



MODÈLE ÉPIDÉMIE SIR EN ÉPIDÉMIOLOGIE : PRÉSENTATION ET ILLUSTRATION

TURPIN Yohann, GEHU Lauric, FOSSET Jaurel

27 novembre 2023

Table des matières

1	Introduction	3
2	Les modèles déterministes	4
2.1	Le modèle SIR	4
2.1.1	Histoire et amélioration	4
3	Les modèles stochastiques	5
3.1	Reed et Forst	5
3.1.1	Loi Binomiale	5
3.2	Bartlett	5
3.2.1	Loi de poisson	5
3.3	La construction de Selke	6
3.4	Que fait-on du début de l'épidémie	6
4	Conclusion	7

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.

Les modèles déterministes

2.1 Le modèle SIR

2.1.1 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 R_0 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, R_0 , 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, R_0 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.

Les modèles stochastiques

3.1 Reed et Forst

Cependant, le modèle SIR dans l'état que nous avons donné, possède certaines incohérence vis à vis de la réalité. En effet, il suppose que chaque individu de la population a une chance égale d'entrer en contact avec tous les autres individus, et que la chance de propager l'épidémie est, elle aussi uniforme. C'est ici qu'intervient le modèle stochastique de Reed et Frost présenté en 1928, qui redéfinit le modèle cité précédemment. S'ils sont infectés, ils deviennent d'abord infectieux pendant un certain temps, puis se rétablissent et deviennent immunisés. Le modèle est généralement utilisé avec une dynamique à temps discret, où la période infectieuse est courte et précédée d'une période de latence plus longue. Les nouvelles infections se produisent par génération, séparées par la période de latence. Les probabilités dans chaque génération dépendent de l'état de l'épidémie dans la génération précédente, et sont spécifiées par des probabilités binomiales.

$$P(Y_{j+1} = y_{j+1} | X_0 = x_0, Y_0 = y_0, \dots, X_j = x_j, Y_j = y_j) = P(Y_{j+1} = y_{j+1} | X_j = x_j, Y_j = y_j) \quad (3.1)$$

$$= \binom{x_j}{y_{j+1}} (1 - q^{y_j})^{y_{j+1}} (q^{y_j})^{x_j - y_{j+1}} \quad (3.2)$$

3.1.1 Loi Binomiale

La loi Binomiale est la loi suivie par la variable aléatoire S qui compte le nombre de succès de n expériences de Bernoulli consécutives et indépendantes. La loi de Bernoulli est la loi suivie par l'expérience qui peut réussir avec une probabilité p .

3.2 Bartlett

C'est en 1949 que Bartlett propose ce qui sera le modèle épidémiologique standard. Au temps initial, la population se compose de m infectés et n susceptibles. Chaque infecté a une période de contagion qui suit une loi I (moyenne i variance σ^2) indépendante de celle des autres. Et pendant cette période il rencontre un autre individu donné suivant les instants de saut d'un processus de Poisson d'intensité λ/n . Tous ces processus sont indépendants entre eux et des périodes de contagion. Ainsi, pendant temps dt , la probabilité qu'un infecté rencontre un individu initialement susceptible vaut λ . On appellera $E_{n,m}(\lambda, I)$ une telle épidémie. Un des paramètres importants dans ce modèle est le nombre d'infections attendues par un individu (Basic reproduction number) $R_0 = \lambda i$. On verra qu'en fonction de sa valeur, l'épidémie se propage à toute la population ou reste confinée à un plus petit nombre d'individus.

3.2.1 Loi de poisson

Une variable aléatoire X suit une loi de poisson si :

$$P(X = k) = \exp -\lambda \frac{\lambda^k}{k!}$$

3.3 La construction de Selke

3.4 Que fait-on du début de l'épidémie

Conclusion

Table des figures

Liste des tableaux

Abstract

In English

Résumé

En Français