

Modèles SIR en épidémiologie : présentation et illustration

TURPIN Yohann, GEHU Lauric, FOSSET Jaurel

January 17, 2024



Sommaire

- 1 Introduction
- 2 Les modèles déterministes
 - SIR
- 3 Les modèles stochastiques
 - Bartlett
 - La construction de Selke
 - Que fait-on du début de l'épidémie
- 4 Conclusion

Contextualisation

- Crise du COVID-19
- Evolution
- Pression hospitalière

Problématique

De quelle façon les entités sanitaires parviennent-elles à nous partager des résultats ?

Outils à disposition

Modèles déterministes

Régis par des hypothèses simplificatrices ne traduisant pas la réalité.

Modèles stochastiques

Calculs plus complexes mais prenant en compte les phénomènes aléatoires.

Objectifs

- Vérifier les modèles
- Déterminer une condition d'équivalence entre ces modèles

Modèle SIR

Définition

- Susceptible (S)
- Infectés (I)
- Rétablis (R)

Modèle SIR

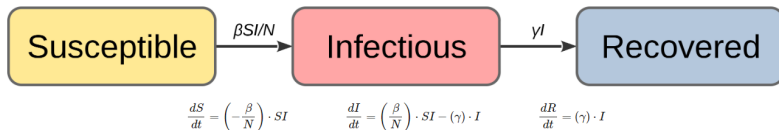
Équation

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

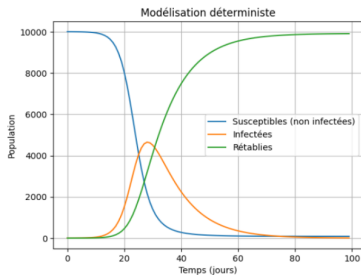
- N : taille totale de la population
- β : taux de contact
- γ : taux de guérison

Modèle SIR

Modélisation d'une épidémie par le modèle SIR



Modèle SIR



- $\gamma = 0.1$
- $\beta = 0.48$

```
def solveEq(gamma = 0.1, beta = 0.7, population = 10000, infectees = 1):
    S, I, R = population - infectees, infectees, 0
    temps = np.arange(0, 100, 1) # De 0 à 100 par pas de 1
    res = odeint(dAdt, y0=[S, I, R], t=temps, args=(beta, gamma, population))
    S, I, R, t = res.T[0], res.T[1], res.T[2], temps
    return S, I, R, t

def show(S, I, R, temps):
    plt.plot(temps, S, label='Susceptibles (non infectées)')
    plt.plot(temps, I, label='Infectées')
    plt.plot(temps, R, label='Rétablies')
    plt.xlabel('Temps (jours)')
    plt.ylabel('Population')
    plt.title("Modélisation déterministe")
    plt.legend()
    plt.grid()
    plt.show()
```

- $N = 10000$
- $I_0 = 1$

Limites rencontrées

- Propagation de l'épidémie uniforme
- Probabilité de contact humain uniforme

Les modèles stochastiques permettent de palier à ces limites.

Reed et Frost

Histoire

C'est en 1928 que le premier modèle épidémiologique voit le jour grâce aux chercheurs Reed et Frost.

- Le modèle fait intervenir la loi binomiale
- Chaque génération n'est influencé que par la précédente

Initialisation

- **Génération successives** Indice $t = 0, 1, 2, \dots$,
- $X(t)$ et $Y(t)$, les susceptibles et infectieux de la génération t
- **Population fermée** $X(0) + Y(0) = n$; puis $X(t+1) + Y(t+1) = X(t) + Y(t) = n$...
- L'infection suit une loi binomiale

Loi binomiale

Définition

$$P(X = k) = \binom{n}{k} p^k (1 - p)^{n-k}$$

- La loi Binomiale est la loi suivie par la variable aléatoire X 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 .

Reed et Forst

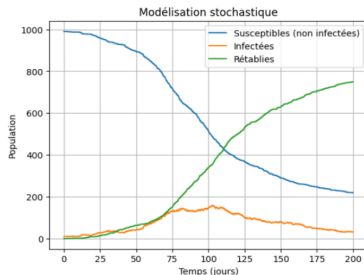
Définition

$$P(Y_{t+1} = k | X_t = x, Y_t = y) = \binom{x}{k} (1 - q^y)^k (q^y)^{x-k} \quad (1)$$

Démonstration

- $P(Y_{t+1} = k | X_0 = x_0, Y_0 = y_0, \dots, X_t = x_t, Y_t = y_t) = P(Y_{t+1} = k | X_t = x, Y_t = y)$
- $P(Y_{t+1} = k | X_t = x, Y_t = y) = \binom{x}{k} p(y)^k (1 - p(y))^{x-k}$
- $P(Y_{t+1} = k | X_t = x, Y_t = y) = \binom{x}{k} (1 - q^y)^k (q^y)^{x-k}$

Modélisation informatique de Reed-Frost



```
# Version stochastique
def sir(u, parms, t):
    bet, gamm, iota, N, dt = parms
    S, I, R = u

    # Calcul du taux d'infection
    lambd = bet * (I + iota) / N

    # Calcul des fractions d'infection et de récupération
    ifrac = 1.0 - math.exp(-lambd * dt)
    rfrac = 1.0 - math.exp(-gamm * dt)

    # La binomial fait intervenir l'aspect aléatoire du modèle
    infection = np.random.binomial(S, ifrac)
    recovery = np.random.binomial(I, rfrac)

    # Mise à jour des compartiments S, I, R selon le modèle SIR
    return [S - infection, I + infection - recovery, R + recovery]
```

■ $\gamma = 0.05$

■ $\beta = 0.1$

■ $N = 1000$

■ $I_0 = 10$

Quelques rappels

Processus de Poisson

- **Incrément constant**
- **Événement unique**
- **Indépendance**
- **Invariance**
- **Loi de Poisson**

Quelques rappels

Loi de Poisson

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

Bartlett

Histoire

En 1949, le statisticien Maurice S. Bartlett pose ce qui sera le modèle épidémiologique standard.

- La population se compose de m infectés et n susceptibles
- La période de contagion suit une loi I (moyenne i , variance σ^2)
- La probabilité de rencontrer un individu suit un processus de Poisson d'intensité $\frac{\lambda}{n}$
- Cette épidémie est notée $E_{n,m}(\lambda, I)$

Définition

Construction de Selke

En 1983, Selke propose l'idée d'affecter à chaque individu une capacité à résister à l'épidémie, ainsi que l'ajout d'une pression épidémique.

- Des chaînes de Markov pour modéliser l'épidémie au fil du temps
- Un processus de Poisson pour modéliser le nombre d'infectés

Nombre de reproduction de base (R_0)

Nombre attendu d'infection générée par un individu infectieux dans une grande population susceptible.

SIR

$$R_0 = \lambda i$$

- i : durée moyenne de la période infectieuse
- λ : intensité du processus de Poisson homogène modélisant les contacts entre les individus infectés et les individus susceptibles

Propriété

Taille finale

$$1 - \tau = e - R_0 \tau$$

- τ est la proportion de la population qui sera infectée à la fin de l'épidémie

Chaîne de Markov

Définition

Une chaîne de Markov est un processus aléatoire à temps discret dont la principale caractéristique est l'absence de mémoire et l'existence de probabilités de transition entre les états de la chaîne.

Propriété

Soient S un ensemble fini (ou dénombrable) et $(X_n)_{n \in \mathbb{N}}$ une suite de variables aléatoires définies sur le même univers Ω munit de la mesure de probabilité \mathbb{P} et à valeurs dans S . (X_n) est une chaîne de Markov si :

- **Propriété de Markov** : $\forall n \in \mathbb{N}$ et $(x_i)^n \in S^n (i \in [[0, n + 1]])$

$$\mathbb{P}(X_{n+1} = x_{n+1} | X_{0:n} = x_{0:n}) = \mathbb{P}(X_{n+1} = x_{n+1} | X_n = x_n)$$

- **Homogénéité** : $\mathbb{P}(X_{n+1} = y | X_n = x)$ ne dépend pas de n , $\forall (x, y) \in S^2$. On note alors $p(x, y)$ cette probabilité.

Définition du modèle

- Les infectés initiaux seront notés $-(m-1), -(m-2), \dots, -1, 0$
- Les susceptibles de 1 à n
- A chaque susceptible on associe aussi des seuils Q_1, Q_n

Formule

Taille finale de l'épidémie

$$Z = \min \left\{ \frac{\lambda}{n} \sum_{j=-(m-1)}^i I_j \right\}$$

Formule

Identité de Wald

$$\mathbb{E}\left[\frac{e^{-\theta P(\infty)}}{\Phi\left(\frac{\lambda\theta}{n}\right)^{Z+m}}\right] = 1$$

Démonstration

- $\Phi(\frac{\lambda\theta}{n})^{n+m} = \mathbb{E}[e^{-(\frac{\lambda\theta}{n}) \sum_{j=-(m-1)}^n I_j}]$
- $\mathbb{E}[e^{-(\frac{\lambda\theta}{n}) \sum_{j=-(m-1)}^i I_j}] = \mathbb{E}[e^{-\theta(Z + \frac{\lambda}{n} \sum_{j=Z+1}^n I_j)]$
- $\mathbb{E}[e^{-\theta(Z + \frac{\lambda}{n} \sum_{j=Z+1}^n I_j)] = \mathbb{E}[e^{-\theta Z} \Phi(\frac{\lambda\theta}{n})^{n-Z}]$
- $\mathbb{E}[\frac{e^{-\theta P(\infty)}}{\Phi(\frac{\lambda\theta}{n})^{Z+m}}] = 1$

Formule

Probabilité d'infection

$$\sum_{k=0}^l \binom{n-k}{l-k} \frac{P_k^n}{\Phi\left(\frac{n-l}{n}\right)^{k+m}} = \binom{n}{l}$$

Démonstration

- $\frac{p_i^N}{\binom{N}{i}} = \frac{p_i^k}{\binom{k}{i}} (\exp(-(N-k)A^k | Z^k = i))$
- $\sum_{i=0}^k \frac{\mathbb{E}[e^{-(N-k)A^k} | Z^k = i]}{\Phi(\frac{\lambda(N-k)}{n})_{i+m}} p_i^k = 1$
- $\binom{k}{i} / \binom{N}{i} = \binom{N-i}{k-i} \binom{N}{k}$
- $\sum_{k=0}^I \binom{N-i}{k-i} \frac{P_k^n}{\Phi(\frac{\lambda(N-k)}{n})_{i+m}} = \binom{N}{i}$

Loi faible des grands nombres

Soit $(X_n)_{n \in \mathbf{N}}$ une suite de variable aléatoire indépendante et identiquement distribuée de même loi que X (loi mère). Si $\mathbb{E}[|X|] < +\infty$, alors $\overline{X_n} \rightarrow \mathbb{E}[X]$

