



Modèle épidémie SIR en épidémiologie : présentation et illustration

TURPIN Yohann, GEHU Lauric, FOSSET Jorel. $ESIREM\ Dijon$

Table des matières

1	Le modèle SIR 1.1 Histoire et amélioration	2 2
2	Introduction	5
3	Etat de l'art 3.1 ceci est une section	6 6
4	Contribution	7
5	Conclusion	8

Le modèle SIR

1.1 Histoire et amélioration

Le modèle SIR est un modèle mathématique simple qui permet de modéliser la propagation d'une maladie infectieuse dans une population. Le modèle divise la population en trois groupes : les individus susceptibles d'être infectés (S), les individus infectés (I) et les individus guéris ou retirés (R). Les individus passent d'un groupe à l'autre en fonction de leur état de santé. Le modèle est décrit par les équations différentielles suivantes :

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta SI}{N}$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI}{N} - \gamma I$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I$$

où S, I et R représentent respectivement le nombre de personnes dans chaque groupe, N est la taille totale de la population, β est le taux de contact et γ est le taux de guérison. Le modèle de Reed et Frost est un autre modèle mathématique simple qui permet de modéliser la propagation d'une maladie infectieuse dans une population. Dans ce modèle, les individus sont divisés en trois groupes : les individus susceptibles d'être infectés (S), les individus infectés (I) et les individus retirés (R). Le modèle suppose que chaque individu infecté a une probabilité fixe de transmettre la maladie à un individu susceptible chaque semaine. Le nombre de reproduction de base R0 est défini comme le nombre moyen de susceptibles qu'un individu infecté infecte au début de l'épidémie, lorsque presque toute la population est susceptible.

Le nombre de reproduction de base, R0, est défini comme le nombre attendu d'infections générées par un individu infectieux dans une grande population susceptible. Pour le modèle épidémique SIR standard que nous avons décrit précédemment, R0 est défini comme λi où i est la durée moyenne de la période infectieuse et λ est l'intensité du processus de Poisson homogène qui modélise les contacts entre les individus infectés et les individus susceptibles.



Enseñando la cabecera



Remerciements

Nous tenons à exprimer notre profonde gratitude à l'enseignante Karine Serrier pour son soutien, ses conseils et sa patience tout au long de la réalisation de ce rapport. Nous sommes reconnaissants de l'avoir eu comme encadrante et nous espérons que sa passion des mathématiques et sa bonne humeur se ressentiront dans le travail fourni.

Introduction

Les modèles déterministes et les modèles probabilistes. Les modèles déterministes sont plus faciles à étudier, mais ils ne reflètent pas toujours la réalité. Les modèles probabilistes, quant à eux, sont une façon naturelle de modéliser l'évolution d'une épidémie, car chaque individu a une certaine probabilité d'être infecté par la maladie.

L'étude de ces problèmes stochastiques est importante pour déterminer si, quand la taille de la population augmente, ils convergent vers un problème déterministe. Nous nous intéresserons plus particulièrement aux épidémies qui se transmettent d'individu en individu et confèrent une immunité aux contacts suivants en cas de rétablissement. Les maladies infantiles, sexuellement transmissibles ou même la grippe correspondent à ce genre de pathologie. On appelle ce type de modèle une épidémie SIR (Susceptible, Infected, Recovered). La population est ainsi donc séparée en trois catégories. Nous avons les susceptibles qui sont les individus sains et sensibles à la maladie, les infectés qui sont atteints par l'épidémie et pouvant donc la transmettre pendant une certaine période de contagion, et ceux qui sont immunisés contre une nouvelle infection après avoir été infectés.

Etat de l'art

- 3.1 ceci est une section
- 3.1.1 ceci est une sous-section

Etat de l'art

Contribution...

Ma contribution

Conclusion

Mes conclusions

Table des figures

Liste des tableaux

A	hat m	+
А	bstr	acı

In English

Résumé

En Français