

Modélisation d'une épidémie avec le modèle SIR

1 Présentation du Sujet

Le modèle SIR représente un modèle simpliste, qui permet la modélisation du cours d'une épidémie dans une population. Créé en 1927 par A.G. McKendrick et W.O. Kermack [1], ce modèle épidémiologique est capable de décrire qualitativement l'évolution du nombre des individus infectieux dans une population en fonction du temps : Dans le modèle SIR, un individu commence sain, peut devenir infecté puis se remettre de sa maladie avec une immunisation. Le modèle peut être facilement adapté pour simuler l'effet des mesures d'intervention (p.ex. un confinement) et avec un paramétrage sophistiqué on peut même faire des prédictions réalistes du taux d'infection pour l'épidémie Covid-19 actuelle.

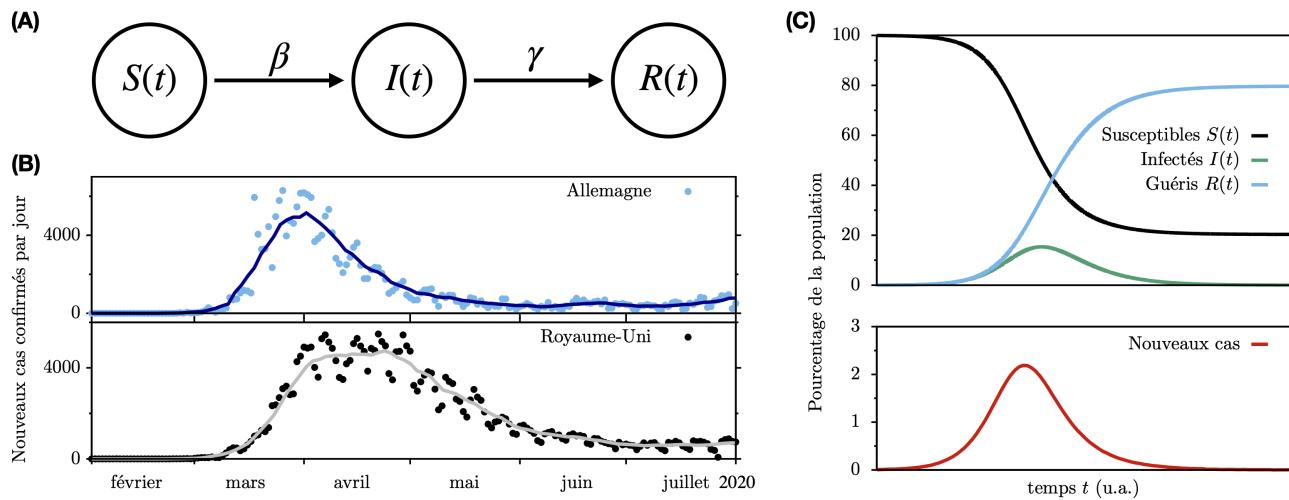


FIGURE 1 – (A) Schéma du modèle SIR. (B) Nouveaux cas Covid-19 confirmés par jour au début 2020 en Allemagne et au Royaume-Uni. (C) Dynamique typique du modèle SIR.

2 Modèle et Méthode

La population est divisée en trois compartiments qui correspondent à différents états vis-à-vis d'une maladie : Les individus susceptibles à la maladie S , les individus infectieux I et les individus éliminés R (guéris et donc immunisés, ainsi que les individus morts). Le nombre d'individus dans chaque compartiment varie en fonction du temps t , on les désigne par $S(t)$, $I(t)$ et $R(t)$.

Pour spécifier les taux d'individus passant pendant un incrément de temps dt entre les compartiments, on définit un ensemble de règles : Le nombre d'individus sains est diminué par les nouvelles infections, ce qui dépend du nombre d'individus pouvant transmettre la maladie (I) et du nombre d'individus disponibles pour l'infection (S). Nous désignons le paramètre de transmission par β , de sorte que S varie comme suit

$$\frac{dS(t)}{dt} = -\beta \cdot I(t) \cdot S(t) \quad (R1)$$

Parmi les individus infectés, une partie des individus se retire, soit parce qu'ils ont récupéré de la maladie et

sont devenus immunisés, soit parce qu'ils sont morts. Ce taux de transition de I à R est noté par γ , soit

$$\frac{dI(t)}{dt} = \beta \cdot I(t) \cdot S(t) - \gamma I(t) \quad (R2)$$

Par conséquent le nombre d'individus retirés augmente en fonction du temps comme

$$\frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t) \quad (R3)$$

Les règles (R1)-(R3) forment un système d'équations différentielles, qu'on peut résoudre numériquement.

3 Objectif

Dans la première étape du projet, il est nécessaire de coder et analyser l'évolution des compartiments en fonction du temps selon le modèle SIR : Quel paramétrage mène à une infection de toute la population ? Dans quelles conditions la maladie continue-t-elle de gagner du terrain ? Quel est le nombre de reproduction de base R_0 et le nombre de reproduction à l'instant t , $R(t)$, dans les deux cas ? [2]

Dans une seconde partie, on pourra modifier et étendre le modèle pour le rendre plus réaliste.

4 Études possibles d'intérêt

- **Taux de transition dépendants du temps** : Pour simuler un changement du virus ou des circonstances concomitantes, on pourra modifier les taux de transition en fonction du temps. Cela permettra d'étudier, par exemple, l'effet d'un confinement ou d'une mutation du virus sur l'évolution de la pandémie.
- **Ajout d'autres compartiments** : Le modèle SIR est seulement le modèle de base. On pourra ajouter plusieurs aspects en introduisant des compartiments supplémentaires : un compartiment V pour simuler l'effet de l'immunité protectrice par la vaccination ; un compartiment Q pour étudier l'effet d'une quarantaine ; un compartiment E pour les individus exposés (infecté, mais pas encore infectieux) ; etc.
- **Ajustement des paramètres** : Même si le modèle SIR simplifie fortement la dynamique infectieuse d'une pandémie, on pourra essayer d'ajuster ses paramètres pour décrire aussi fidèlement que possible une épidémie réelle. À cet égard, il est essentiel de simuler une épidémie bien documentée et pour laquelle il existe suffisamment de données fiables (Covid-19 ; la peste à Madagascar 2017 ; etc.).
- **Fluctuations statistiques - l'algorithme de Gillespie** : On pourra en fait considérer les taux de transition entre les différents compartiments comme différentes réactions chimiques possibles avec des taux de réaction donnés. Pour un tel système d'équations stochastiques, D. Gillespie a développé en 1976 un algorithme Monte-Carlo : On tire deux nombres aléatoires pour calculer le temps τ jusqu'à la prochaine réaction et pour déterminer quelle réaction a effectivement lieu au temps $t + \tau$, voir la référence [3].
- **Discretisation du modèle sur réseau** : Si l'on veut simuler la propagation d'un virus à Paris, on pourra représenter chaque arrondissement par un site du réseau et ne relier que les arrondissements voisins par un lien. En définissant alors les compartiments du modèle SIR pour chaque site et en ajoutant une mobilité des individus entre les sites, nous obtenons une version discrétisée du modèle SIR. Pour un exemple d'une telle discrétisation pour une épidémie de zombies aux Etats-Unis, voir la référence [4].

Références

- [1] A.G. McKendrick et W.O. Kermack, "A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics." Proc. Roy. Soc. A 115, 700–721 (1927).
- [2] N. Bacaër, "Un modèle mathématique des débuts de l'épidémie de coronavirus en France." Mathematical Modelling of Natural Phenomena 15, 29 (2020).
- [3] D.T. Gillespie, A. Hellander et L.R. Petzold, "Perspective : Stochastic algorithms for chemical kinetics." J. Chem. Phys. 138, 170901 (2013).
- [4] A.A. Alemie, M. Bierbaum, C.R. Myers et J.P. Sethna, "You can run, you can hide : The epidemiology and statistical mechanics of zombies." Phys. Rev. E 92, 052801 (2015).