

Modélisation d'une épidémie

PREVOT Alexia – 41780

Comment modéliser l'évolution d'une épidémie afin de mieux la comprendre 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

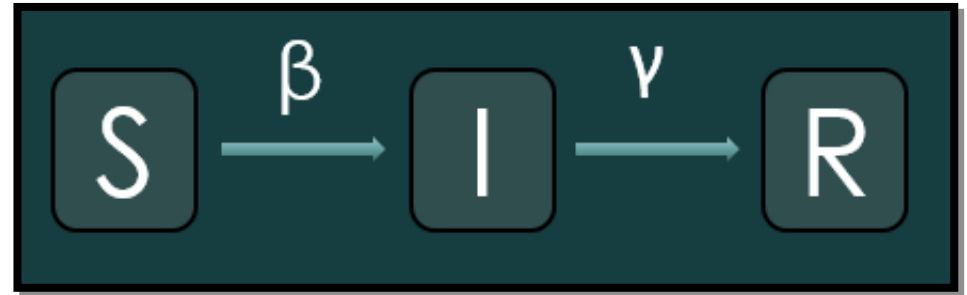
- Définition
- Intérêts et difficultés de le calculer

III. Simulation dans l'espace

- Autre modèle épidémiologique
- Comment affiner le modèle

Modèle SIR, développé par Kermack et McKendrick en 1927

- $S(t)$: susceptibles
- $I(t)$: infectés
- $R(t)$: retirés
- Population totale :
 $N = S + I + R$
- β = taux de transmission
- γ = taux de guérison

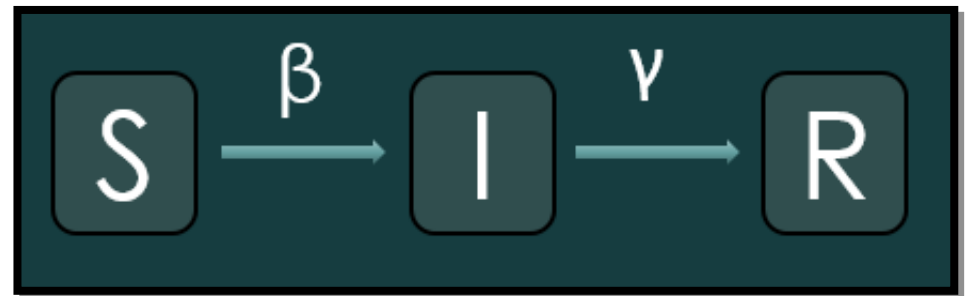


Système différentiel:

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

Modèle SIR, développé par Kermack et McKendrick en 1927

- $S(t)$: susceptibles
- $I(t)$: infectés
- $R(t)$: retirés
- Population totale :
 $N = S + I + R$
- β = taux de transmission
- γ = taux de guérison



Système différentiel:

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

$$\beta = k \cdot \tau / N$$

→ τ est le facteur de transmissibilité
→ k le nombre de contacts possibles d'un individu infecté avec d'autre personne en une unité de temps

$$\gamma = 1/D$$

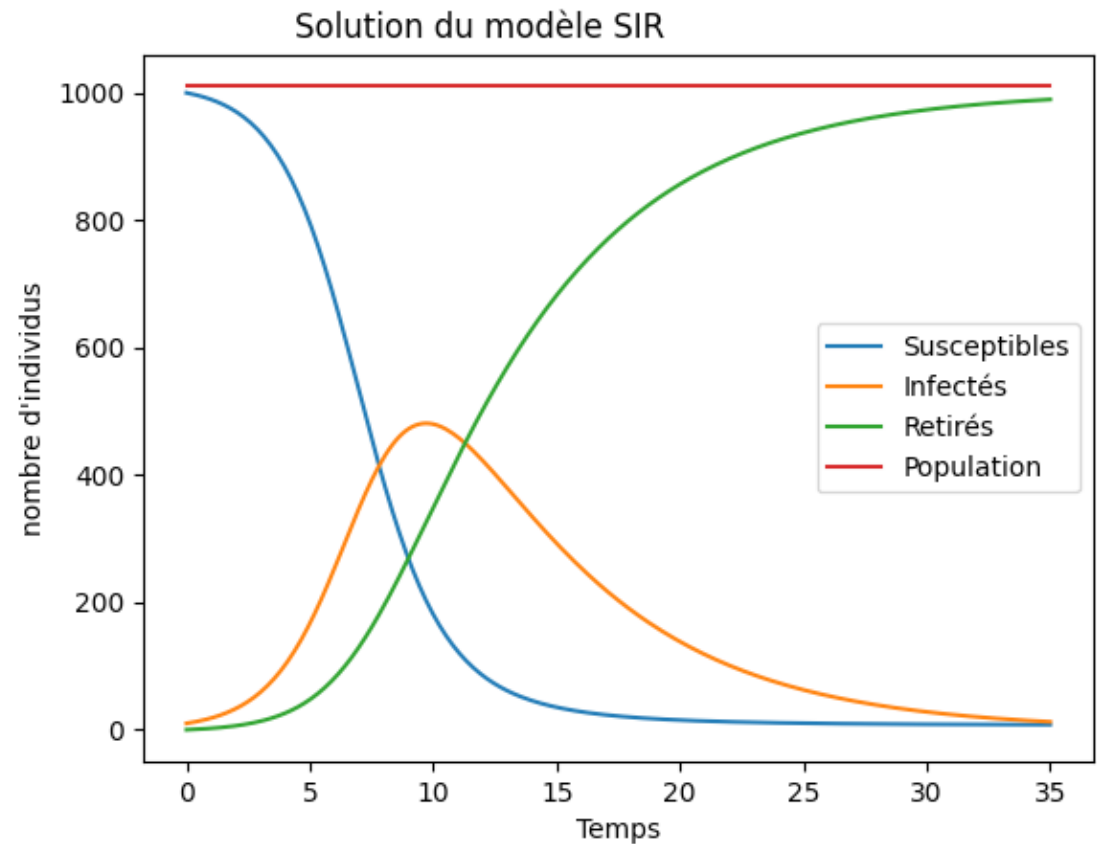
→ D la durée d'infection d'une personne

Modèle SIR, développé par Kermack et McKendrick en 1927

- $S(t)$: susceptibles
- $I(t)$: infectés
- $R(t)$: retirés
- Population totale :
 $N = S + I + R$
- β = taux de transmission
- γ = taux de guérison

Système différentiel:

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

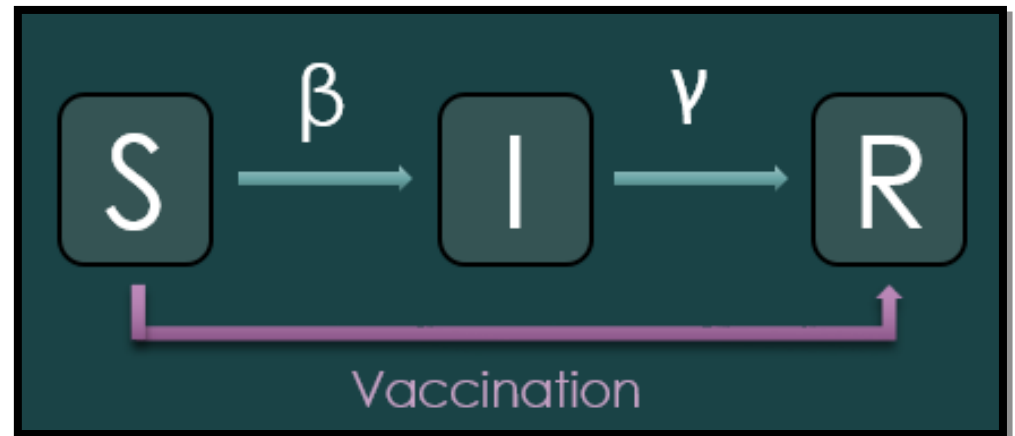


Le taux de transmission est de 0,008 et le taux de guérison est de 1/10

Modèle avec vaccination

- c = taux de vaccination

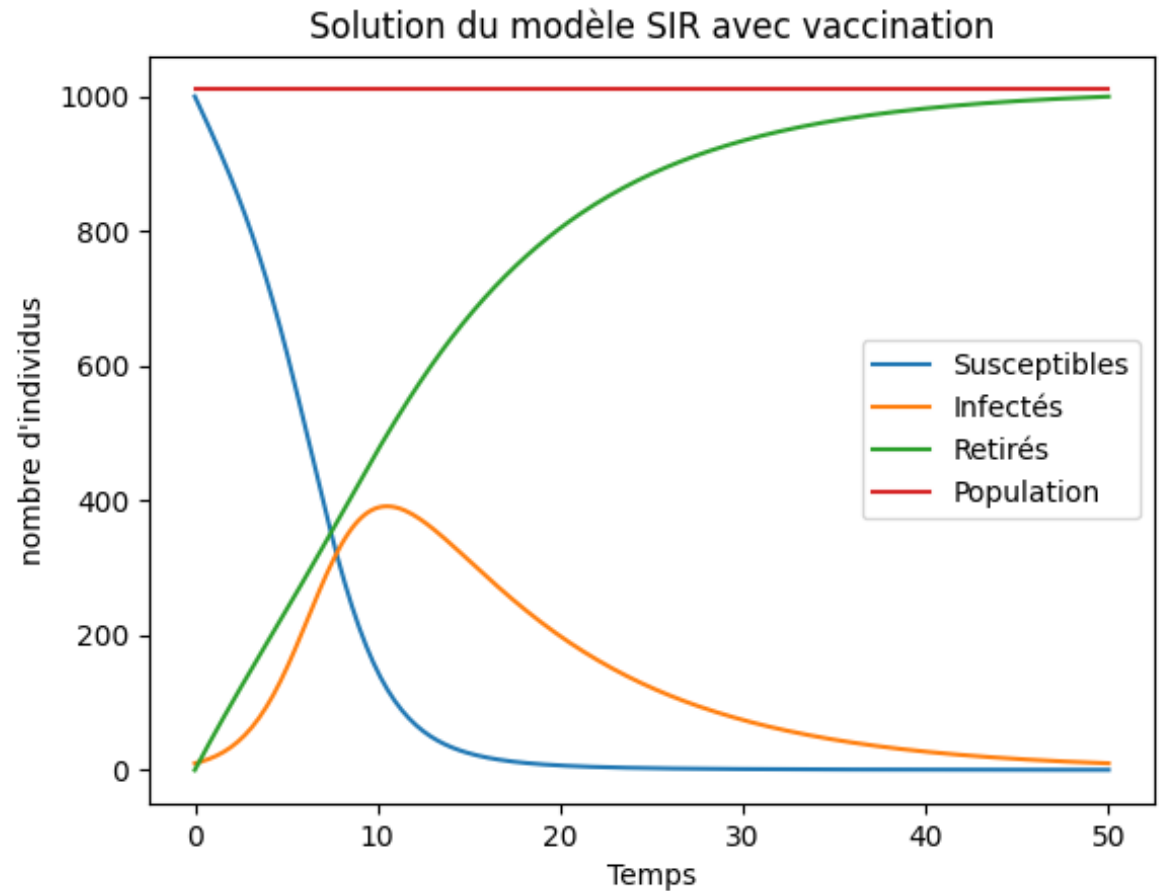
$$\begin{cases} S'(t) = -\beta S(t)I(t) - cS(t) \\ I'(t) = \beta S(t)I(t) - \gamma I(t) \\ R'(t) = \gamma I(t) + cS(t) \end{cases}$$



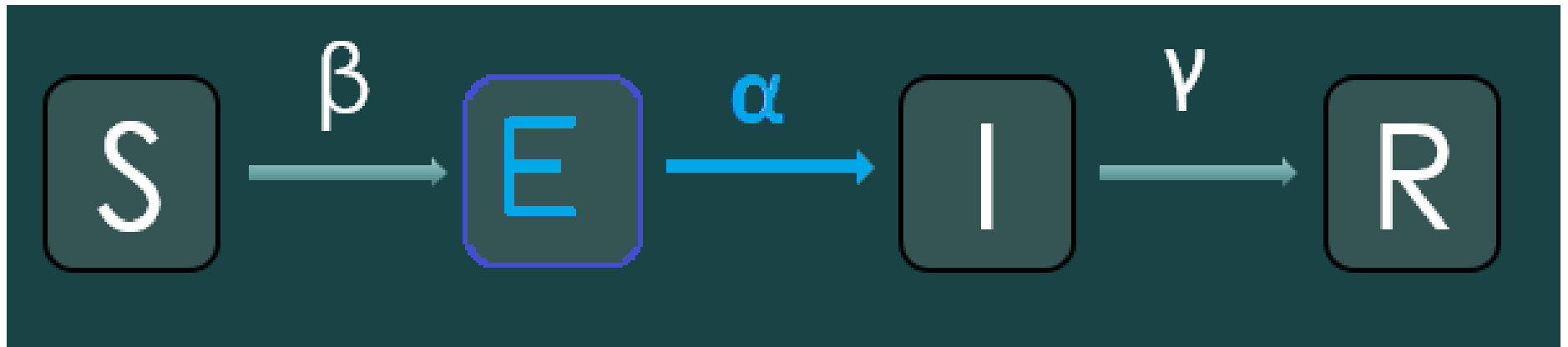
Modèle avec vaccination

- c = taux de vaccination

$$\begin{cases} S'(t) = -\beta S(t)I(t) - cS(t) \\ I'(t) = \beta S(t)I(t) - \gamma I(t) \\ R'(t) = \gamma I(t) + cS(t) \end{cases}$$



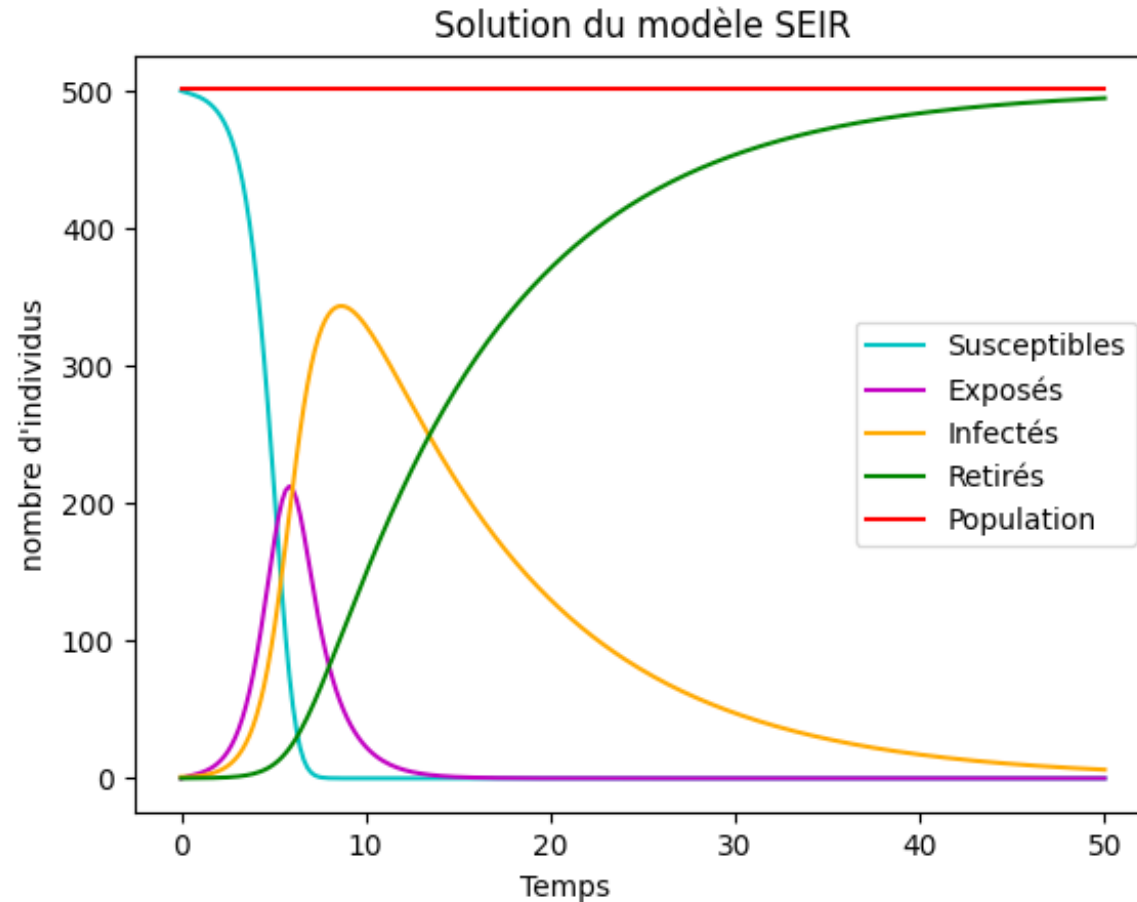
Modèle SEIR



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

$$\begin{cases} S'(t) = -\beta S(t)I(t) \\ E'(t) = \beta S(t)I(t) - \alpha E(t) \\ I'(t) = \alpha E(t) - \gamma I(t) \\ R'(t) = \gamma I(t) \end{cases}$$

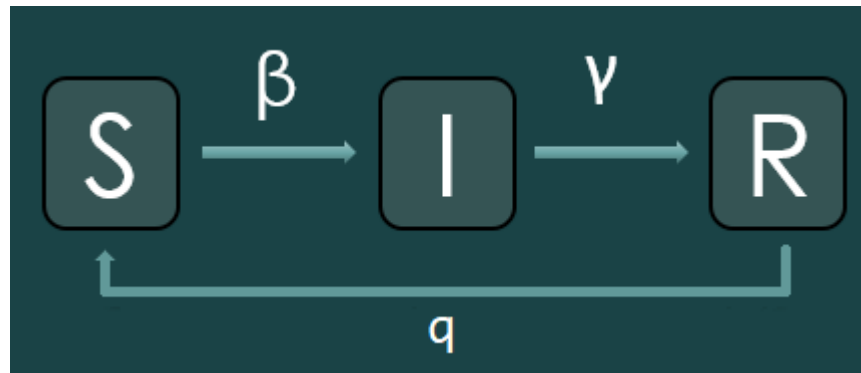
Résolution numérique



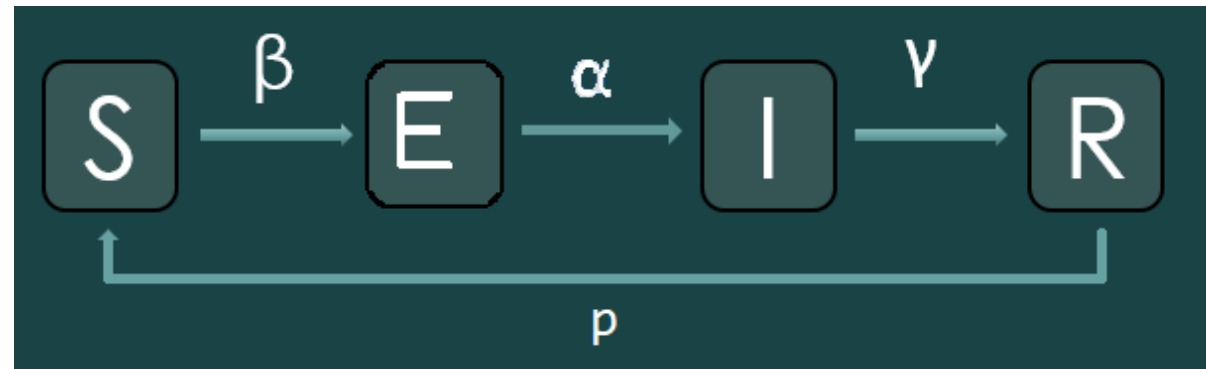
Le taux de transmission est de 0,008, le taux de guérison est de 1/10 et le taux d'incubation de 0,6

Autres modèles particuliers

- SI
- SIS
- SIRS

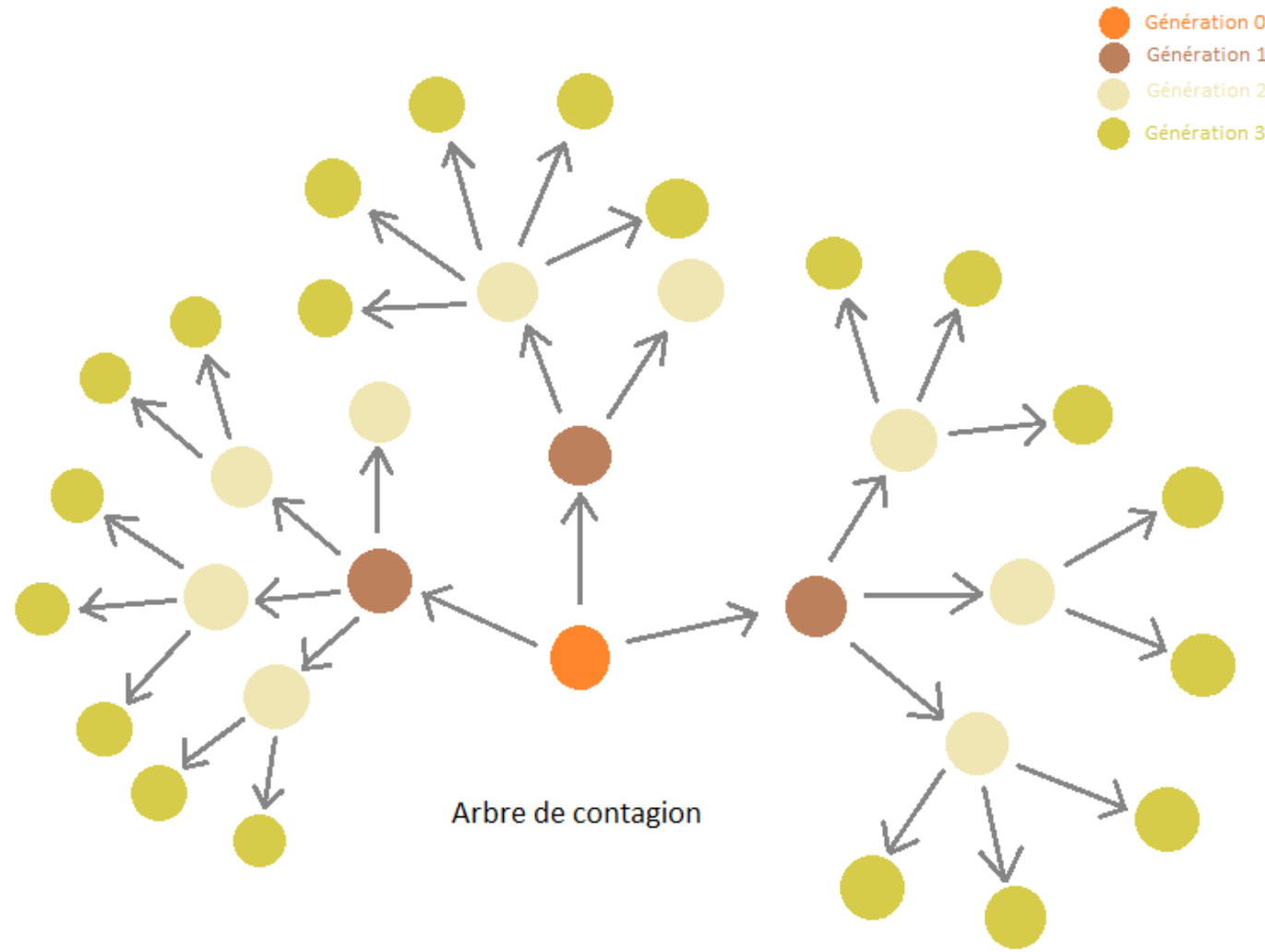


- SEI
- SEIS
- SEIRS



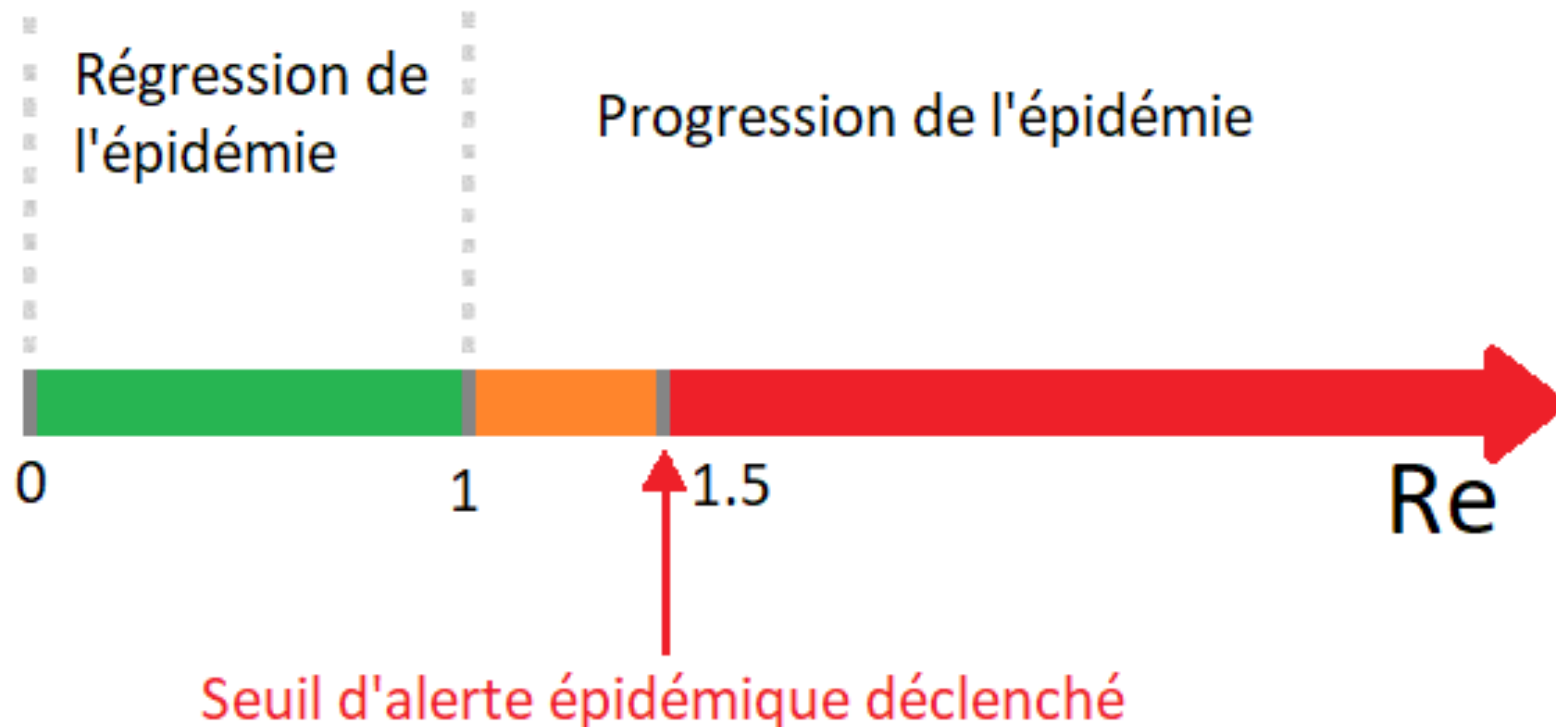
Nombre de reproduction

- R_0 : nombre de reproduction de base
- R_e : nombre de reproduction effectif



Interprétation de R avec le modèle SIR

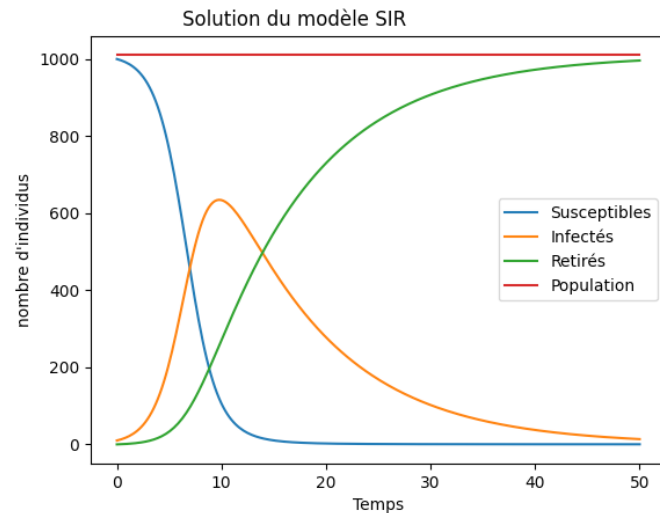
- $R_0 = D \cdot \kappa \cdot \tau = N\beta/\gamma$
 - $Re = S(0)\beta/\gamma$
- $I'(t) = (\beta S(t) - \gamma)I(t) \leq (\beta S(0) - \gamma)I(t) = \gamma(Re - 1)I(t) \leq 0$ pour $Re < 1$



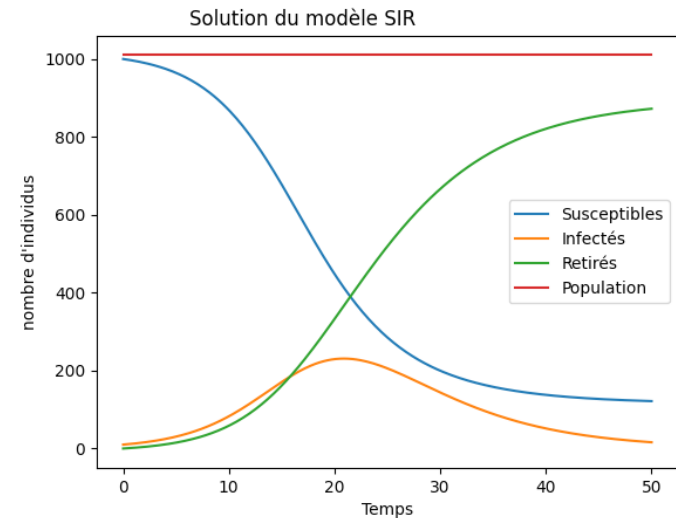
Comment atténuer l'intensité d'une épidémie ?

$$R \propto \beta/\gamma = \beta * D$$

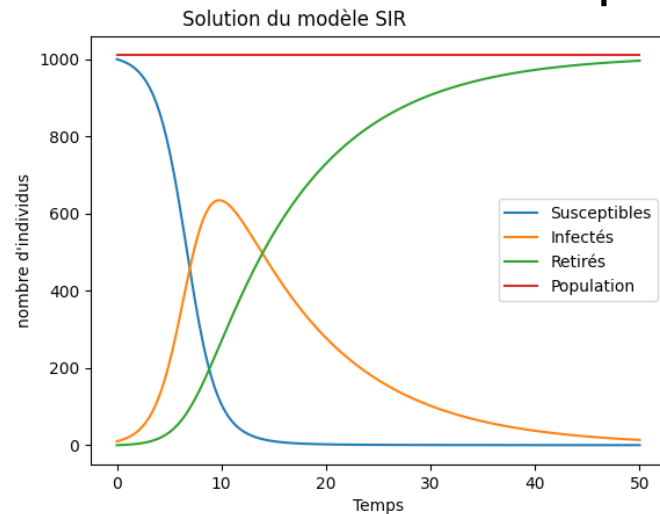
➤ Mesures sanitaires pour faire diminuer β



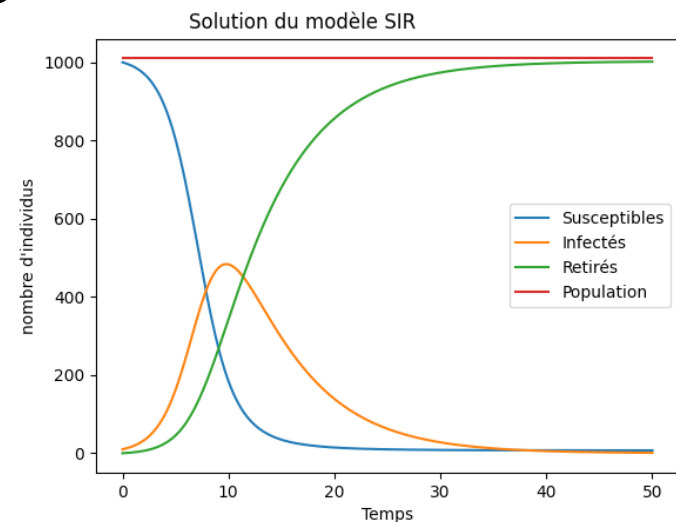
β diminue



➤ Mesures médicales pour faire diminuer D



γ augmente /
 D diminue

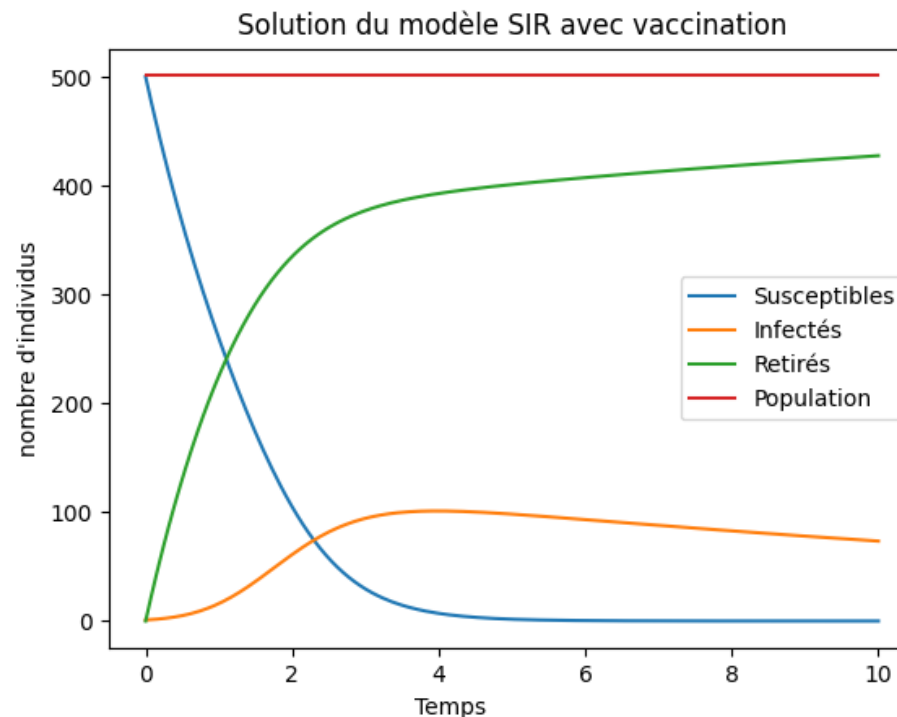


Lien avec la vaccination

$$R = p \cdot R_0$$







- p proportion de susceptibles
- v proportion de vaccinés

Si $p = S(0) = 1$, on a avec la vaccination la nouvelle proportion de susceptibles : $p = 1 - v$
Or il n'y a pas d'épidémie pour $R < 1 \iff (1 - v)R_0 < 1 \iff v > 1 - 1/R_0$



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

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

					
Susceptible	Exposé	Infecté	Retiré	Vacciné	Mort

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

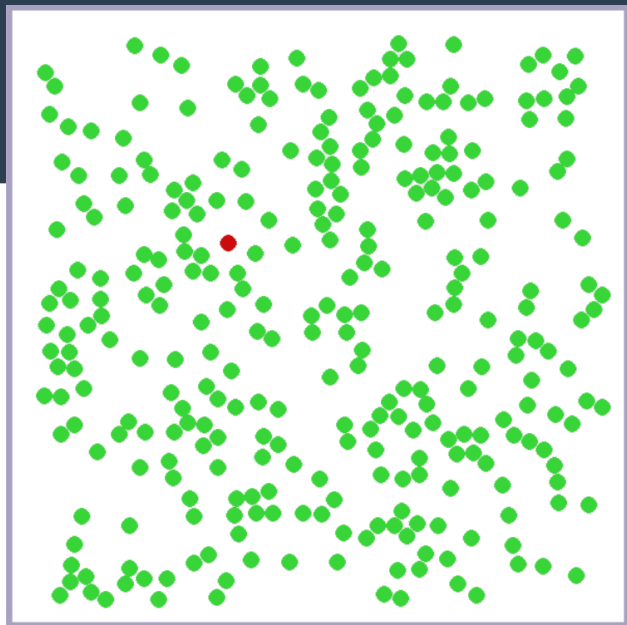
Fonctions:

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

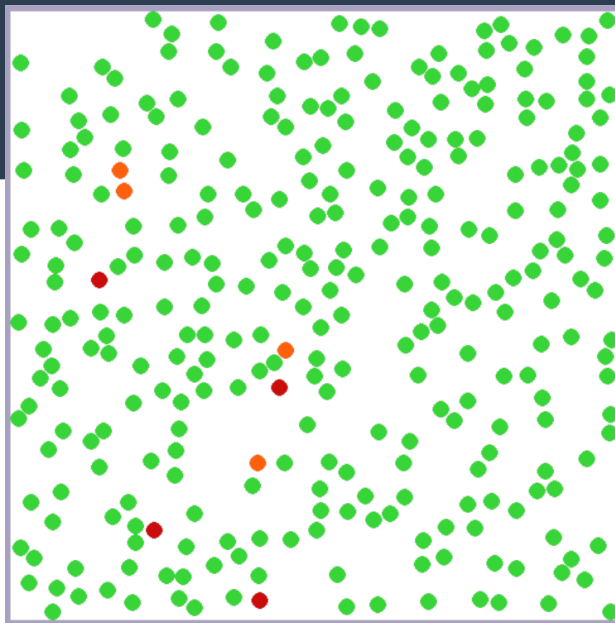
Classes:

- Balle
- Bordure

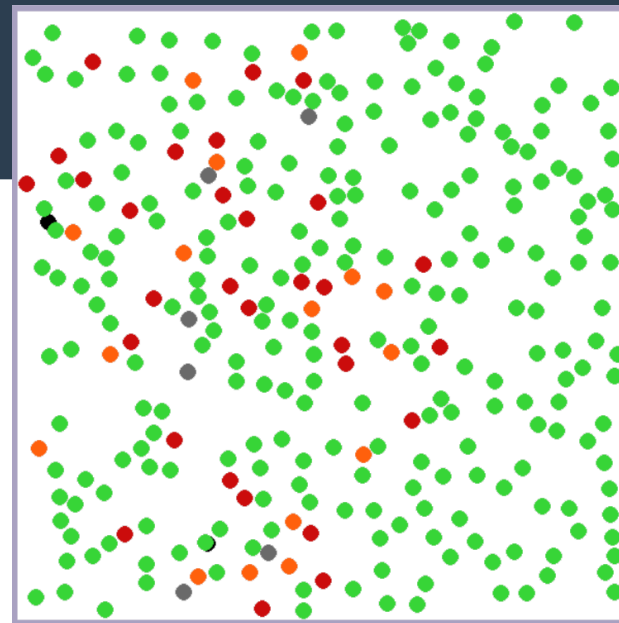
État initial



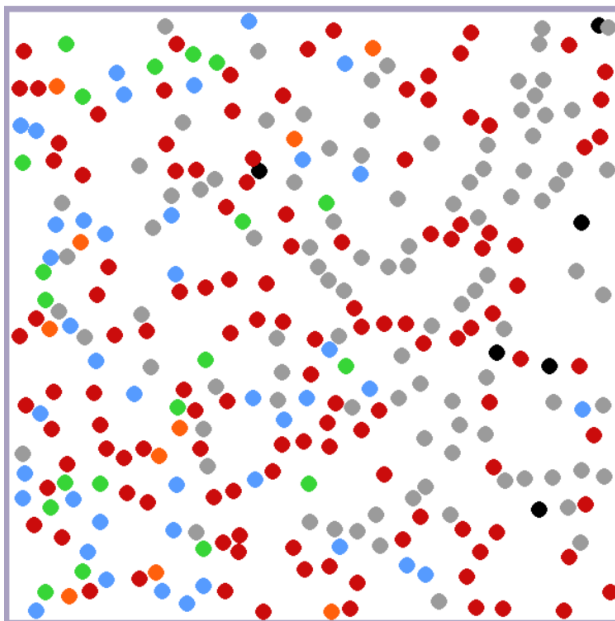
Premières contaminations



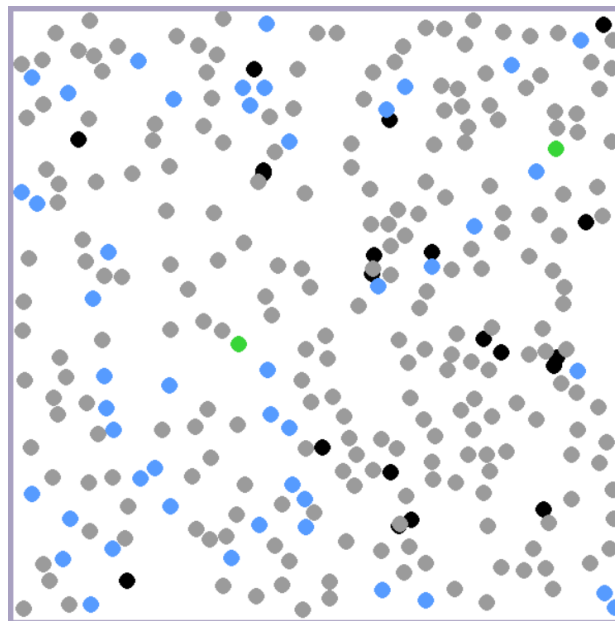
Premiers morts et retirés



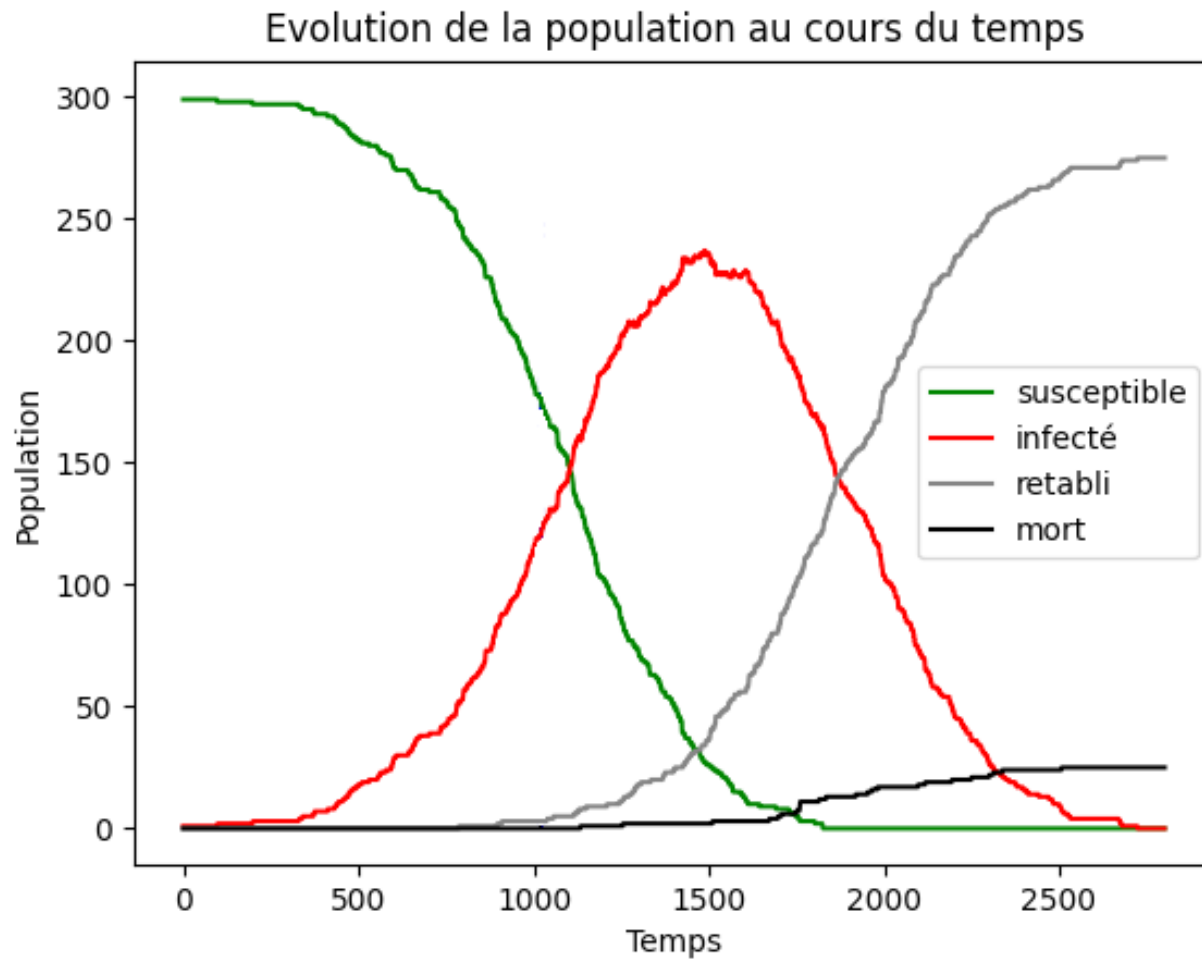
Début de la vaccination



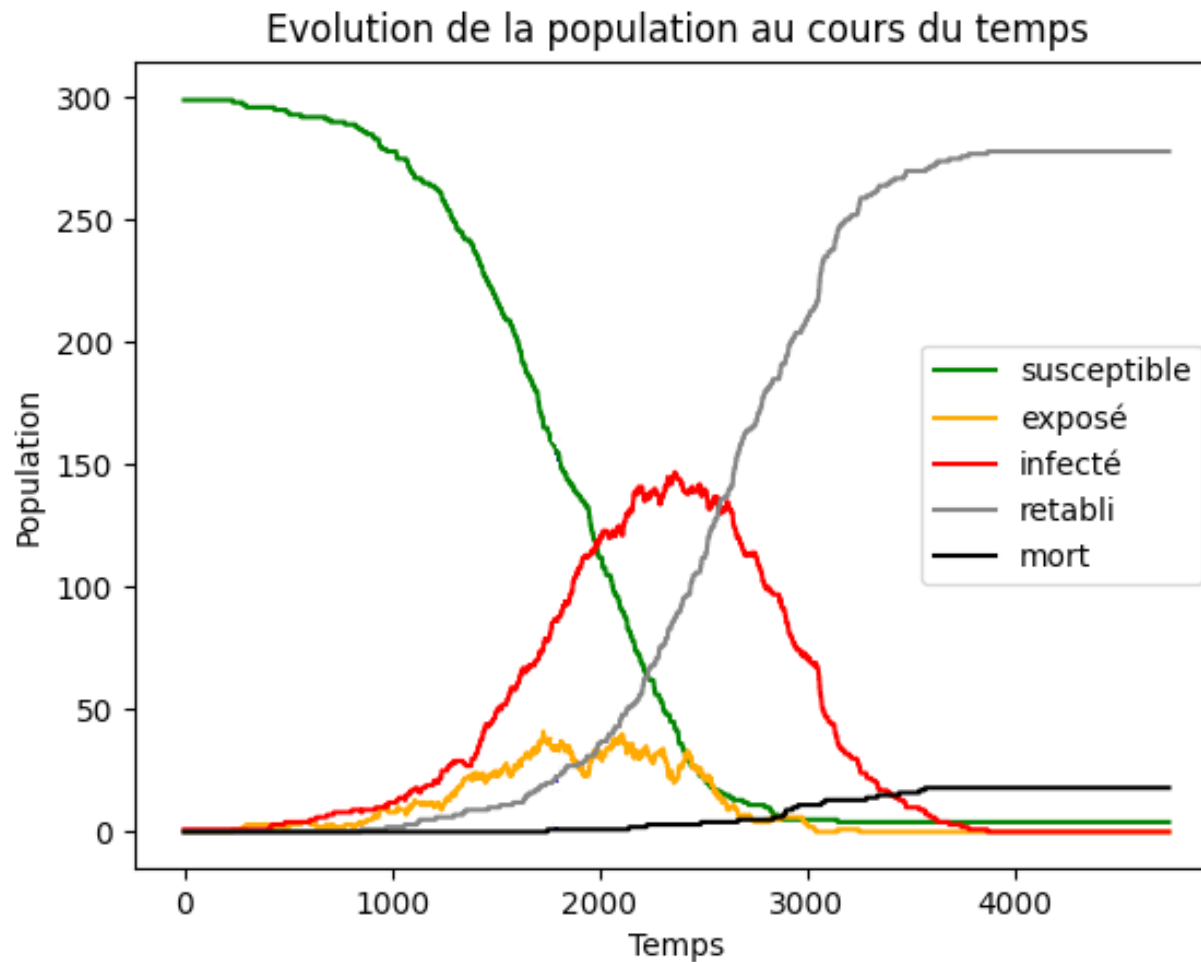
État final



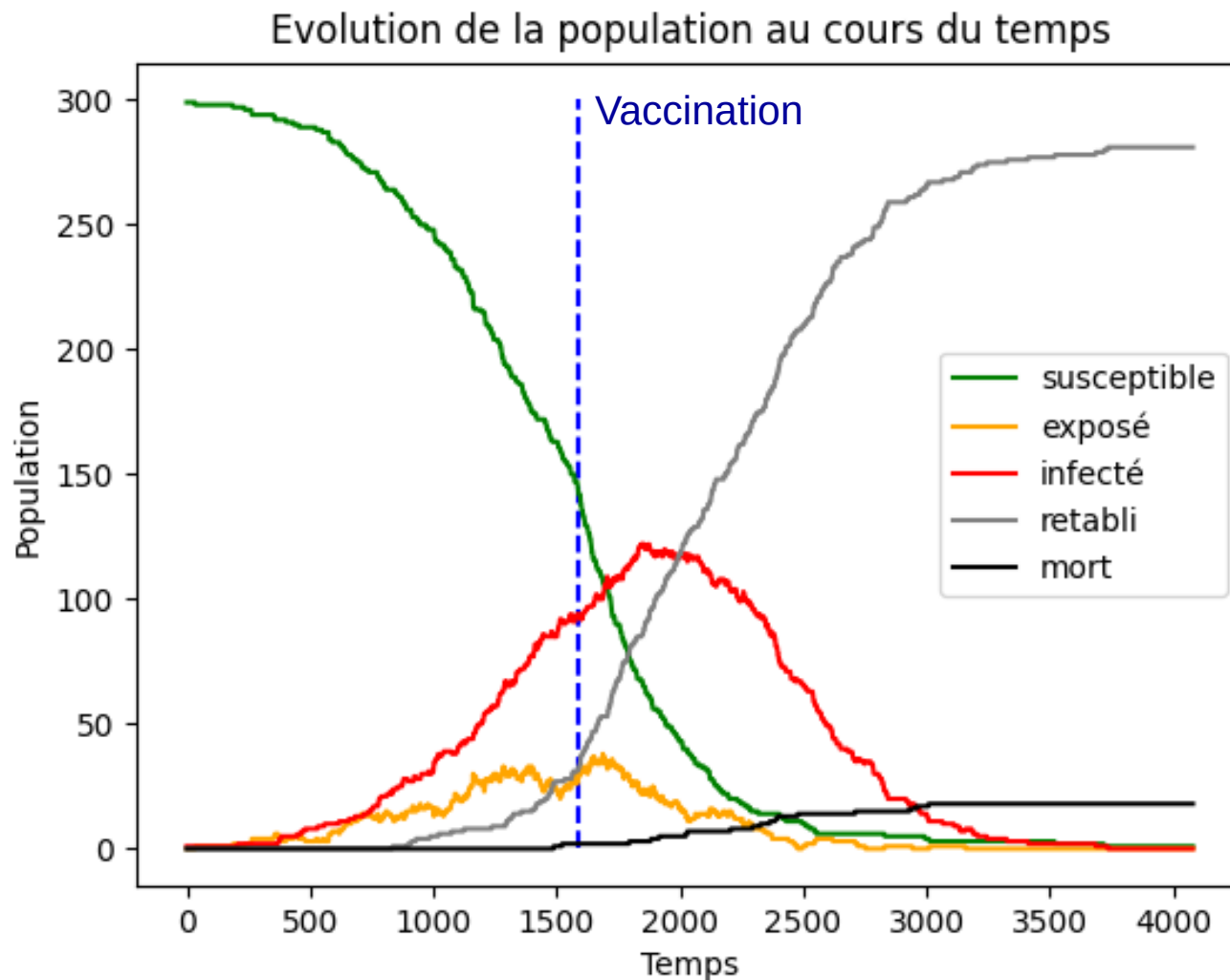
Résultat : SIR



Résultat : SEIR



Résultat global : SEIR + Vaccination



Affiner le modèle

- les délais (durée avant d'être contagieux, durée de contagion, etc.)
- différencier les ages
- la variation des taux dans le temps
- les différents niveaux d'infectiosité
- la prise en compte d'un confinement
- existence d'un vaccin

The background of the slide is a dark blue gradient. Scattered across this background are several stylized virus particles. These particles are rendered in a glowing blue wireframe or mesh style, with some having a more solid, textured appearance. They are positioned in the top-left, top-right, bottom-left, and bottom-right corners, as well as a few smaller ones near the center. The word "CONCLUSION" is centered in the middle of the slide in a large, bold, white sans-serif font.

CONCLUSION