|  |
| --- |
| Modélisation de la propagation d’une épidémie |

|  |
| --- |
| RAPPORT DE PROJET |

RAPPORT DE PROJET

|  |  |
| --- | --- |
|  | Page personnelle de Anne EYRAUD-LOISEL |



Dinesh BALASOUPRAMANIANE

Evrard DUMONT

Clovis GUILLOT

Ekin KUTLUCAN

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| Table des matières  [1) Présentation du modèle SIR 2](#_Toc136039645)  [a) Explication du modèle SIR 2](#_Toc136039646)  [b) Interprétation 5](#_Toc136039647)  [2) Résolution numérique du système (Euler) 6](#_Toc136039648)  [3) Guide UserForm / Fichier Excel 7](#_Toc136039649)  [4) Toute la partie informatique 11](#_Toc136039650)  [a) Code du Module 11](#_Toc136039651)  [b) Graphique 13](#_Toc136039652)  [c) Userform 14](#_Toc136039653) Présentation du modèle SIRExplication du modèle SIR Le modèle SIR est un ensemble d’équations modélisant assez simplement la propagation d’un virus au sein d’une population. Cette modélisation peut néanmoins toujours être complexifiée par l’ajout d’équations afin d’affiner le modèle à la réalité, mais alors les valeurs prédictives de ce modèle s’en voit nettement détériorée par rapport au modèle moins proche de la réalité.  Il existe un modèle probabiliste du modèle SIR se basant principalement sur un aspect aléatoire de l’évolution, invoquant ainsi une majeure partie de la théorie des probabilités. Dans le cadre de notre étude, nous nous intéresserons uniquement sur le modèle déterministe basé sur l’étude des systèmes différentiels, en complexifiant un peu plus les équations pour obtenir le modèle SEIRM.  Le modèle classique se contente de considérer 3 groupes de personnes et néglige nombre de détails qui sont présents en réalité :   * Les individus sains : ceux n’ayant jamais été contaminés par la maladie * Les individus infectés : ceux ayant été contaminés par la maladie * Les individus rétablis : ceux ayant été guéris de la maladie et étant immunisés.   D’où l’appellation du modèle « SIR » (Sains-Infectés-Rétablis). Il faut alors déterminer comment ce système évolue en fonction du temps, on va donc s’intéresser à la proportion d’individus dans chaque groupe.  Pour quantifier l’évolution des proportions d’individus au cours du temps t, il nous faut pour cela introduire 3 nouvelles fonctions :   * S(t) : proportion d’individus sains après t jours * I(t) : proportion d’individus infectés après t jours * R(t) : proportion d’individus rétablis après t jours.   On fixe l’unité de temps, ici en jour, afin de faciliter la compréhension. On suppose également, sans perte de généralité, qu’il n’y a pas de problèmes de régularité des fonctions au cours du temps, toutes les fonctions sont donc continues et dérivables par rapport au temps.  La dérivée de I(t) en fonction du temps, nous donne I'(t), représentant la proportion de nouveaux infectés par jour, au jour t.  Ainsi, si I' > 0, alors I est croissante, ce qui veut dire que le nombre d’infectés sera croissant au cours du temps. Pour l’étude de la propagation de l’épidémie, les cas intéressants seront I(0) != 0, car sinon au temps t = 0, il n’y a pas d’infectés et donc aucune propagation n’est possible au sein de la population.  La transformation d’un individu sain en un individu infecté est due à la transmission du virus suite à une rencontre entre ces individus. Il vient donc que la proportion de nouveaux infectés peut alors s’écrire de la façon suivante : I'(t) = β × S(t) × I(t)  où β correspond au taux de contamination du virus, car chaque rencontre induit une contamination entre individus avec une certaine probabilité, qui dépend de la contagiosité du virus ainsi que la densité de population. Ainsi, plus β est élevé plus la maladie sera infectieuse.  Lorsqu’un individu est infecté, il ne fait plus parti des individus sains. Il faut alors retirer cet individu de cette catégorie, donc la proportion d’individus sains se réécrit comme suit:    S'(t) = −β × S(t) × I(t).  Selon la maladie, la guérison se fait plus ou moins rapidement, les infectés se dirigent alors dans la catégorie rétablis avec une certaine probabilité modélisée par une constante γ, correspondant au taux de guérison.  On a donc : R'(t) = γ × I(t).  Cette quantité est alors retirée à la proportion des individus d’infectés, et donc on obtient: I'(t) = β × S(t) × I(t) − γ × I(t).  On aboutit alors au système différentiel suivant :  Une image contenant texte, Police, blanc, ligne  Description générée automatiquement  Voici un graphique illustrant l’évolution des trois groupes d’individus avec comme conditions initiales : X0 = (0.95, 0.05, 0.0) à t = 0, on a 95% d’individus sains, 5% d’infectés et 0% de rétablis.  Une image contenant texte, ligne, Tracé, diagramme  Description générée automatiquement Interprétation Sans surprise, la courbe bleue, représentant la population saine décroît au cours du temps tandis que la courbe rouge, celle représentant la population rétablie croît. On remarque que la courbe jaune, représentant la population infectée croît puis décroît, elle atteint un unique extremum qui est son maximum global, qu’on appelle « pic de l’épidémie ».  Dans le cadre de notre étude, nous allons complexifier le système d'équations en y ajoutant des compartiments supplémentaires, ici le compartiment des morts et le compartiment de la population en période d'incubation (infectés non-contagieux). Ceci requiert de considérer 2 nouveaux paramètres : le taux de létalité et le taux d'incubation.  On ajoute alors au système les équations :  E'(t) = v × I(t) (population incubée)  M'(t) = µ × I(t) (population décédés)  (où µ est le taux de létalité du virus et v le taux d'incubation, i.e. 1/temps de guérison) | | |
| Résolution numérique du système (Euler) Pour pouvoir observer l'évolution de la propagation d'une épidémie (et donc d'observer l'évolution des quantités de populations dans chaque compartiment) il est nécessaire de résoudre le système différentiel. Il existe rarement des solutions analytiques à ce genre de système, il est donc nécessaire d'effectuer une résolution numérique du système  (i.e. visualiser graphiquement la solution du système) afin d'observer l'épidémie. Pour obtenir une solution numérique, nous allons appliquer la méthode d'Euler  La méthode d'Euler est une méthode numérique utilisée pour résoudre des équations différentielles linéaires ordinaires en les approchant par des équations discrètes. L'idée fondamentale est de considérer que '' localement, une fonction est égale à sa tangente ".    Autrement dit, on remplace l'équation différentielle continue par une suite d'équations discrètes qui approximent la solution sur un intervalle donné. Pour cela on discrédite l'intervalle de temps en petits pas et on calcule la valeur approximative de la solution à chaque pas.    Il est nécessaire, pour pouvoir appliquer cette méthode, de spécifier des conditions initiales au système, ce qui correspond expérimentalement à la situation de départ d'étude de l'épidémie (nombre de sain, incubées, infectés, mort à t=0). Ceux-ci seront des paramètres intéressants à modifier pour étudier l'épidémie. Guide UserForm / Fichier Excel   Voici à quoi ressemble la feuille Excel à l'ouverture du fichier.  Après avoir cliqué sur le bouton comme indiqué, s'ouvre alors un UserForm :    Avant de lancer la simulation, il faut définir les conditions initiales de l'épidémie.  Les 2 TextBoxs sont prévues à cet effet, demandant à l'utilisateur le pourcentage de la population infectés à t=0, ainsi que le pourcentage de la population rétablis à t=0 (des valeurs y sont inscrites par défaut).  Notons que nous avons bien évidemment laissé la possibilité à l'utilisateur de définir lui-même les paramètres biologiques du virus. Pour se faire, l'utilisateur doit cliquer sur le ToggleButton " Paramètres " :    De manière analogue, il lui est possible de modifier le taux de contamination et le taux de guérison.  Nous avons voulu rendre le UserForm le plus synthétique pour la plupart des utilisations, et donc ne pas demander des données inutiles à l'utilisateur (comme par exemple demander le nombre de mort alors qu'il est souhaité qu'une modélisation SIR et pas SEIRM sans mort du compartiment " Morts ")  Ainsi la raison de la présence de ces 2 TickBoxs (qui ont des valeurs par défaut) :    Une fois les paramètres entièrement définies, on est enfin prêt à cliquer sur le bouton  " Valider " pour pouvoir afficher la simulation :    Voici un aperçu en meilleur définition du graphique :    On observe bien les courbe et leurs évolutions associées à leur légendes (les morts et incubées étant à 0, étant donnés les paramètres fixés). Toute la partie informatiqueCode du Module Le code VBA étant assez bien documenté, voici des captures d'écrans du code :       Graphique  UserForm  --- FIN --- | | |
|  | | |
|  |  |  |

|  |
| --- |
|  |