

# Capacité d'un vaccin à prévenir une épidémie dans une population

La modélisation mathématique est fréquemment utilisée pour évaluer notre gestion de l'épidémie. Elle a attiré ma curiosité surtout quand la vaccination a suscité une grande polémique. Cela me motive à traiter l'évolution d'une épidémie à travers des modèles mathématiques, tout en tenant compte de la vaccination.

Mon étude s'inscrit dans le thème de l'année dans le sens où elle vise à évaluer l'efficacité d'un vaccin avant de l'adopter. Ceci préviendra contre les situations sanitaires défavorables durant lesquelles l'épidémie n'est pas contrôlée même si toute la population est vaccinée.

## Positionnement thématique (ETAPE 1)

*MATHEMATIQUES (Mathématiques Appliquées), INFORMATIQUE (Informatique pratique).*

## Mots-clés (ETAPE 1)

Mots-Clés (en français)	Mots-Clés (en anglais)
<i>Efficacité d'un vaccin</i>	<i>Vaccin efficacy</i>
<i>Taux de reproduction de base</i>	<i>Basic reproduction number</i>
<i>Equilibre sans maladie</i>	<i>Desease free equilibrium (DFE)</i>
<i>Stabilité d'équilibre</i>	<i>stability of equilibria</i>
<i>Matrice de la prochaine génération</i>	<i>Next generation matrix</i>

## Bibliographie commentée

Il est nécessaire de comprendre la manière dont une épidémie se développe avant de chercher à l'éliminer. Il faut analyser tous les paramètres qui agissent sur sa propagation, en particulier, ceux qui dépendent de nos interventions comme l'efficacité du vaccin adopté. C'est ici que la modélisation intervienne en décrivant quantitativement la propagation de l'épidémie à travers des outils mathématiques.

En 1927 *William Ogilvy Kermack* et *Anderson Gray Mckendrick* développent le modèle compartimental **SIR** [1]. Ce modèle consiste à diviser la population en trois compartiments : les personnes susceptibles d'être contaminées, les personnes infectées, et les personnes rétablies. Le modèle est un système d'équations différentielles non linéaires qui donnent la variation temporelle du nombre de personnes dans chaque compartiment en fonction des paramètres de la population.

Le modèle **SIR** ne considère pas l'effet de la vaccination sur la modification du comportement de l'épidémie. C'est pour cela que je trouve intéressant d'utiliser le modèle **SVIR** [2]. Ce modèle contient un nouveau compartiment **V** pour les personnes vaccinées. De plus, Dans les équations du modèle **SVIR** on retrouve deux nouveaux coefficients : l'un désigne l'efficacité

biologique du vaccin adopté, et l'autre le taux de vaccination.

Les courbes issues des deux modèles décrivent un état où la situation épidémiologique est maintenue sans aucune personne infectée, c'est l'état d'équilibre sans maladie (DFE) [3]. Il faut que cet état d'équilibre soit stable, c'est-à-dire que l'introduction d'une nouvelle personne infectée lors de cet état d'équilibre ne conduit pas à la réanimation de l'épidémie.

Puisque l'objectif est de déterminer des conditions sur l'efficacité du vaccin, il suffit d'étudier la stabilité d'équilibre du modèle **SVIR** [2]. Pour ce faire, il faut étudier le comportement du modèle au voisinage de l'équilibre sans maladie (DFE) et tirer une condition sur sa stabilité. Laquelle condition imposera une valeur minimale sur l'efficacité du vaccin.

L'étude de la stabilité de l'équilibre sans maladie nécessite l'introduction d'un nombre célèbre en épidémiologie. C'est le **taux de reproduction de base** [3]. Il mesure le nombre moyen de contaminés que peut générer une seule personne infectée dans une population saine. Si ce nombre est inférieur strictement à un, l'équilibre précédent est stable, sinon il est instable. En effet, si une personne infectée ne contamine même pas une autre personne en moyenne, l'épidémie va s'éteindre. En revanche, il sera difficile de contrôler l'épidémie tant que le taux de reproduction de base est énorme.

Il se peut que dans le cas réel, l'efficacité du vaccin construit ne dépasse pas la valeur nécessaire à la stabilité de l'équilibre sans maladie. Par suite, les autorités sanitaires imposent des mesures de prévention. Le calcul du taux de reproduction de base pour les modèles qui tiennent compte de ces mesures peut devenir compliqué. Pour cela on utilise la méthode de p. van den Driesch et James Watmough qui s'appuie sur le calcul de la matrice **de la prochaine génération** [3] [4]. Les coefficients de cette matrice informent sur l'apparition de nouvelles personnes dans les compartiments infectés après introduction d'une personne contaminée dans l'un des compartiments. Selon p. *Van Den Driesch* et *James Watmough* le **taux de reproduction de base** est le rayon spectral de cette matrice [3].

## Problématique retenue

Il s'agira de calculer l'efficacité minimale du vaccin à adopter pour pouvoir exterminer le virus. Puis conclure si le processus de vaccination est insuffisant et nécessite alors l'intervention de mesures sanitaires supplémentaires.

## Objectifs du TIPE

Je me propose :

- D'étudier les modèles SIR [1] et SVIR [2], et de comparer les effets de leurs paramètres sur la propagation du virus.
- De calculer le taux de reproduction de base en fonction des paramètres du modèle SVIR [2],

et en déduire l'efficacité minimale du vaccin à adopter.

- D'établir un modèle mathématique décrivant la propagation du virus en tenant compte des mesures sanitaires. Puis appliquer la méthode de *p. van den Driessche* et *James Watmough* à ce modèle pour déterminer le taux de reproduction de base associé.

## Références bibliographiques (ETAPE 1)

- [1] FLORENCE D'EBARRE : SIR models of epidemics Level 1 module in "Modelling course in population and evolutionary biology" : *Theoretical Biology Institute of Integrative Biology ETH Zurich*
- [2] RAYMOND KENNETH SMITH, ALEAH ARCHIBALD, ELIJAH MACCARTHY, LIPING LIU, AND NICHOLAS S. LUKE : A Mathematical Investigation of Vaccination Strategies to Prevent a Measles Epidemic : *North Carolina Journal of Mathematics and Statistics, Volume 2, pages 31-32, (2016), 2380-753*
- [3] P. VAN DEN DRIESCHE, JAMES WATMOUGH : Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission : *Mathematical Biosciences, (2002), pages 30-34*
- [4] DERDEI BICHARA : Étude de modèles épidémiologiques : Stabilité, observation et estimation de paramètres : *HAL open science, (2013), pages 137-139*

## DOT

- [1] Juillet 2021 : Étude du modèle SIR décrit en [1]. Et estimation des valeurs de ses paramètres.
- [2] Août 2021 : Résolution du problème de conversion, du format Excel en SQL, d'une base de données contenant les nombres des nouveaux infectés par jour. Puis visualisation de ses données en comparaison avec le modèle SIR
- [3] Octobre 2021 : Étude du modèle SVIR décrit en [2] qui prend en considération la vaccination. Et estimation des valeurs de ses paramètres.
- [4] Novembre 2021 : Étude de la méthode de *p. Van Den Driessche* et *James Watmough* [3] [4] qui permet le calcul de taux de reproduction de base.
- [5] Janvier 2022 : Analyse de la stabilité de l'équilibre sans maladie du modèle SVIR, pour en conclure une condition sur l'efficacité du vaccin.
- [6] Février 2022 : construction d'un modèle qui prend en considération : à la fois la vaccination, et la mutation du virus. Puis l'analyse de son équilibre sans maladie à l'aide de la méthode de *p. Van Den Driessche* et *James Watmough* [3] [4].
- [7] Février 2022 : Ajout des mesures sanitaires au modèle afin d'assurer la stabilité de l'équilibre sans maladie.