- Introduction
- Model SIR
- Model SEIR
- Calcul de R0
- Stratégie de contrôle
- Annexe

TIPE 2021

Thème : Les enjeux sociétaux

La modélisation mathématique de l'épidémie Covid-19.

Soufian Barkati

N° d'inscription: 31443

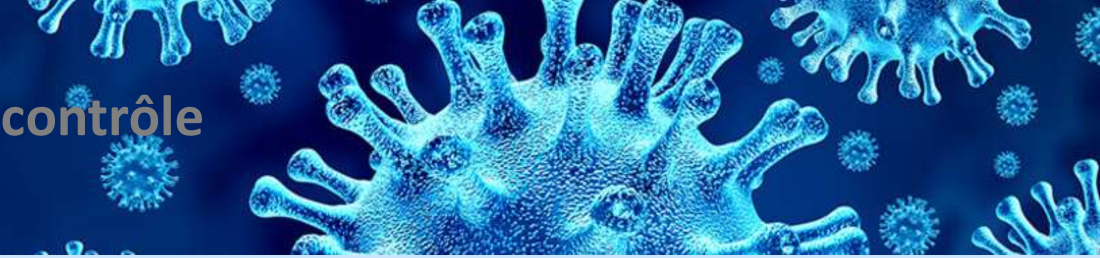
Encadré par:

Mr. ZEMMOURA JAMALE

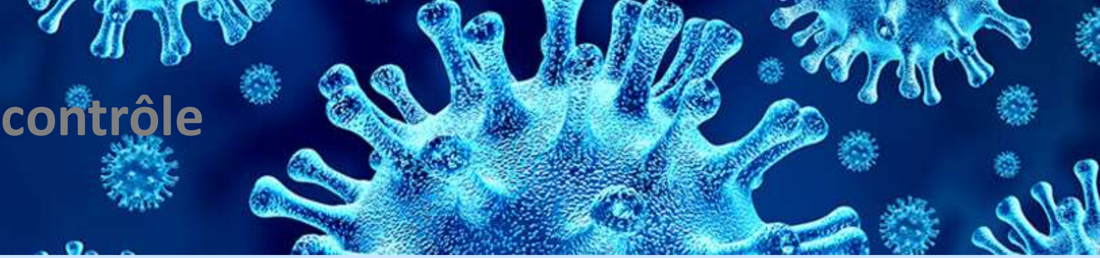
•L’épidémiologie est une science qui étudie dans une population donnée les épidémies leur fréquence, leur distribution dans le temps et dans l’espace ainsi que les facteurs qui pourraient les causer.

•Hippocrate peut être considéré comme le premier épidémiologiste, ainsi l’épidémiologie apparaissait le Ve siècle avant J.-C.

•L'épidémiologie a besoin d'une modélisation mathématique capable de décrire l'évolution de la maladie, d'effectuer des prévisions, d’analyser les causes et d’aider à la prévention (santé publique).

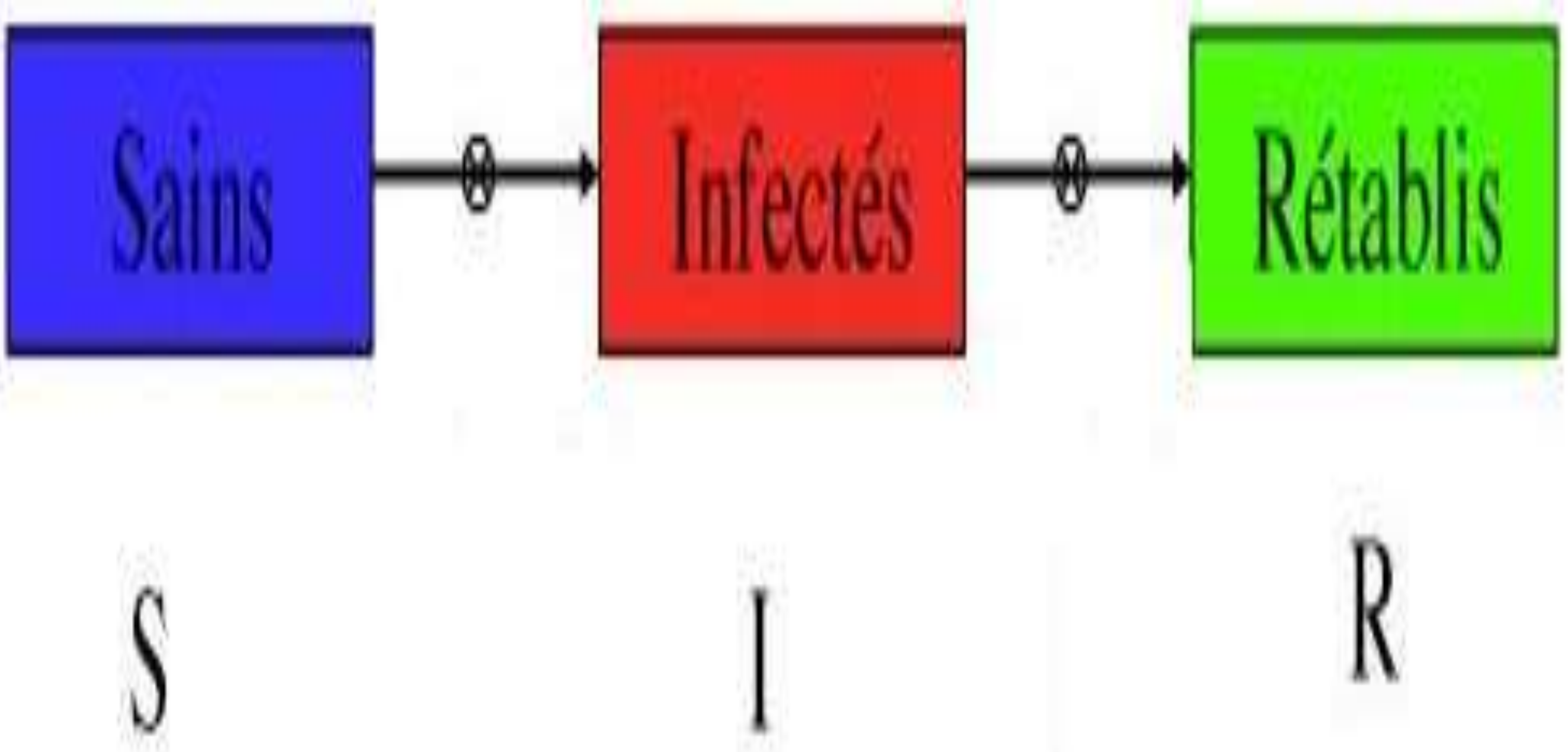


Les modèles compartimentaux SIR et SEIR sont deux modèles mathématiques qui consistent à diviser une population donnée en plusieurs compartiments (S pour saines, I pour infectées, E pour infectées non-infectieuses et R pour rétablies)



- **Ce modèle comporte trois catégories** les individus Sains (ou Susceptibles d’être infectés), les individus Infectés et les individus rétablis (*Recovered* en anglais).

- **Les hypothèses de ce modèle :**
  - ✓ La population totale est constante au cours du temps $S(t) + I(t) + R(t) = N$ c'est-à-dire on ne prend pas en considération les morts et les nouveau-nés
  - ✓ Une personne rétablie ne pourrait plus être réinfectée ou infecter un autre.



Sains
Infectés
Rétablis
S
I
R

$$\frac{dS}{dt} = \Lambda - \beta(1-\alpha)(1-\delta)SI - \alpha S$$
$$\frac{dI}{dt} = \beta(1-\alpha)(1-\delta)SI - \gamma I - \delta I$$
$$\frac{dR}{dt} = \gamma I + \alpha S + \delta I$$
$$N = S + I + R$$
$$S(0) > 0, I(0) > 0, R(0) > 0$$

- **$0 \leq \alpha < 1$**: le taux de confinement des susceptibles
- **$0 \leq \delta < 1$**: le taux de l'isolation des infectieuses
- Λ **:** le nombre de naissances
- β désigne le taux de contagion
- γ désigne le taux de guérison

A l'aide des hypothèses du modèle SIR le système d'équations devient :

$$\frac{dS}{dt} = -\beta S I$$

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

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

Déterminons alors l'expression de β et de γ

En intégrant la première et la troisième équations entre 0 et$+\infty$

$$\log\left(S(+\infty)\right) - \log\left(S(0)\right) = -\beta \int_0^{+\infty} I(t)dt$$

$$R(+\infty) - R(0) = \gamma \int_0^{+\infty} I(t)dt$$

D'après les conditions initiales :

On a la population saine égale à la population totale S(0)=1 et R(0)=0 (au début de l'épidémie)

Alors nous obtenons

$$\beta = -\frac{\log\left(S(+\infty)\right)}{\int_0^{+\infty} I(t)dt}$$

$$\gamma = \frac{R(+\infty)}{\int_0^{+\infty} I(t)dt}$$

Si on prend par exemple le cas du : Covid19, période du 8 – 19 Mars du Maroc

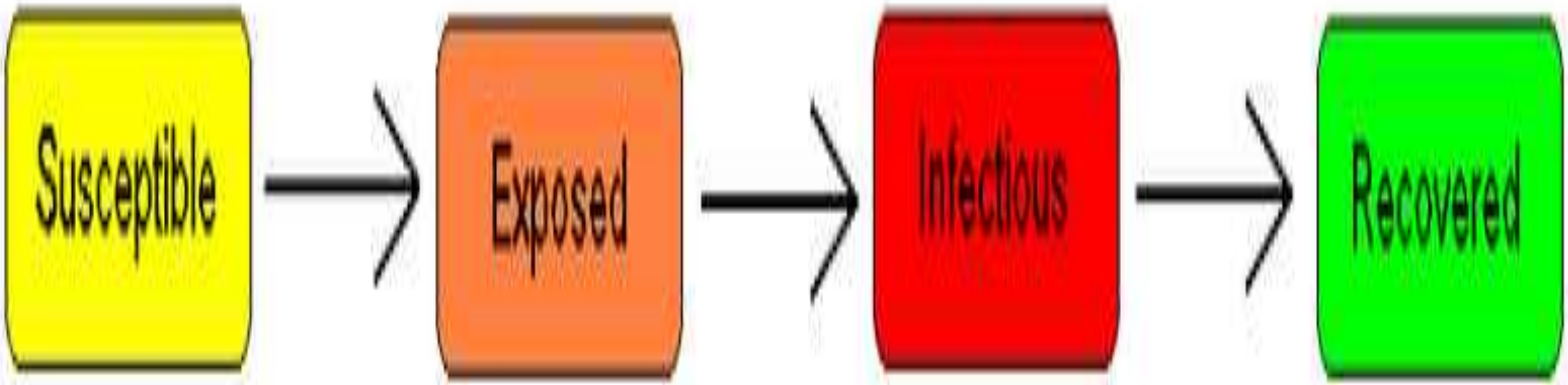
Figure(1) : Régression linéaire calculé sur la période de 8 mars au 19 mars sans confinement et sans isolation (les statistiques déclarées par le ministère de la santé, Maroc).

https://hal.archives-ouvertes.fr/hal-02543953

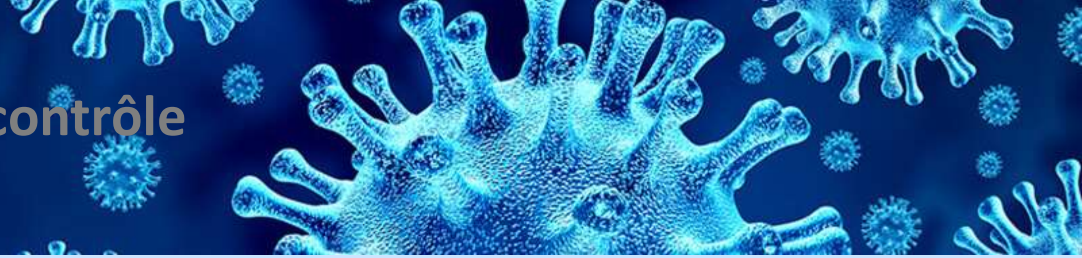
Avec $\begin{cases} P = 34000000 \\ S(19) = \end{cases}$ **Alors** $$\beta = -\frac{\log\left(\frac{S(19)}{S(8)}\right)}{\int_{8}^{19} I(t)\,dt} = 1{,}1$$

- **Ce modèle comporte trois catégories:** les individus Sains (ou Susceptibles d'être infectés), les individus Infectés, les individus **infectés non-infectieux** (***exposed en anglais***) et les individus rétablis (*Recovered* en anglais).

- **Les hypothèses de ce modèle :**
  - Une nouvelle sous-population est ajoutée : les personnes infectées non-infectieuses (*exposed*), qui ne sont donc pas contagieuses
  - La population totale est constante au cours du temps $S(t) + I(t) + R(t)+E(t) = N$



Susceptible
Exposed
Infectious
Recovered



$$\frac{dS}{dt} = -aS\frac{I}{N}$$

$$\frac{dE}{dt} = aS\frac{I}{N} - bE$$

$$\frac{dI}{dt} = bE - cI$$

$$\frac{dR}{dt} = cI$$

- a :le taux de transmission
- b :le taux d’incubation
- c :le taux de guérison
- N = S(t) + E(t) + I(t) + R(t)

Déterminons alors l'expression de a et de c

$$\frac{d\log S(t)}{dt} = -\frac{a}{N} I(t)$$

Donc en intégrant de t =0 à t = +∞,

$$\log S(+\infty) - \log S(0) = -\frac{a}{N}\int_0^{+\infty} I(t)dt$$

Au début de l'épidémie, personne n'est encore dans le compartiment R, donc R(0) = 0

$$R(+\infty) = c\int_0^{+\infty} I(t)dt$$

Quand $t \to +\infty$, l'epidemie finit par s'arrêter de sorte que $E(t)$ et $I(t)$ tendent vers 0 alors $S(+\infty)$

$$+R(+\infty) = N$$

$$N - R(+\infty) = N\exp\left(-\frac{a}{c} \times \frac{R(+\infty)}{N}\right)$$

$$a = -N \frac{\log \frac{S(+\infty)}{N}}{\int_0^{+\infty} I(t)dt}$$

$$c = \frac{R(+\infty)}{\int_0^{+\infty} I(t)dt}$$

Si on prend l'exemple du coronavirus en France entre le 25 février et le 27 mars 2020.

FIGURE 1 – a) Nombre cumulé de cas détectés en France entre le 25 février et le 27 mars 2020, d'après Santé publique France. b) Logarithme népérien du nombre cumulé de cas et droites de régression linéaire.

https://hal.archives-ouvertes.fr/hal-02509142

On suppose que les malades ne tardent pas à être isolés. Ainsi $c = 1$ par jour

$$a = -N \frac{\log \frac{S(27)}{N}}{\int_{25}^{27} I(t)dt} = 2{,}2$$

Le nombre de reproduction de base, R0, est défini comme le nombre attendu de cas secondaires produits par une seule infection (typique) dans une population complètement sensible

$$R_0 \text{ est un seuil}$$

$$\begin{cases} R_0 > 1 \rightarrow \text{épidémie} \\ R_0 < 1 \rightarrow \text{pas d'épidémie, l'infection ne peut pas s'installer} \end{cases}$$

État de la population : $(x_i),\ i = 1, \dots n$. **Dynamique** :

$$\frac{dx_i}{dt} = \dot{x}_i = \mathcal{F}_i(x) + \mathcal{V}_i^+(x) - \mathcal{V}_i^-(x),$$

avec

- $\mathcal{F}_i(x)$: vitesse d'apparition des nouveaux infectés en i, *i.e.* ce qui provient des autres compartiments et entre en i suite à une infection.
- $\mathcal{V}_i^+(x)$: ce qui entre en i pour toute autre cause ;
- $\mathcal{V}_i^-(x)$: ce qui sort du compartiment i.

x'=(F-V)x **avec**

$$F = \left[\frac{\partial F_i(x_0)}{\partial x_j}\right], V = \left[\frac{\partial V_i(x_0)}{\partial x_j}\right],$$

$$R_0 = \rho(FV^{-1})$$

On notera $\rho(A)$, *le rayon spectrale de la matrice A qui est définie, si* $Sp(A)$ *représente le spectre de A,*

par $\rho(A) = max\{|\mu| \mid \mu \in Sp(A)\}$

La matrice est appelée «matrice de la génération suivante (next-generation matrix) »

1. Modèle de KERMACK & MCKENDRICK SIR

Au début de la maladie aucune mesure n'ait été prise il n'y pas de confinement, $\alpha = \delta = 0$ et le nombre de naissances est relativement négligeable, $\Lambda = 0$

Les points d'équilibre du système .... sont $(0; 0)$ **et** $(\frac{\gamma}{\beta};0)$. **Et on a F = β et et V = γ**

$$R0 = \frac{\beta}{\gamma}$$

18 JOURS APRÈS LA DÉCOUVERTE DU PREMIER CAS(IMPORTÉ D'ITALIE), LE CONFINEMENT A ÉTÉ IMPOSÉE , ET LE VIRUS A POURSUIVI SON ÉVOLUTION SELON LE SYSTÈME ....

Supposons que $R_0 < 1$

-Le point d'équilibre sans maladie : $E0 = (S0;\, 0) = (\frac{\Lambda}{\alpha}, 0)$

-Le point d'équilibre avec maladie $E* = (S*;\, I*)$

$$S* = \frac{\gamma+\delta}{\beta(1-\alpha)(1-\delta)} \qquad ET \qquad I* = \frac{\Lambda-\alpha S*}{\gamma+\delta}$$

$$F = \begin{pmatrix} -\beta(1-\alpha)(1-\delta)I* & -\beta(1-\alpha)(1-\delta)S* \\ \beta(1-\alpha)(1-\delta)I* & \beta(1-\alpha)(1-\delta)S* \end{pmatrix} \quad \text{et} \quad V = \begin{pmatrix} \alpha & 0 \\ 0 & \gamma+\delta \end{pmatrix}$$

$$J(E) = \begin{pmatrix} -\beta(1-\alpha)(1-\delta)I-\alpha & -\beta(1-\alpha)(1-\delta) \\ 0 & \beta(1-\alpha)(1-\delta)S-\gamma-\delta \end{pmatrix}$$

$$J(E0) = \begin{pmatrix} -\alpha & -\beta(1-\alpha)(1-\delta)\frac{\Lambda}{\alpha} \\ 0 & \beta(1-\alpha)(1-\delta)\frac{\Lambda}{\alpha}-\gamma-\delta \end{pmatrix}$$

L'équation caractéristique est définie par:

$$\Delta = (\lambda + \alpha)(\lambda - \beta(1 - \alpha)(1 - \delta)\frac{\Lambda}{\alpha} + \gamma + \delta) = 0$$

Et les valeurs propres sont $\lambda 1 = -\alpha < 0$, $\lambda 2 = \beta (1 - \alpha) (1 - \delta)\frac{\Lambda}{\alpha} - \gamma - \delta < 0$

Supposons que $R_0 > 1$

$$J(E*)=\begin{pmatrix} -\beta(1-\alpha)(1-\delta)I*-\alpha & -\beta(1-\alpha)(1-\delta)S* \\ \beta(1-\alpha)(1-\delta)I* & -\beta(1-\alpha)(1-\delta)S*-\gamma-\delta \end{pmatrix}$$

$$J(E*)=\begin{pmatrix} -\beta(1-\alpha)(1-\delta)I*-\alpha & -(\gamma+\delta) \\ \beta(1-\alpha)(1-\delta)I* & 0 \end{pmatrix}$$

L'équation caractéristique est donnée par :

$$\Delta 1 = \lambda (\lambda + \beta (1 - \alpha)(1 - \delta)I^* + \alpha) + \beta(1 - \alpha)(1 - \delta)I^*(\gamma + \delta)$$

Comme $tr (J(E*)) < 0$ et $\det (J(E*)) > 0$

Le point d'équilibre endémique $E*$ est localement asymptotiquement stable.

2.Le modèle S-E-I-R

Au début de l'épidémie, le nombre de cas reste très petit par rapport à la population totale de sorte que S(t) $\simeq$ N ,donc le système …….devient :

$$\frac{dE}{dt} \cong aI - bE \qquad \frac{dI}{dt} \cong bE - cI$$

l'épidémie tend donc a croitre exponentiellement comme exp(λt), où λ est la plus grande valeur propre de la matrice : $\begin{pmatrix} -b & a \\ -b & -c \end{pmatrix}$

$$\lambda = \frac{-(b+c) + \sqrt{(b+c)^2 - 4b(c-a)}}{2} = \frac{-(b+c) + \sqrt{(b-c)^2 + 4ab}}{2}$$

Imaginons que des mesures de santé publique puissent diviser le taux de contact effectif par un nombre k qui soit supérieur à 1. Combien doit valoir au minimum k pour arrêter l’épidémie ? Cette valeur de k, traditionnellement est R0. Lorsque a est remplacé par $a' = a/R0$, le nouveau taux de croissance de l’épidémie λ' doit être nul, ce qui d’après l’équation $c - a/R0 = 0$ ce qui donne $R0 = a/c$

Pour contrôler l'épidémie, il faut nécessairement poser des stratégies bien étudiés et bien maitrisée. Les modèles SIR et SEIR ne sont pas valables pour cette étude, car elles négligent quelques paramètres qui ont une grande importance dans ce sens. Alors on introduit une autre modèle, discret en temps avec comme pas de temps le jour, qui nous donne deux versions découplées : mortalité-mortalité et infection-infection

I. Représentation du modèle :

On définit tous les paramètres et les notations utilisés :

- **P : la taille de la population.**
- **$(J_n)_{n \geq 1}$ la suite des jours ultérieures à ce jour de départ.**
- **S_n : le nombre d'individus sains à la du n-ème jour.**
- **I_n : le nombre d'individus infectés à l'issu des n premiers jours.**
- **D_n le nombre total de décès dus à l'épidémie et survenus les n premiers jours.**
- **R_n le nombre d'individus rétablis à l'issue des n premiers jours**
- **A_n le nombre d'individus qui ont été admis ou ayant séjourné en réanimation ou en soins intensifs une partie des n premiers jours (en raison de l'épidémie).**
- **$(A^*)_n$ le nombre de places occupées en réanimation ou en soins intensifs à la fin du n-ème jour (par des malades touchés par l'épidémie).**
- **C_n le taux de reproduction journalier, il diminue quand des mesures drastiques sont appliquées pour freiner l'épidémie, et augmente quand on assouplie ces mesures.**

On peut déduire les égalités suivantes :

- In = In –In-1, le nombre d'infections survenus le n-ème jour
- dn = Dn − Dn−1, le nombre de décès survenus le n-ème jour
- an = An − An−1, le nombre d'individus admis en réanimation le n-ème jour.
- $$In = \sum_{K=0}^{n} i_k \quad Dn = \sum_{K=0}^{n} d_k \quad An = \sum_{K=0}^{n} a_k$$

On définit les délais et les coefficients caractéristiques de l'épidémie :

- l ≥ 1 désigne la durée (maximale) de contagiosité observée (en jours)
- m ≥ 1 désigne le nombre minimal de jours séparant l'infection de la contagiosité.
- r ≥ 1 désigne le délai moyen entre l'infection et le décès.
- t est le délai moyen entre l'infection et l'admission en réanimation.
- p la durée moyenne passée en réanimation.
- s le temps de guérison moyen après infection
- α est le taux de mortalité par infection (IFR), ce taux est supposé constant.
- β est le taux d'admission en réanimation par infection.
- $\lambda_0, \ldots, \lambda_{l-1}$ sont des coefficients positifs indépendants de n de somme égale à 1.

D'après l'étude illustré dans l'annexe B on constate que :

$$d_n = C_{n-r}(1 - \frac{D_{n-1}}{\propto P}) \sum_{K=0}^{l-1} \lambda_k d_{n-m-k} \; pour \; n \geq 0 \quad (3.1.1)$$

On se place dans les premiers périodes de l'épidémie, on peut considérer que le nombre des décès est négligeable devant la taille de la population, d'où l'équation devient

$$d_n \approx C_{n-r} \sum_{K=0}^{l-1} \lambda_k d_{n-m-k} \; pour \; n \geq 0 \quad (3.1.2)$$

On peut calculer le nombre d'individus infectés et le nombre de places occupés en ranimation facilement par les deux relations suivantes :

$$D_n = \propto I_{n-r} \; pour \; tout \; n \geq 0 \quad (3.1.3)$$

$$A^*_n = \gamma(D_{n+r-t} - D_{n+r-(t+p)} \; pour \; tout \; n \geq 0 \quad (3.1.4)$$

Avec $\gamma = \frac{\beta}{\alpha}$

Comme, $d_n = \alpha\, i_{n-r}$ **alors on peut établir la relation suivante de la version infection-infection :**

$$i_n = c_n\left(1 - \frac{I_{n-1}}{p}\right)\sum_{k=0}^{l-1} \lambda_k i_{n-m-k} \quad (3.1.5)$$

Donc le nombre des individus rétablis est :

$$R_n = I_{n-s}(1-\alpha) = \left(\frac{1}{\alpha} - 1\right) D_{n+r-s} \quad (3.1.6)$$

II. détermination des délais cliniques, des coefficients de transmission, le taux de mortalité par infection et le coefficient de proportionnalité γ :

- La durée d'infection sans contagion : m = 2
- La durée de contagiosité : l= 17
- La durée moyenne entre l'infection et l'admission en réanimation : t= 17
- La durée moyenne passée en réanimation : p= 17
- La durée moyenne entre l'infection et le décès : r= 25
- Le temps de guérison moyen après infection : s= 22
- Les Coefficients de transmission du modèle : On les calcule en se basant sur une technique de moindres carrées.
- Le coefficient de proportionnalité : D'après (3.1.4) on peut affirmer que $\gamma = 0,94$

- **L'évolution du taux de reproduction journalier :**

III. L'analyse des divers scénarios :

On étudie sept scénarios différents numérotés de 1 à 7 pour les décisions prises afin de contrôler l'épidémie.

1. Scénario 1 : évolution de l'épidémie sans confinement

On impose une valeur à Cn égale à 1.3, et cela à partir du 17 mars 2020, la date de début de confinement dans la France, sachant que cette valeur est inférieure à la moyenne mesurée la semaine qui précède le confinement. Selon ce modèle, le confinement a évité à la France plus de 12470 décès au 11 mai 2020 qui est la date de la première déconfinement.

2. Scénario 2 : poursuite du confinement strict

On maintient une valeur de 0,83 pour Cn. Selon ce scénario on constate d'après la figure obtenue par ce modèle que le confinement strict a pu sauver environ 7000 personnes.

3. Scénarios à calendrier organisé :

Cette stratégie repose sur un déconfinement à semaine organisée qui consiste à imposer le confinement strict certains jours et un déconfinement modéré les autres jours. On travaille sur une durée W=7. Soit k, 0 ≤ k≤ W, le nombre de jours de déconfinement sur cette durée, avec Cdeconf ≥1 et les W-k jours restants sont des jours de confinement strict avec un taux de reproduction journalier Cconf ≤1. On impose Cconf = 0.83 et Cdeconf = 1.35 et α = 0.6% .

Scénario 3 : k=5

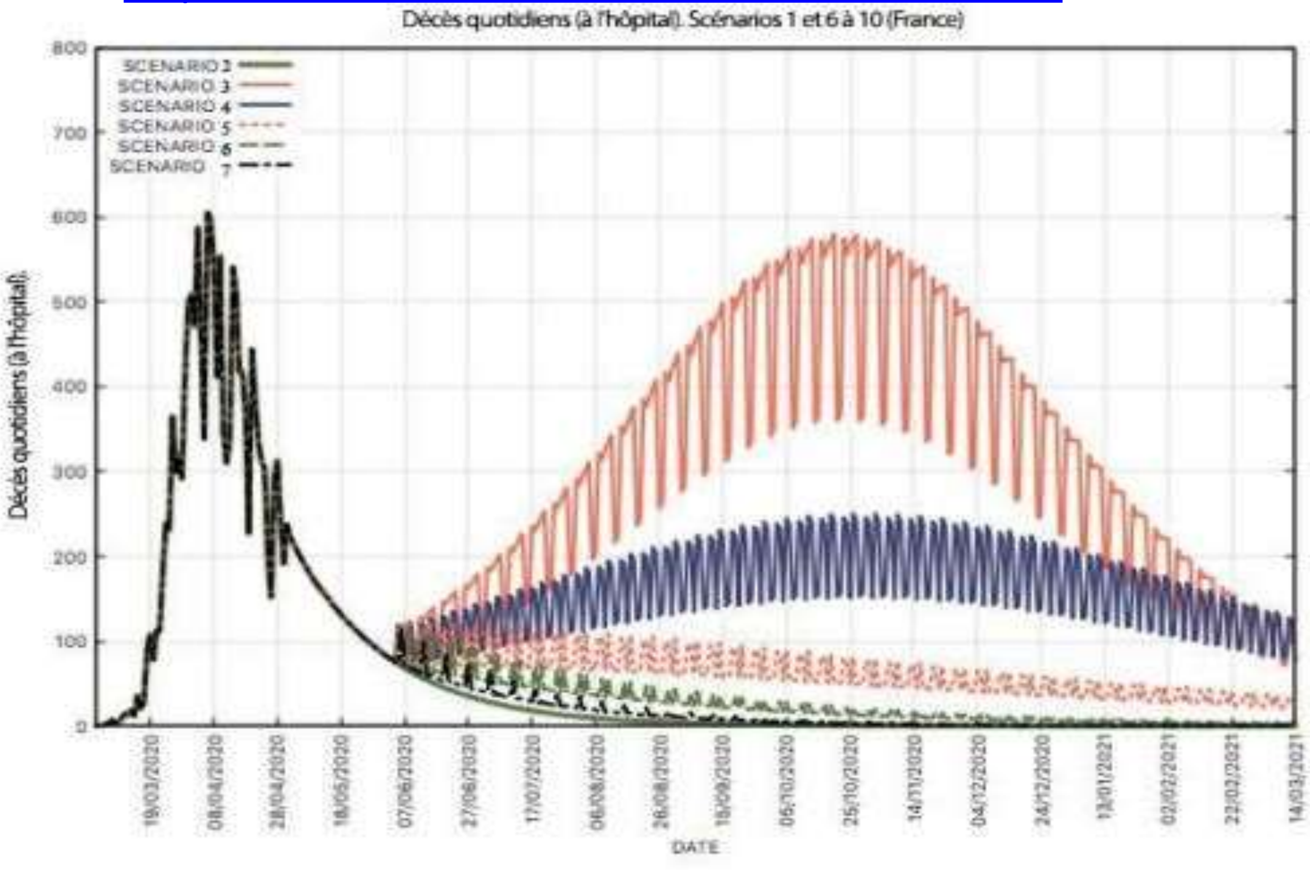
Scénario 6 : k=2

Scénario 4 : k=4

Scénario 5 : k=3

Scénario 7 : k=1

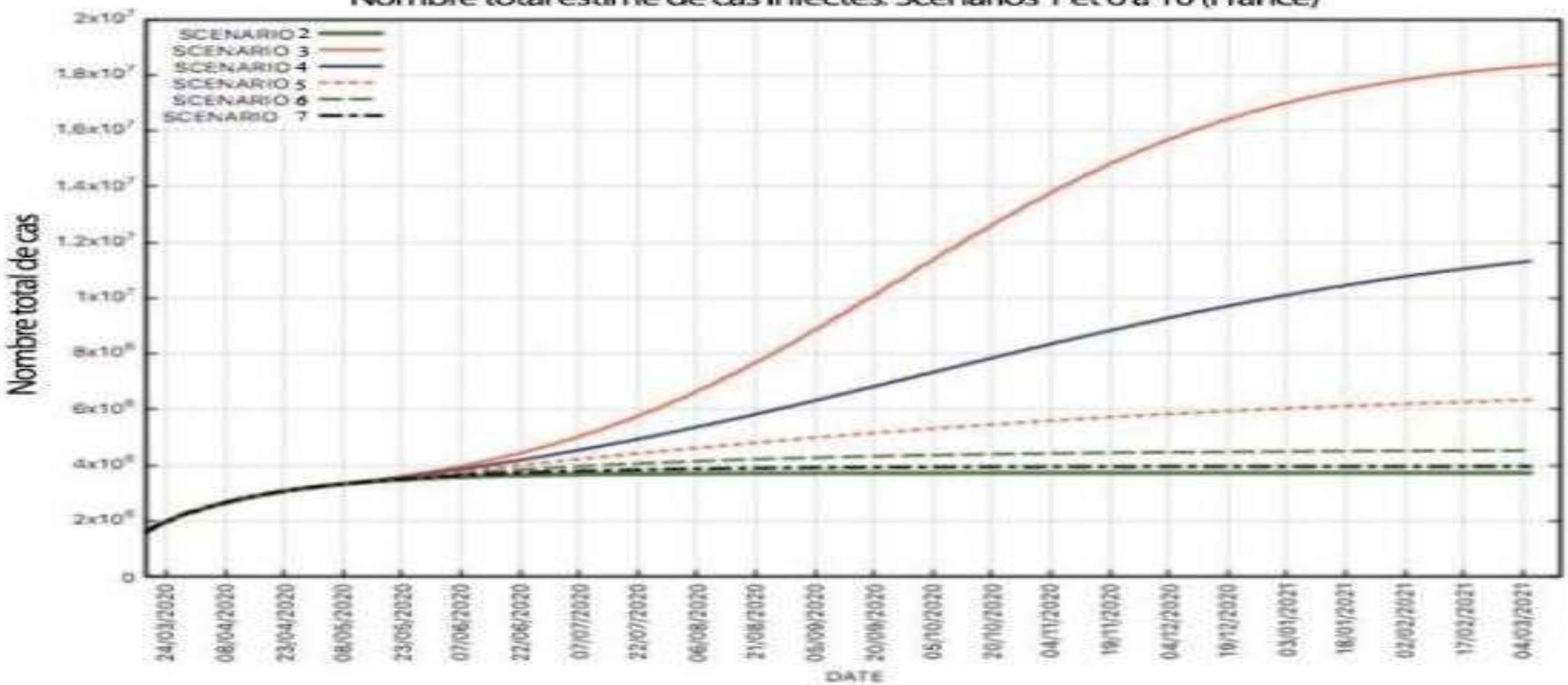
https://hal.archives-ouvertes.fr/hal-02561051v2



On déduit que l'épidémie commence à s'éteindre avec des vitesses différentes pour les scénarios 5,6 et 7. Cependant, l'épidémie repart en hausse à nouveau avec un pic atteint en fin octobre 2020. Le modèle proposée prédit que au 5 mars 2021 au moins 27.3% de la population française sera infectée, contre 16.75% pour 4 jours, 9.43% pour 3 jours, 6.74% pour 2 jours et 5.90% pour un jour de déconfinement.

https://hal.archives-ouvertes.fr/hal-02561051v2

Nombre total estimé de cas infectés. Scénarios 1 et 6 à 10 (France)



Pour déterminer le nombre de jours de confinement k nécessaire pour contrôler l'épidémie, il faut vérifier la relation suivante :

$$C_{moy} = \frac{(W-k)C_{conf}+kC_{deconf}}{W} \leqslant 1 \qquad (3.3.1)$$

D'où

$$0 \leqslant k \leqslant k_{+}(C_{conf}, C_{deconf}) \qquad (3.3.2)$$

Avec $$k_{+}(C_{conf}, C_{deconf}) = W\frac{1-C_{conf}}{C_{deconf}-C_{conf}} \qquad (3.3.3)$$

Pour pouvoir déconfiner au moins un jour par semaine, il faut que :

$$k_{+}(C_{conf}, C_{deconf}) \geqslant 1 \qquad (3.3.4)$$

Ce qui indique que :

$$C_{deconf} \leqslant C_{\star} \text{ où } C_{\star} = W - (W-1) * C_{conf}.$$

Dans un confinement hebdomadaire, on choisit Cconf= 0.83, on a alors:

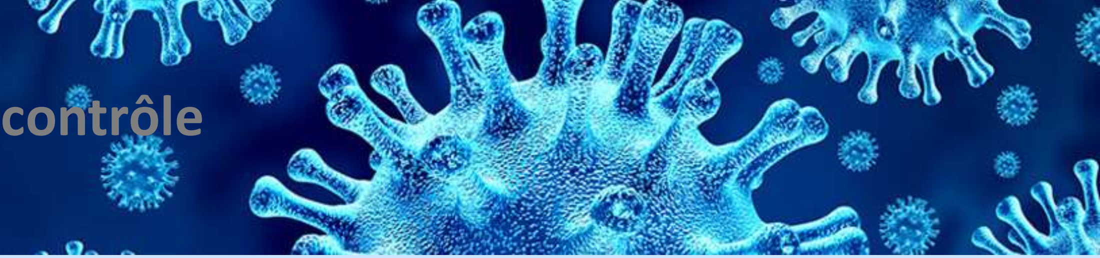
C_{conf}= 0.83, on a alors

$$k_{+}(C_{conf}, C_{deconf}) = \frac{1.19}{C_{deconf}-0.83} \qquad (3.3.5)$$

On conclut alors qu'un déconfinement hebdomadaire organisé permet de stabiliser l'épidémie si les deux conditions suivantes sont vérifiées :

- ✓ **un niveau de déconfinement ne dépassant pas la borne $C\star$, cela veut dire que Cdécon$\leq$ $C\star$**
- ✓ **un nombre de jour de déconfinement par semaine vérifiant (3.3.5)**

Merci pour votre attention !



SIR

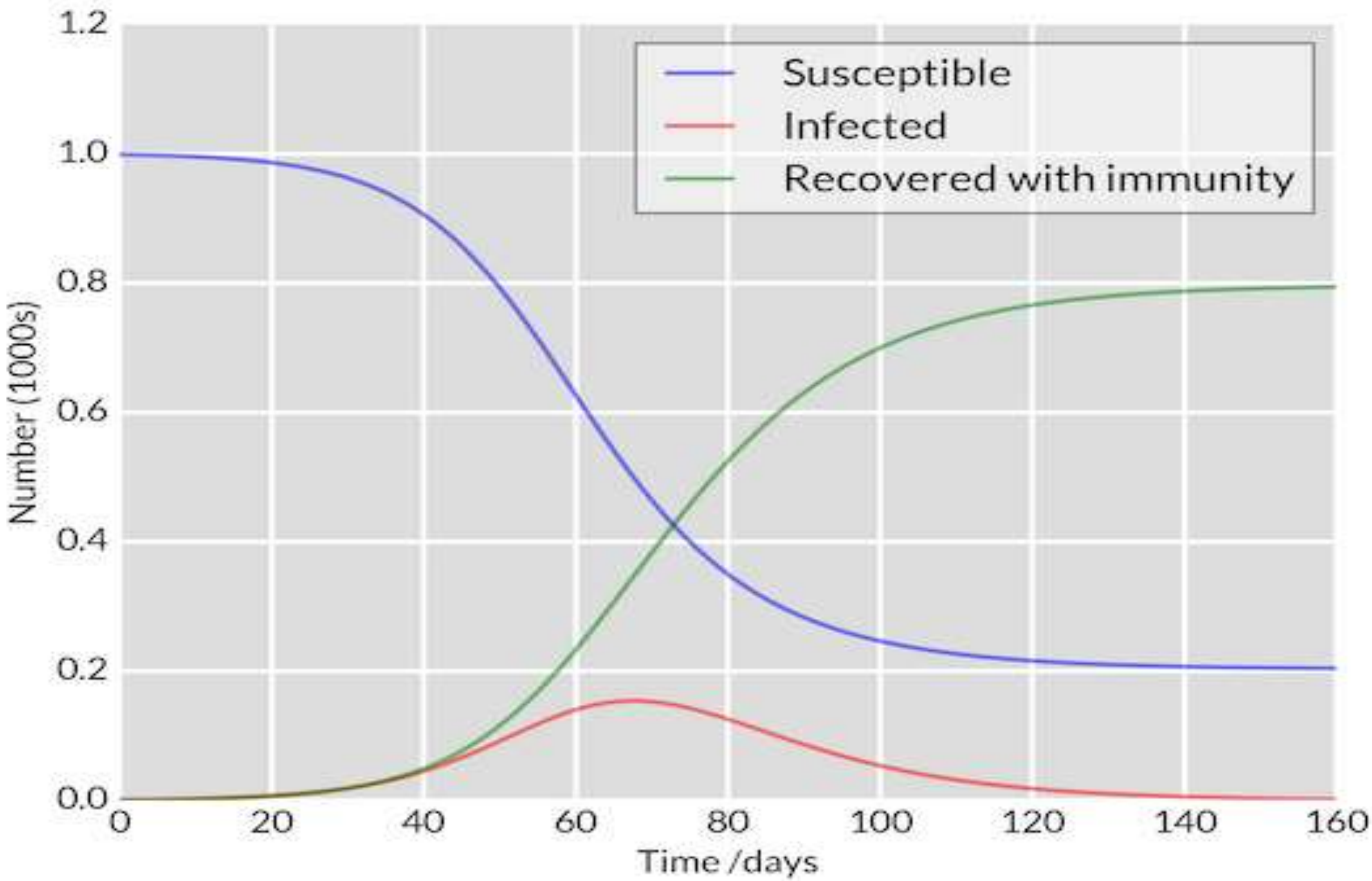
$$\frac{dS}{dt} = -\beta S I$$

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

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

```python
import numpy as np
from scipy.integrate import odeint
import matplotlib.pyplot as plt

# Total population, N.
N = 1000
# Initial number of infected and recovered individuals, I0 and R0.
I0, R0 = 1, 0
# Everyone else, S0, is susceptible to infection initially.
S0 = N - I0 - R0
# Contact rate, beta, and mean recovery rate, gamma, (in 1/days).
beta, gamma = 0.2, 1./10
# A grid of time points (in days)
t = np.linspace(0, 160, 160)

# The SIR model differential equations.
def deriv(y, t, N, beta, gamma):
    S, I, R = y
    dSdt = -beta * S * I / N
    dIdt = beta * S * I / N - gamma * I
    dRdt = gamma * I
    return dSdt, dIdt, dRdt

```

```python
# Initial conditions vector
y0 = S0, I0, R0
# Integrate the SIR equations over the time grid, t.
ret = odeint(deriv, y0, t, args=(N, beta, gamma))
S, I, R = ret.T

# Plot the data on three separate curves for S(t), I(t) and R(t)
fig = plt.figure(facecolor='w')
ax = fig.add_subplot(111, facecolor='#dddddd', axisbelow=True)
ax.plot(t, S/1000, 'b', alpha=0.5, lw=2, label='Susceptible')
ax.plot(t, I/1000, 'r', alpha=0.5, lw=2, label='Infected')
ax.plot(t, R/1000, 'g', alpha=0.5, lw=2, label='Recovered with immunity')
ax.set_xlabel('Time /days')
ax.set_ylabel('Number (1000s)')
ax.set_ylim(0,1.2)
ax.yaxis.set_tick_params(length=0)
ax.xaxis.set_tick_params(length=0)
ax.grid(b=True, which='major', c='w', lw=2, ls='-')
legend = ax.legend()
legend.get_frame().set_alpha(0.5)
for spine in ('top', 'right', 'bottom', 'left'):
    ax.spines[spine].set_visible(False)
plt.show()
```


Susceptible
Infected
Recovered with immunity
Number (1000s)
Time /days
1.2
1.0
0.8
0.6
0.4
0.2
0.0
0
20
40
60
80
100
120
140
160

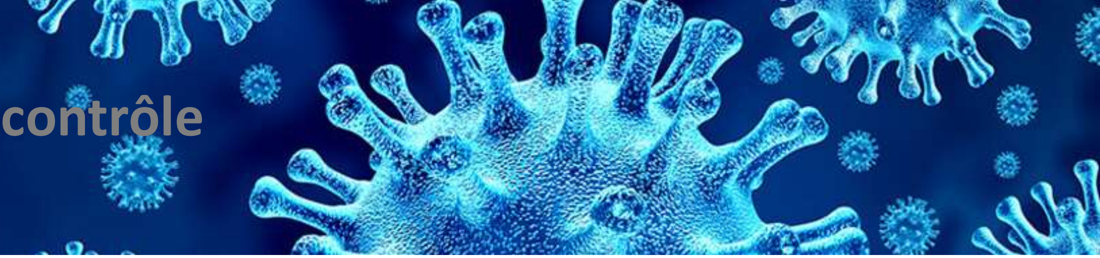
SEIR

$$\frac{dS}{dt} = -aS\frac{I}{N}$$

$$\frac{dE}{dt} = aS\frac{I}{N} - bE$$

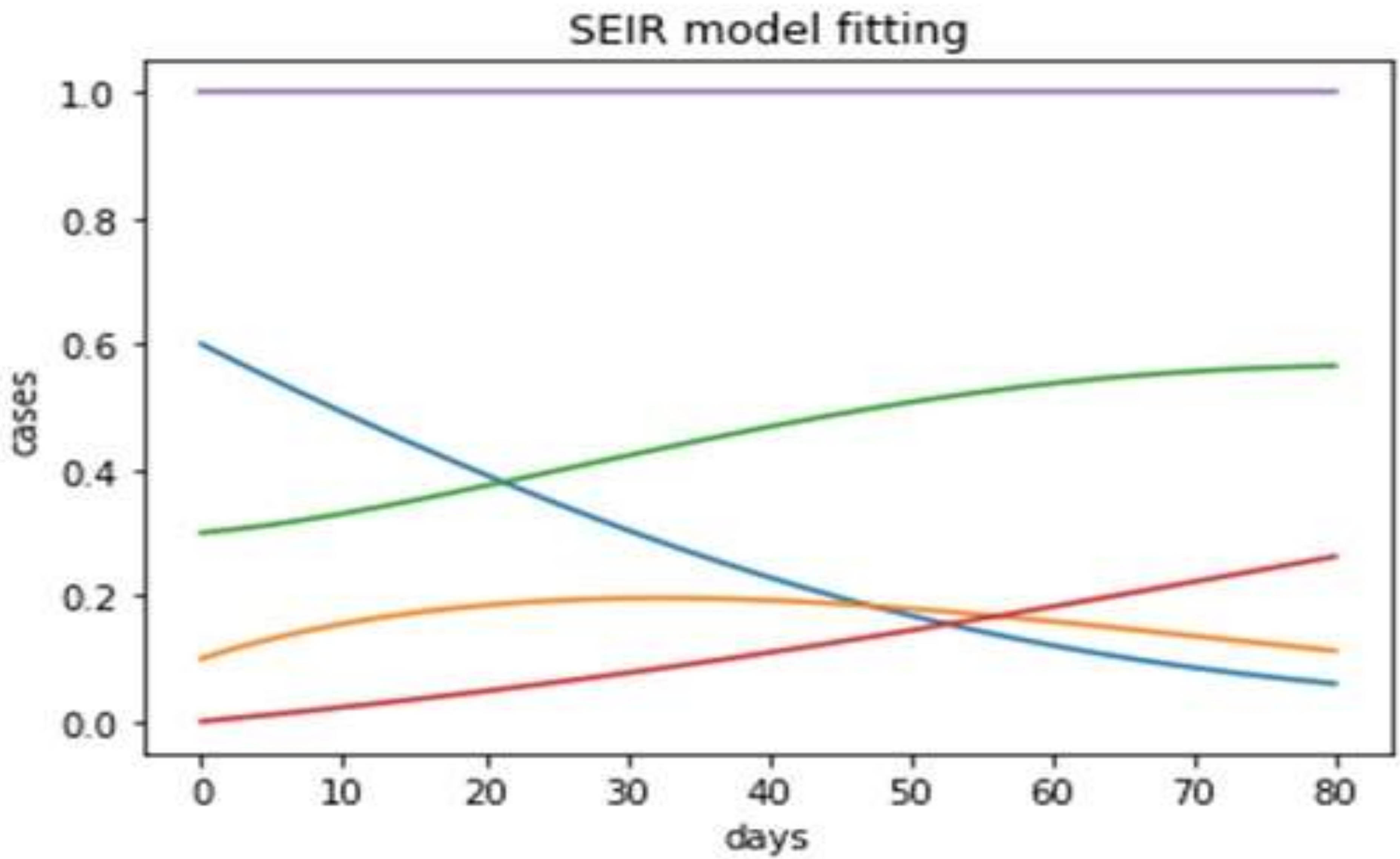
$$\frac{dI}{dt} = bE - cI$$

$$\frac{dR}{dt} = cI$$



```python
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
def RK4(f,t0,T,y0,N):
    h = T/ N
    t = np.linspace(t0,t0+T, N + 1).reshape(N+1,1)
    Z = np.zeros((N+1, y0.size))
    Z[0,:] = y0
    for i in range(1,N+1):
        k1 = h * f(t[i-1], np.transpose(Z[i-1,:]))
        k2 = h * f(t[i-1] +h/2, np.transpose(Z[i-1,:] +k1/2))
        k3 = h * f(t[i-1] +h/2, np.transpose(Z[i-1,:] +k2/2))
        k4 = h * f(t[i-1] +h, np.transpose(Z[i-1,:] +k3))
        Z[i,:] = Z[i-1,:] + h*(k1 + 2*k2 + 2*k3 + k4)/6
    return (t, Z)
def F(t,X):
    a=0.8
    b=0.5
    c=0.09
    N=X[0]+X[1]+X[2]+X[3]
    L=np.array([(-a*X[0]*X[2])/N,(a*X[0]*X[2])/N-b*X[1],b*X[1]-c*X[2],c*X[2]])
    return L
```

```
A,B=RK4(F,0,80,np.array([0.6,0.1,0.3,0.]),1000)
plt.xlabel('days')
plt.ylabel('cases')
plt.title('SEIR model fitting')
plt.plot(np.concatenate(A),B[:,0])
plt.plot(np.concatenate(A),B[:,1])
plt.plot(np.concatenate(A),B[:,2])
plt.plot(np.concatenate(A),B[:,3])
plt.plot(np.concatenate(A),B[:,0]+B[:,1]+B[:,2]+B[:,3])
plt.show()
```



SEIR model fitting
1.0
0.8
0.6
0.4
0.2
0.0
cases
0
10
20
30
40
50
60
70
80
days

ANNEXE B :

On note :

- θ_n la proportion de personnes saines à la fin du n-ème jours
- χ_n est le nombre moyen de personnes rencontrées par un individu infecté le n-ème jour.
- $p_0, \cdots, p_{l-1}$ sont des probabilités de transmission de la maladie.

On peut établir la relation :

$$\theta_{n-1} = \frac{S_{n-1}}{P - D_{n-1}}$$

En considèrent Dn-1 petit devant P alors la relation précèdent devient :

$$\theta_{n-1} = \frac{P - I_{n-1}}{P - D_{n-1}} \approx \frac{P - I_{n-1}}{P}$$

Les individus contagieux le jour n ce sont les individus infectés les k jours tel que k vérifie :

$$k + m \leqslant n < k + m + \ell$$

$$\text{c'est} - \text{à} - \text{dire } (n - (m + \ell)) < k \leqslant n - m.$$

Alors :

$$i_n = \sum_{k=n+1-(\ell+m)}^{n-m} p_{n-m-k}\theta_{n-1}\chi_n i_k$$

$$i_n = \chi_n \frac{P - I_{n-1}}{P} \sum_{k=n+1-(\ell+m)}^{n-m} p_{n-m-k} i_k \text{ pour } n \geqslant m$$

$$i_n = \chi_n \frac{P - I_{n-1}}{P} \cdot \sum_{k=0}^{\ell-1} p_k i_{n-m-k} \text{ pour } n \geqslant m$$

On pose :

$$\lambda_k = \frac{p_k}{\sum_{k=0}^{\ell-1} p_k} \text{ pour } 0 \leqslant k \leqslant \ell - 1$$

$$C_n = \chi_n \left(\sum_{k=0}^{\ell-1} p_k \right) = \chi_n \ell \bar{p}$$

Comme

$$i_n = \alpha^{-1} d_{n+r} \text{ pour tout } n \geqslant 0$$

Alors on déduit :

$$d_n = C_{n-r} \left(1 - \frac{D_{n-1}}{\alpha P}\right) \sum_{k}^{\ell-1} \lambda_k d_{n-m-k} \text{ pour } n \geqslant m + r$$