

# Modèles SIR en épidémiologie : présentation et illustration

TURPIN Yohann, GEHU Lauric, FOSSET Jaurel

December 28, 2023



# 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

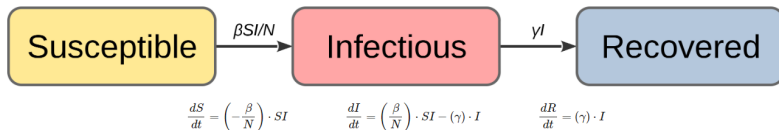
$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta SI}{N} \quad \frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI}{N} - \gamma I \quad \frac{dR}{dt} = \gamma I$$

- $N$  : taille totale de la population
- $\beta$  : taux de contact
- $\gamma$  : taux de guérison

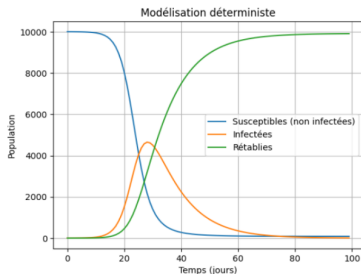


# Modèle SIR

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.**

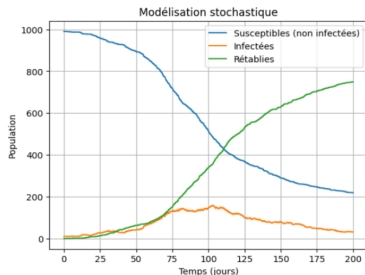
# Reed et Forst

## Définition

L'infection mène d'abord à une période infectieuse, puis une période de rétablissement pour finir dans le groupe des immunisés. Les nouvelles infections se produisent par génération, séparées par la période de latence.

- 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 probabilités dans chaque génération dépendent de l'état de l'épidémie dans la génération précédente, et sont spécifiées par des probabilités binomiales.

# Modèle SIR



# Version stochastique

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

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

    # Calcul des fractions d'infection et de récupération
    ifrac = 1.0 - math.exp(-lamdb * 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]
```

■  $\gamma = 0.05$

■  $\beta = 0.1$

■  $N = 1000$

■  $I_0 = 10$

# Reed et Forst

## Loi Binomiale

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

- 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

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

$$= P(Y_{j+1} = y_{j+1} | X_j = x_j, Y_j = y_j) \quad (2)$$

$$= \binom{x_j}{y_{j+1}} (1 - q^{y_j})^{y_{j+1}} (q^{y_j})^{x_j - y_{j+1}} \quad (3)$$

# Bartlett

## Définition du modèle

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  $\sigma^2$ ) 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  $\frac{\lambda}{n}$ .

- Ainsi, pendant un temps  $dt$ , la probabilité qu'un infecté rencontre un individu initialement susceptible vaut  $\lambda$ .
- On appellera  $E_{n,m}(\lambda, I)$  une telle épidémie.
- $R_0 = \lambda i$  décideras si l'épidémie deviendra une pandémie ou endémie.



# Loi de poisson

## Définition

Une variable aléatoire  $X$  suit une loi de poisson si :

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

- Cette loi est dite des événements rares : elle est souvent utilisée pour modéliser le nombre d'occurrences d'un phénomène dans un temps donné, le phénomène devant être rare dans un temps court.

# Définitions

## Construction de Selke

On assigne à chaque individu sain une résistance à l'épidémie, et la totalité des infectés définissent alors une pression de l'épidémie.

On compare alors cette pression à la résistance de chaque individu sain pour savoir si ils deviennent infectés ou reste sains.

- On utilise des chaînes de Markov pour modéliser l'épidémie au fil du temps
- Le nombre d'infections dans un temps donné est obtenu grâce à un processus de poisson

# 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
- $\lambda$  : intensité du processus de Poisson homogène qui modélise les contacts entre les individus infectés et les individus susceptibles

# Propriété

## Taille finale

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

- $\tau$  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. Cela signifie que seul l'état actuel du processus a une influence sur l'état qui va suivre.

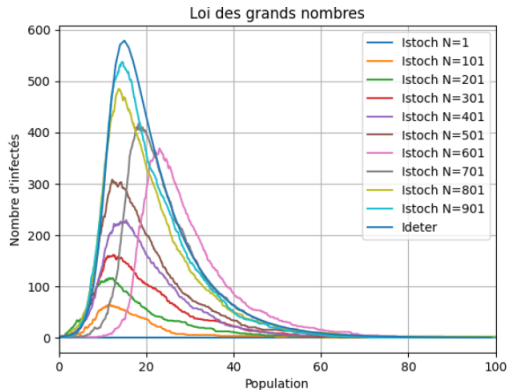
# Propriété

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



## Résumé

En Français