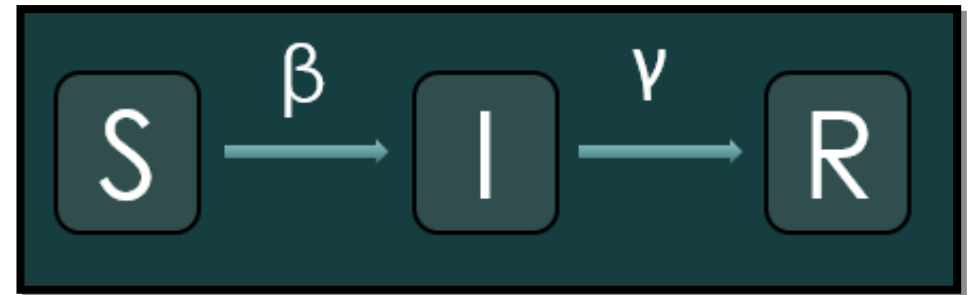


# Modèle SIR

- $S(t)$  : sains
- $I(t)$  : infectés
- $R(t)$  : retirés
- Population totale :  
 $N = S(t) + I(t) + R(t)$
- $\beta$  = taux de transmission
- $\gamma$  = taux de guérison

Système différentiel:

$$\begin{cases} S' = -\beta SI \\ I' = \beta SI - \gamma I \\ R' = \gamma I \end{cases}$$



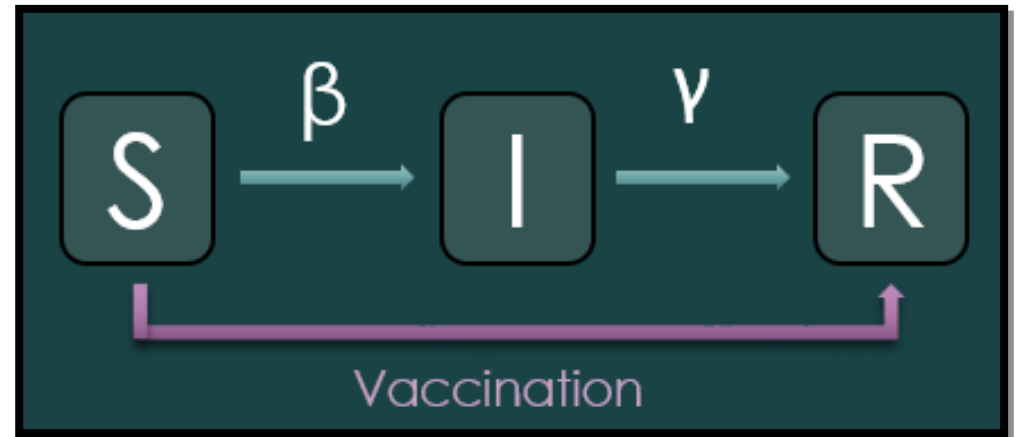
Solution du modèle SIR

Le taux de transmission est de 1/3000 et le taux de guérison est de 1/20

# Modèle avec vaccination

- $c$  = taux de vaccination

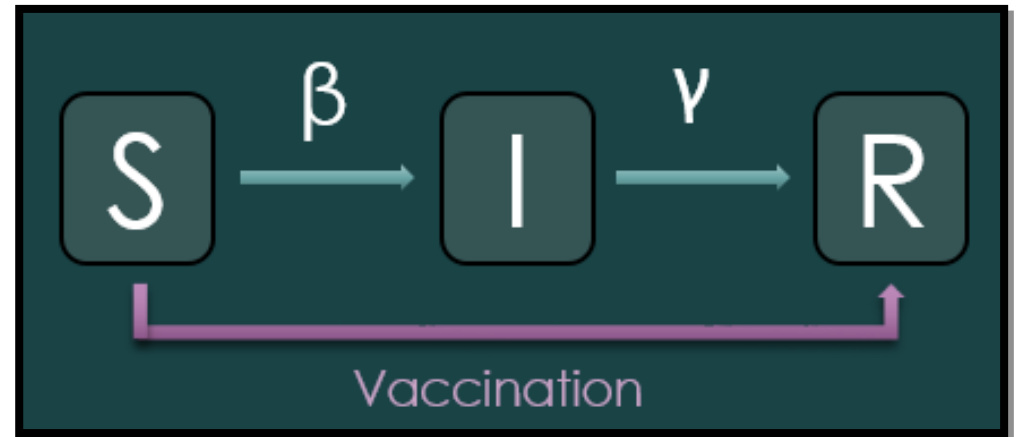
$$\begin{cases} S' = -\beta SI - cS \\ I' = \beta SI - \gamma I \\ R' = \gamma I + cS \end{cases}$$



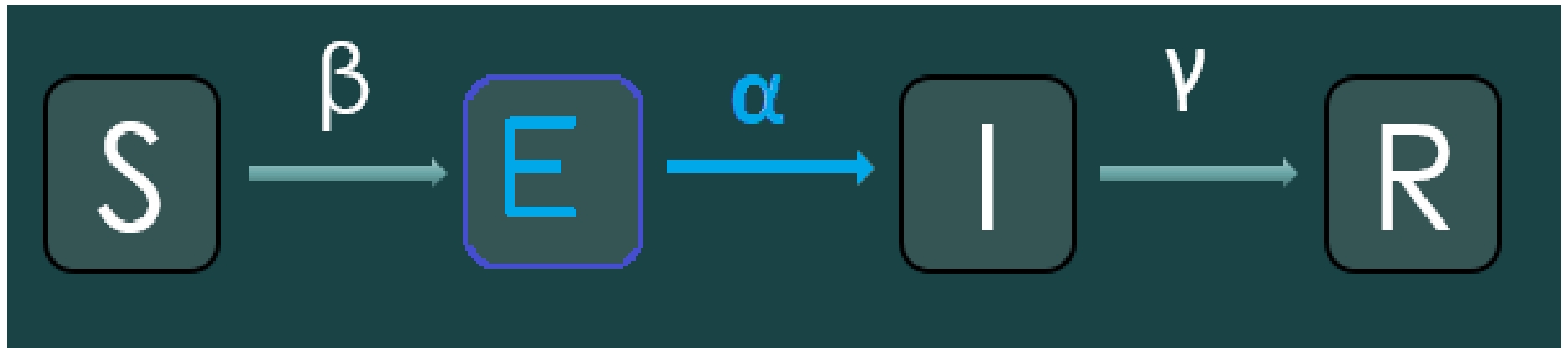
# Modèle avec vaccination

- $c$  = taux de vaccination

$$\begin{cases} S' = -\beta SI - cS \\ I' = \beta SI - \gamma I \\ R' = \gamma I + cS \end{cases}$$



# Modèle SEIR



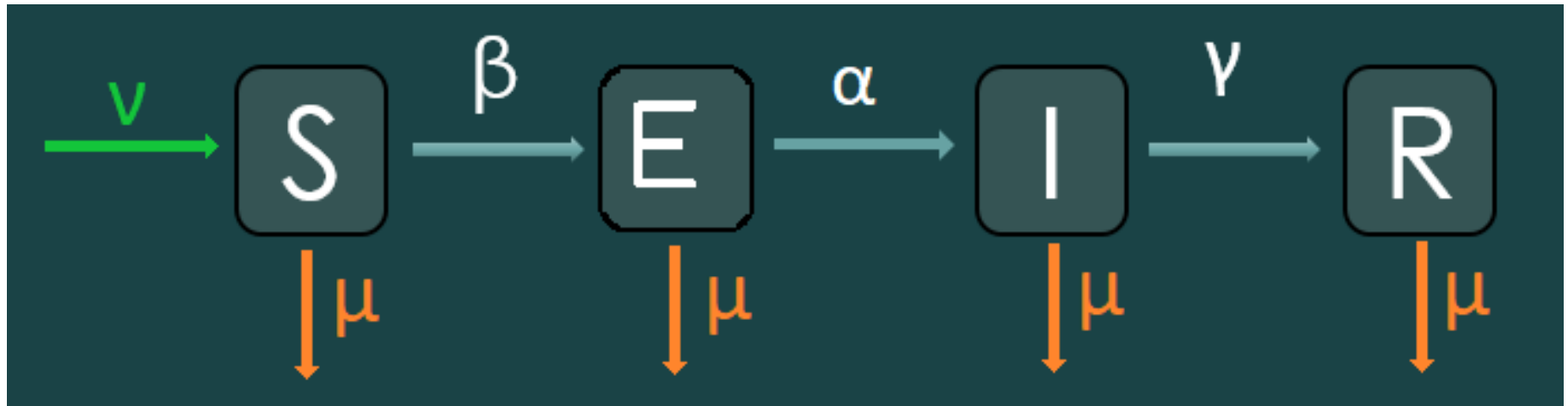
- $E(t)$  : exposés (infectés non infectieux)
- $\alpha$  = taux d'incubation

$$\begin{cases} S' = -\beta SI \\ E' = \beta SI - \alpha E \\ I' = \alpha E - \gamma I \\ R' = \gamma I \end{cases}$$





# La population totale $N$ évolue dans le temps

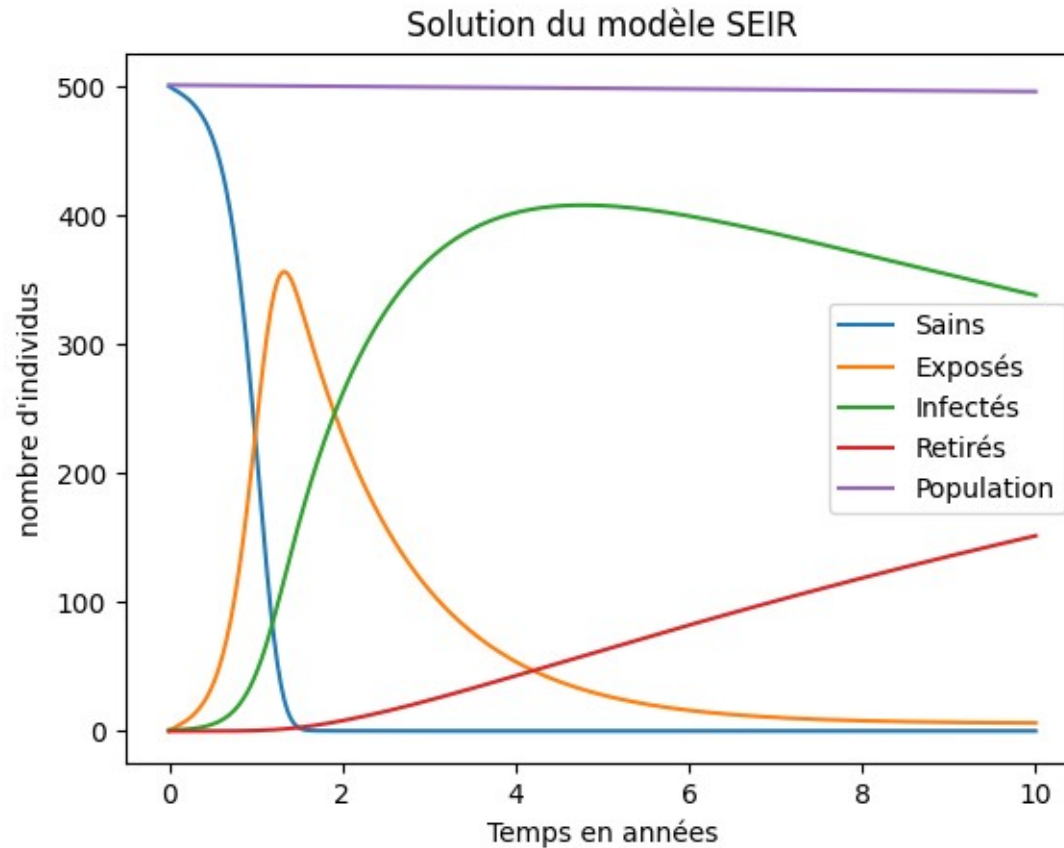


- $v$  = taux de natalité
- $\mu$  = taux de mortalité

$$\begin{cases} S' = -\beta SI + vN - \mu S \\ E' = \beta SI - \alpha E - \mu E \\ I' = \alpha E - \gamma I - \mu I \\ R' = \gamma I - \mu R \end{cases}$$



# Résolution numérique



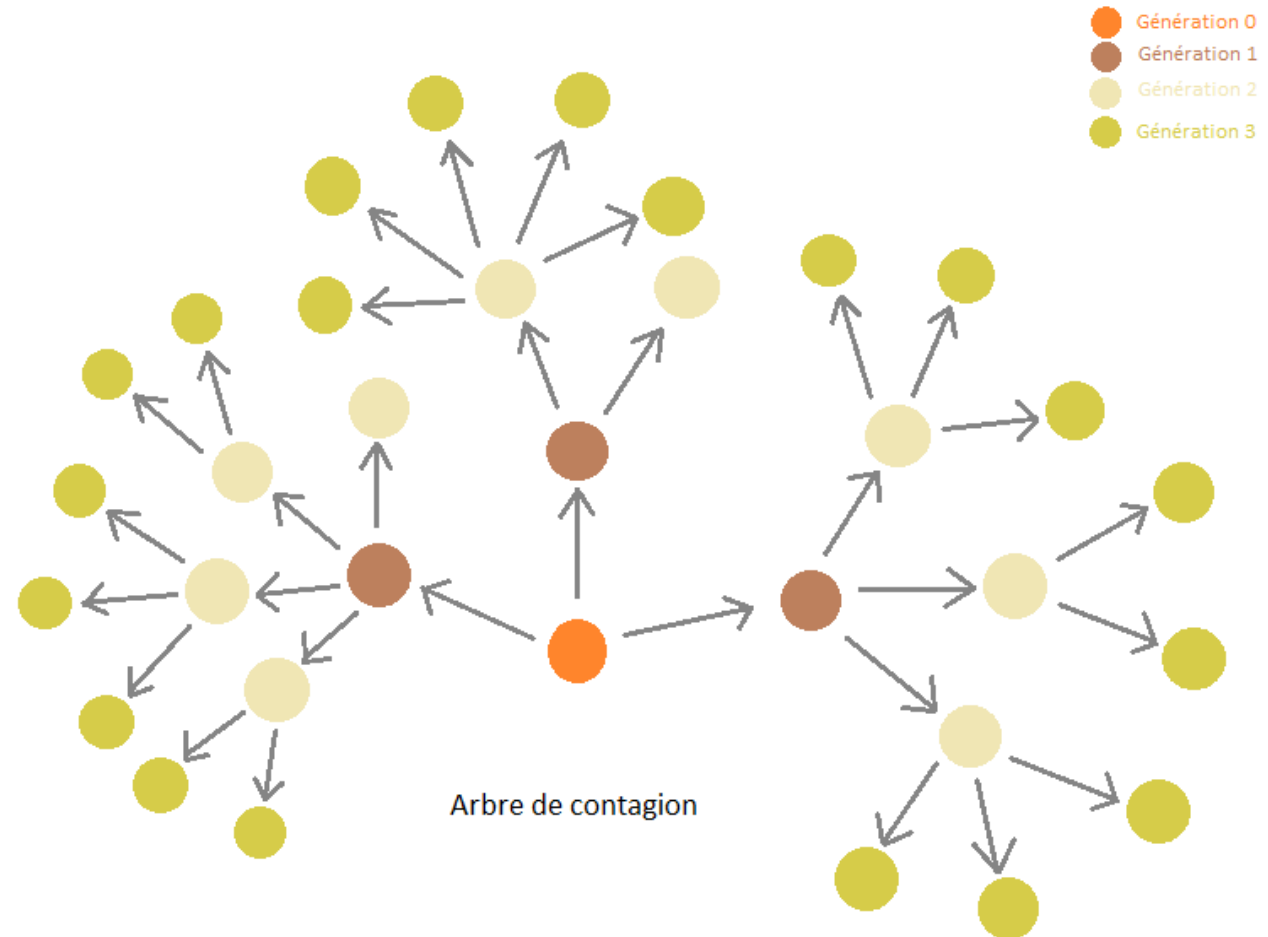
## Solution du modèle SEIR

Les taux utilisés sont les suivants : 0,009 (natalité) ; 0,01 (mortalité) ; 0.75 (incubation) ; 0.05 (guérison) et 0.8 (transmission).



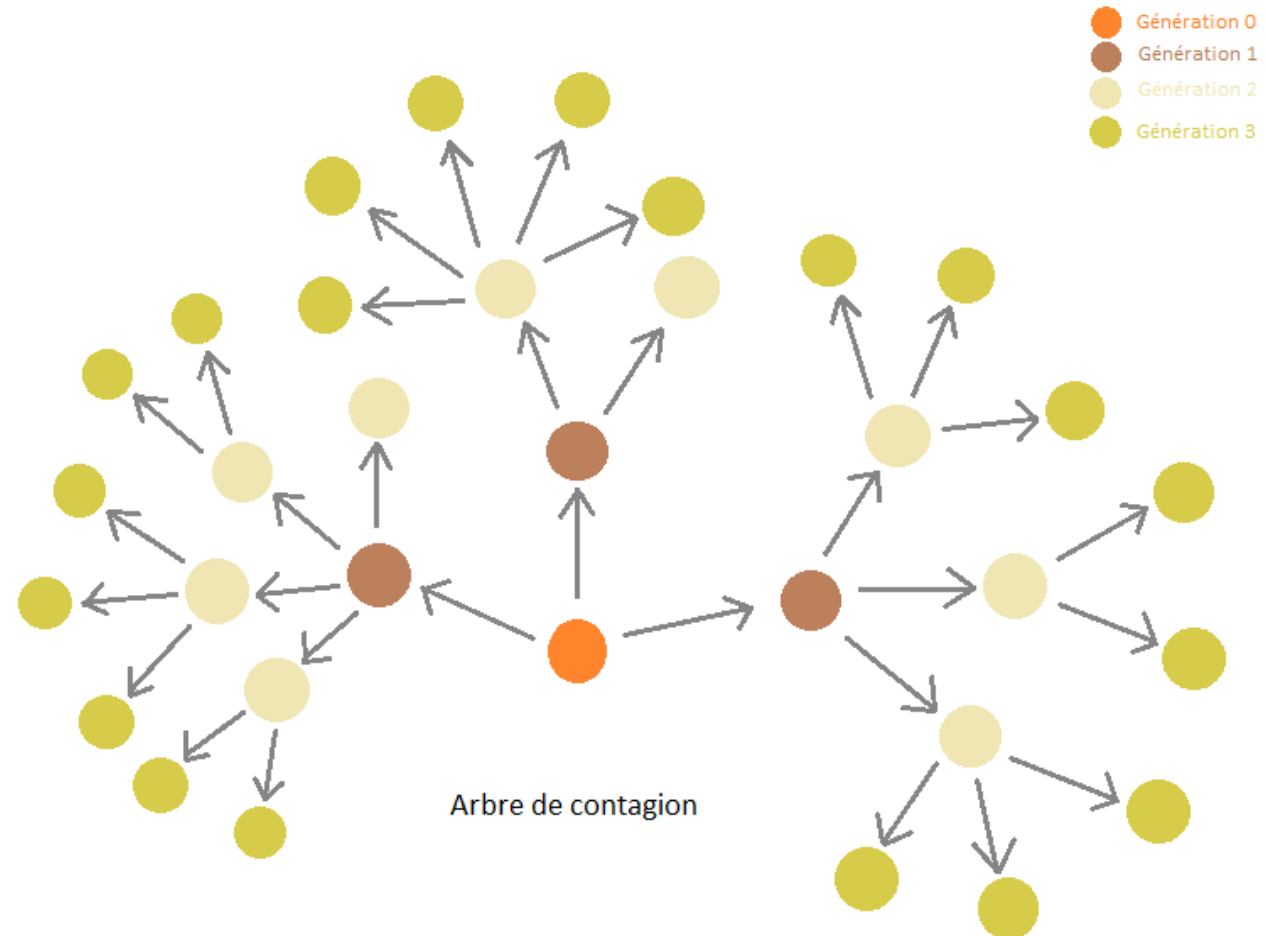
# Nombre de reproduction

- $R_0$  : nombre de reproduction de base
- Reffectif : nombre de reproduction effectif



# Nombre de reproduction

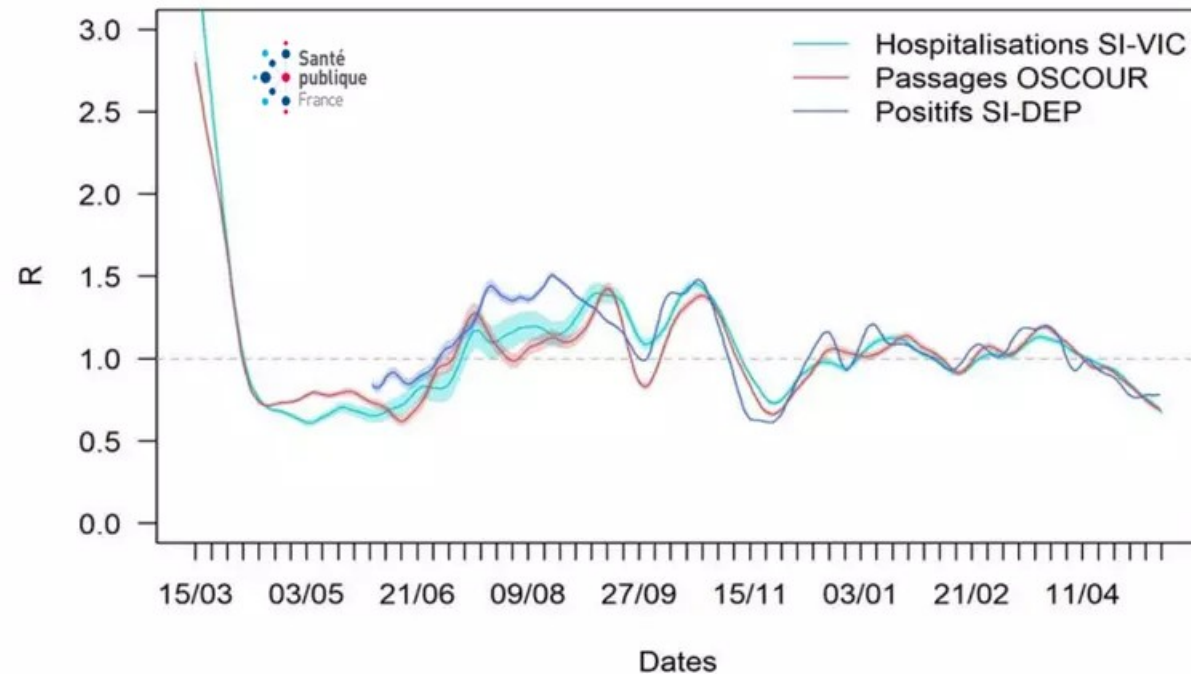
- $R_0$  : nombre de reproduction de base
- $R_{\text{effectif}}$  : nombre de reproduction effectif



- $R < 1 \rightarrow$  l'épidémie régresse
- $1 < R < 1,5 \rightarrow$  l'épidémie progresse
- $R > 1,5 \rightarrow$  seuil d'alerte épidémiologique déclenché



Figure 26. Trajectoire du nombre de reproduction effectif ( $R$ -effectif) à partir des tests positifs au SARS-CoV-2 (SI-DEP), des passages aux urgences avec suspicion de COVID-19 (OSCOUR®) et des hospitalisations pour COVID-19 (SI-VIC), du 15 mars 2020 au 16 mai 2021, France métropolitaine



Sources : SI-DEP, OSCOUR® et SI-VIC

- <https://www.santepubliquefrance.fr/dossiers/coronavirus-covid-19/coronavirus-chiffres-cles-et-evolution-de-la-covid-19-en-france-et-dans-le-monde>



# Prédiction de l'évolution de la maladie dans l'espace

Flux d'individus qui se déplacent et rentrent en contact dans un espace défini

→ Intérêts

|   |   |   |   |
|---|---|---|---|
|  |  |  |  |
| Sain  | Infecté   | Retiré  | Mort  |



# Prédiction de l'évolution de la maladie dans l'espace

Flux d'individus qui se déplacent et rentrent en contact dans un espace défini

→ Intérêts


## Simulation à l'aide de Python:

### Dictionnaires:

- Balles
- Balles mortes

### Données utilisées:

- Nombre d'individus
- Nombre de malade initial
- Durée d'infection
- Probabilité d'infection
- Taux de mortalité

|   |   |   |   |
|---|---|---|---|
|  |  |  |  |
| Sain  | Infecté   | Retiré  | Mort  |

### Fonctions:

- Somme vectorielle
- Produit scalaire
- Rebond au contact du contour d'une balle
- Collision entre balles
- Mouvement des balles
- Affichage des balles

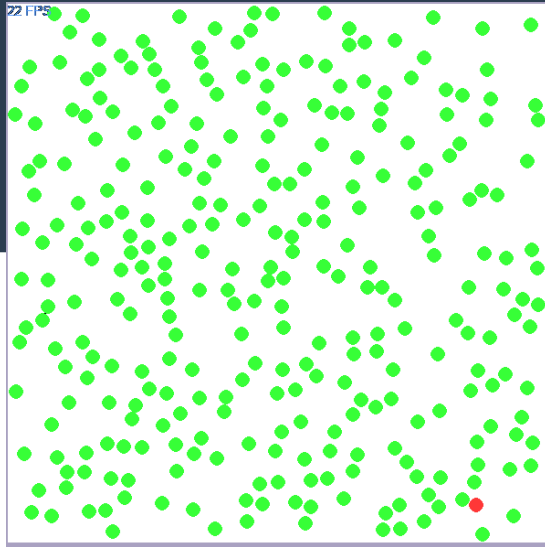
### Classes:

- Balle
- Bordure

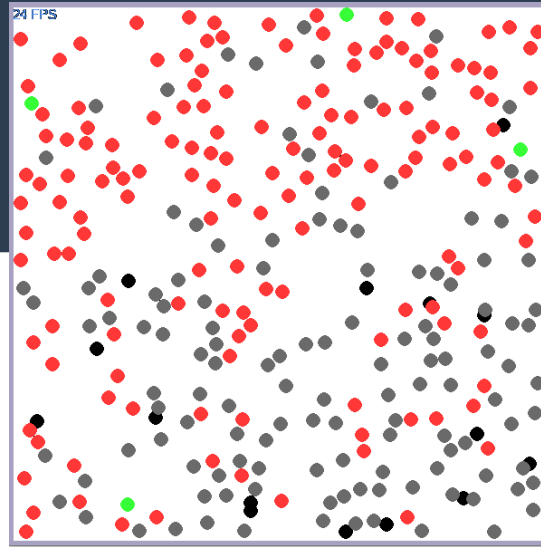




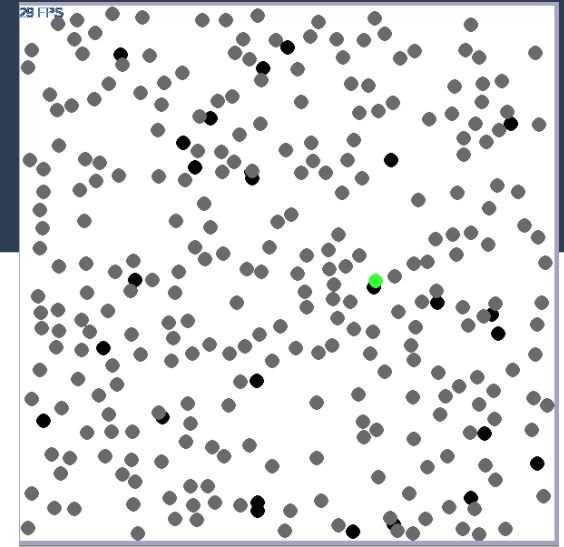
État initial



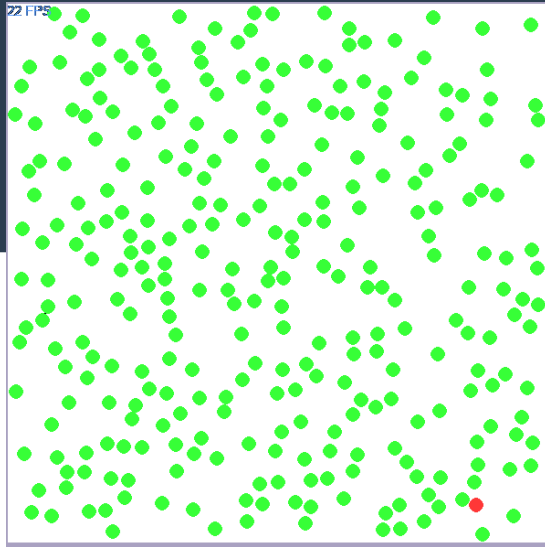
État intermédiaire



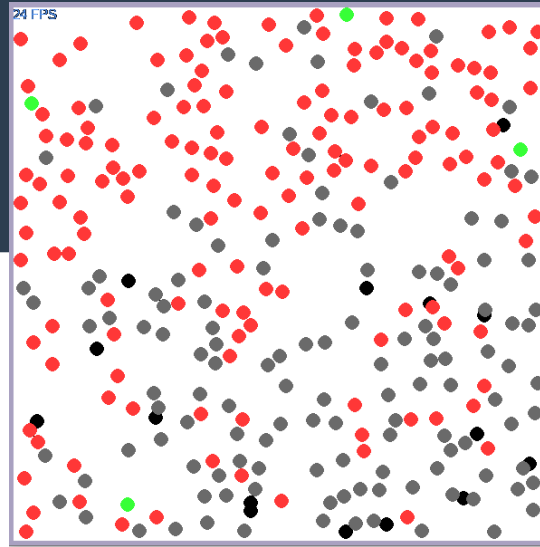
État final



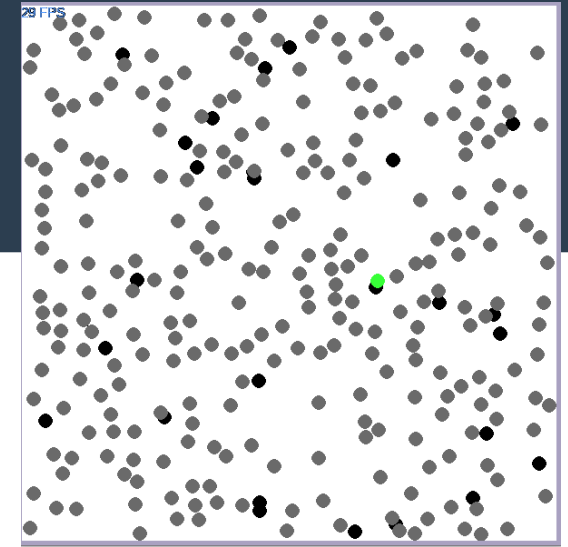
État initial



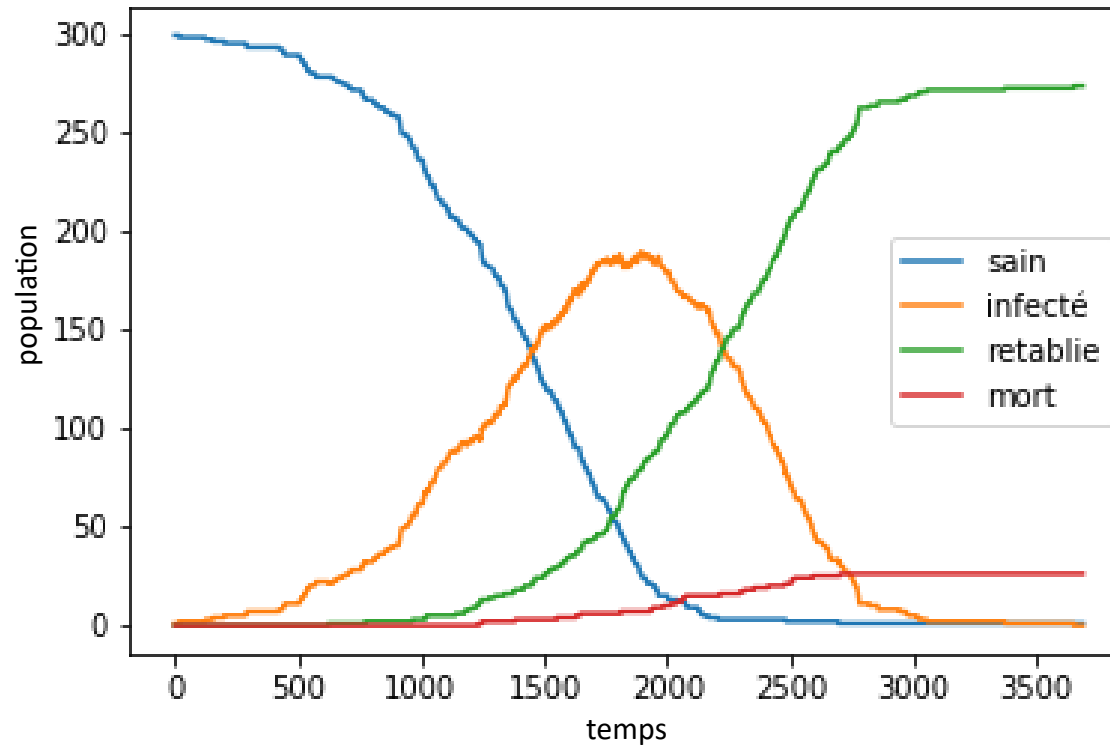
État intermédiaire



État final



- Evolution de la maladie au cours du temps dans l'espace avec la simulation





# Affiner le modèle

- les délais (durée avant d'être contagieux, durée de contagion, etc.),
- les méthodes de transmission diverses d'un même virus (air, contact direct, etc.),
- la variation du taux de guérison selon le nombre de malades
- les différents niveaux d'infectiosité.
- la prise en compte un confinement de groupe de population
- l'existence de vaccins et sa prise dans le temps



# CONCLUSION



- Guillaume Rozier, mise à jour le 18/05/2021. CovidTracker. Disponible à < <https://covidtracker.fr/> >. [Consulté le 19/05/2021]
- Corentin Bayette, le 4 novembre 2020. Disponible à < <https://images.math.cnrs.fr/Modelisation-d-une-epidemie-partie-2.html> >. [Consulté le 26/03/2021]

