

**TIPE 2021**

**Thème : Les enjeux sociétaux**

# La modélisation mathématique des épidémies

## THE MATH OF CORONAVIRUS

**Mohamed El Hajjami**

**Code CNC: TA018M**

# Introduction

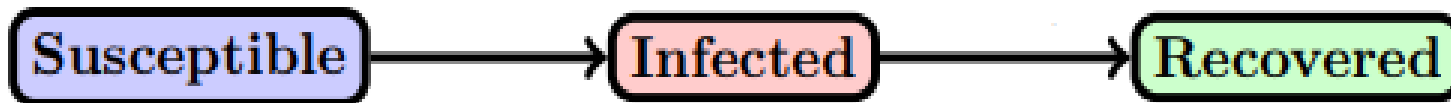
**Modèle épidémiologique** : c'est une représentation de la réalité épidémique sous forme d'équations ou de lois mathématiques. La résolution de ces équations (ou ces lois) permet de **comprendre**, de **reproduire** et de **prédire** les aspects essentiels de l'épidémie à un certain niveau de précision.

## **Les objectifs visés par la modélisation de l'épidémie :**

- Reproduire la dynamique temporelle.
- Développer des stratégies non pharmaceutiques de contrôle de l'épidémie.
- Pouvoir planifier les besoins en soins intensifs.
- Pouvoir évaluer et estimer l'impact des mesures prises pour contrôler l'épidémie.

Nous avons présenté les deux modèles mathématique SIR (susceptibles-infectés-Retirées) et SEIR (Susceptibles-Exposées-infectés-Retirées) pour étudier la dynamique de la propagation du Covid 19.

# Le modèle SIR



Il s'agit du modèle proposé par Kermack et McKendrick qui suppose que la population est divisée en trois classes distinctes:

- Susceptible (S) : cette classe regroupe les personnes susceptibles de contracter la maladie.
- Infected (I) : il s'agit des personnes étant capables de transmettre la maladie, que des symptômes soient visibles ou non.
- Recovered (R): cette dernière classe représente les personnes ayant eu la maladie, n'étant plus capables ni de la transmettre ni de contracter à nouveau

$$\frac{dS}{dt} = \Lambda - \beta(1 - \alpha)(1 - \delta)SI - \alpha S$$

1

$$\frac{dI}{dt} = \beta(1 - \alpha)(1 - \delta)SI - \gamma I - \delta I$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I + \alpha S + \delta I$$

$$N = S + I + R = \text{constante si } \Lambda = 0$$

$$S(0) > 0; I(0) > 0; R(0) = 0$$

- $\Lambda$  : la densité de naissances des susceptibles
- $\alpha$ : le taux de confinement des susceptibles
- $\delta$  : le taux d'isolation des infectieuses
- $\beta$  : le taux de contact effectif
- $\gamma$  : le taux de guérison

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,  $\Lambda = 0$ . On obtient la simplification

$$1.1 \quad \begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta SI \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I \end{cases}$$

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

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

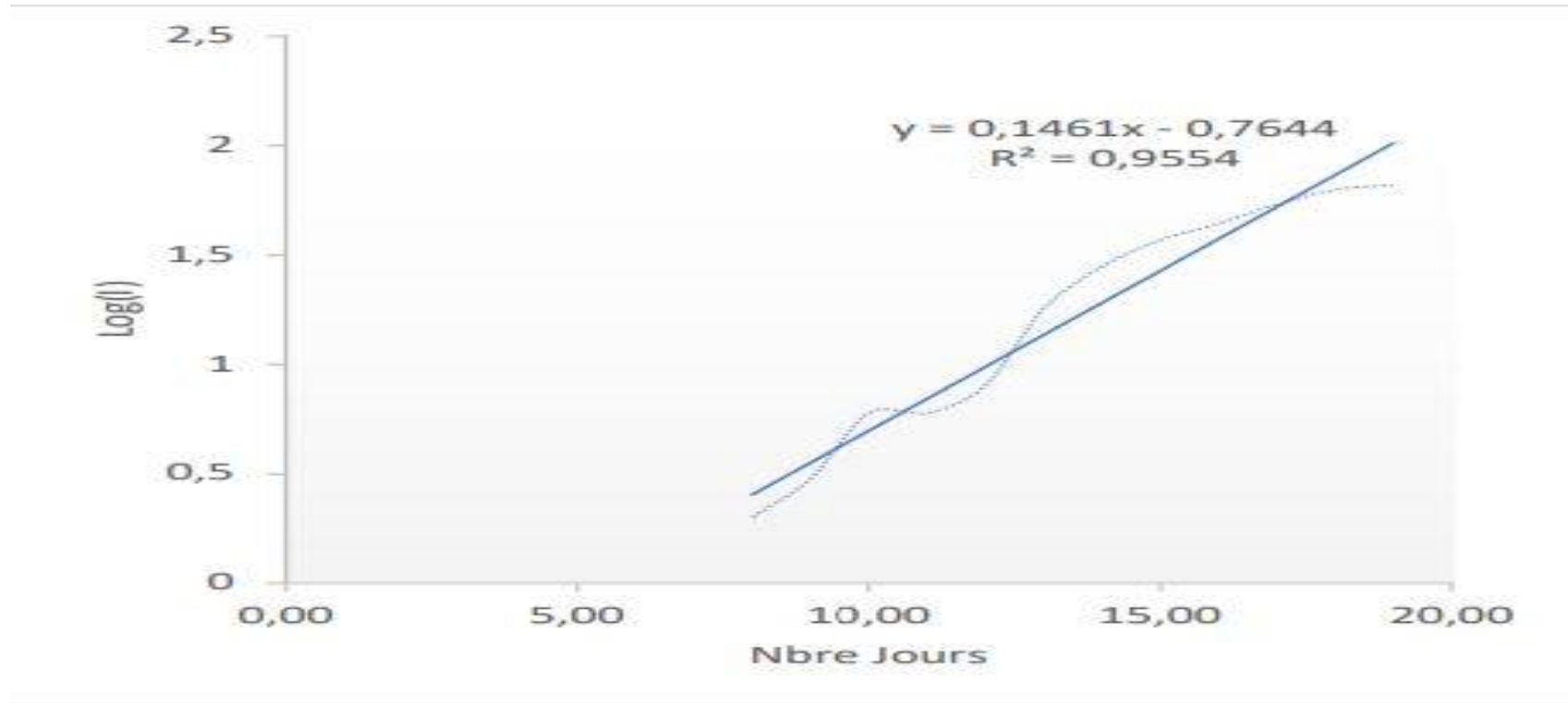
$$R(+\infty) - R(0) = \gamma \int_0^{+\infty} I(t) dt$$

*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.*

$$\beta = -\frac{\log(S(+\infty))}{\int_0^{+\infty} I(t) dt} \quad \text{et} \quad \gamma = \frac{R(+\infty)}{\int_0^{+\infty} I(t) dt}$$

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

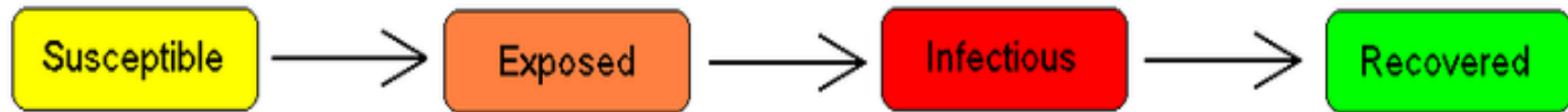


*Figure(1) : Régression linéaire calculé sur la période de 8 mars au 19 mars sans confinement et sans isolation (les statistiques déclarées par le ministère de la santé, Maroc).*

On intègre la première équation entre 8 et 19 jours on obtient :

$$\beta = -\frac{\log\left(\frac{S(19)}{S(8)}\right)}{\int_8^{19} I(t)dt} = 1.1$$

# Le modèle SEIR



*Il est une extension du modèle SIR qui instaure la possibilité que les personnes contaminées ne soient pas directement contagieuses, en ajoutant une classe de personnes dites exposées et notée E.*

*On suppose La population totale est constante au cours du temps*

$$S(t) + I(t) + R(t) + E(t) = N.$$

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -aS \frac{I}{N} \\ \frac{dE}{dt} &= aS \frac{I}{N} - bE \\ \frac{dI}{dt} &= bE - cI \\ \frac{dR}{dt} &= cI\end{aligned}$$

- $a$  : le taux de contact effectif
- $b$  : le taux auquel les personnes infectées deviennent infectieuses
- $c$  : le taux auquel les personnes infectieuses sont isolées



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

*En intégrant entre 0 et  $+\infty$  :*

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

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

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

Par ailleurs, on a à tout instant  $S(t) + E(t) + I(t) + R(t) = N$ . Quand  $t \rightarrow +\infty$ , l'épidémie finit par s'arrêter de sorte que  $E(t)$  et  $I(t)$  tendent vers 0. A la limite, il ne reste donc que les personnes qui ont échappé à l'épidémie et celles qui ont été infectées mais qui sont passées dans le compartiment 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 on peut écrire :

$$\textcircled{2-1} \quad \frac{dE}{dt} \simeq a I - b E, \quad \frac{dI}{dt} \simeq b E - c I.$$

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

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

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

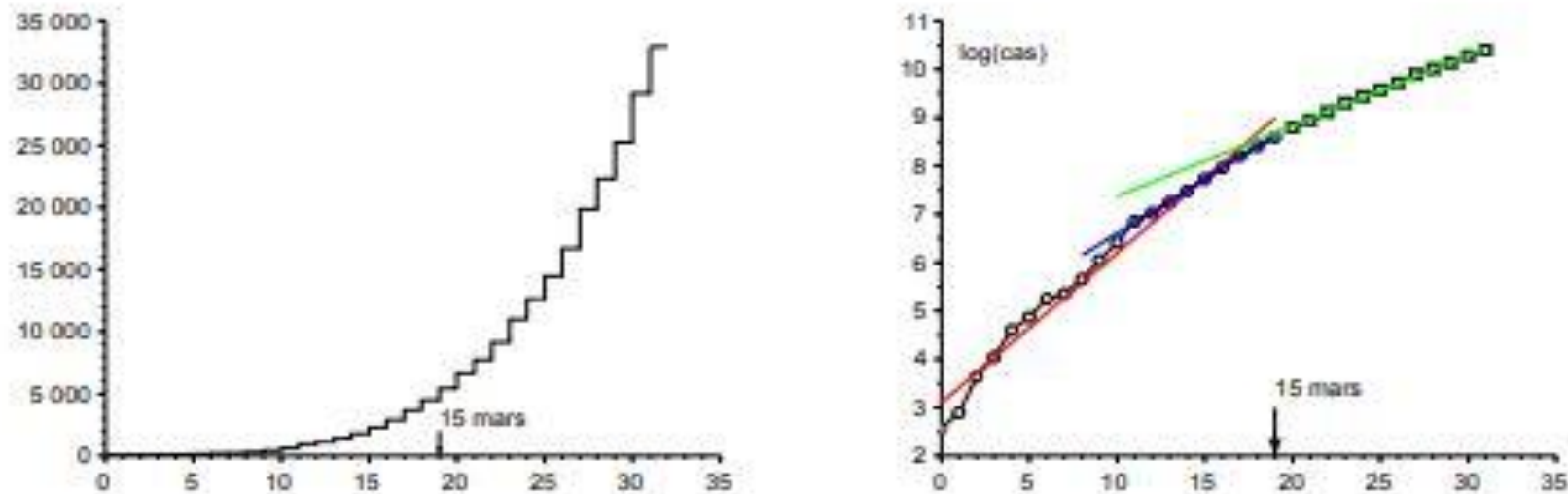


FIGURE 1 – a) Nombre cumulé de cas détectés en France entre le 25 février et le 27 mars 2020, d'après Santé publique France. b) Logarithme népérien du nombre cumulé de cas et droites de régression linéaire.

Après une durée de l'apparition du virus plusieurs pays ont pris des mesures drastiques pour que le nouveau taux de contact effectif soit réduit à 0.

On suppose que cette durée est suffisamment grande pour que le système 2-1 admet pour solution :

$$E(t) \simeq ue^{\lambda t}, \quad I(t) \simeq ve^{\lambda t}, \quad R(t) \simeq we^{\lambda t}$$

Où  $(u,v)$  est un vecteur propre associé à la plus grande valeur propre  $\lambda$  de la matrice  $\begin{pmatrix} -b & a \\ b & -c \end{pmatrix}$

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

# Calcul de $R_0$

Le nombre de reproduction de base,  $R_0$ , est défini comme le nombre attendu de cas secondaires produits par une seule infection (typique) dans une population complètement sensible.  $R_0$  est un seuil :

–  $R_0 > 1 \rightarrow \textit{épidémie}$

–  $R_0 < 1 \rightarrow \textit{pas d'épidémie, l'infection ne peut pas s'installer}$

**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 $i$ .

$$\dot{x} = (F - V) x \quad \text{avec} \quad F = \left[ \frac{\partial F_i(x_0)}{\partial x_j} \right], V = \left[ \frac{\partial V_i(x_0)}{\partial x_j} \right],$$

On a par definition :

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

On notera  $\rho(A)$ , le *rayon spectral* de la matrice de la matrice  $A$  qui est définie, si  $\text{Sp}(A)$  représente le spectre de  $A$ , par :

$$\rho(A) = \max\{ |\lambda| \mid \lambda \in \text{Sp}(A) \}$$

La matrice  $FV^{-1}$  est appelée « **matrice de la génération suivante** (next-generation matrix) ».

# 1. Modèle de KERNACK & MCKENDRICK SIR

Les points d'équilibre du système 1-1 sont  $(0; 0)$  et  $(\frac{\gamma}{\beta}, 0)$  et on a  $F = \beta$  et  $V = \gamma$

Donc  $R_0 = \frac{\beta}{\gamma}$

Dans le cas du Maroc 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 1 :

-Le point d'équilibre sans maladie :  $E_0 = (S_0; 0) = (\frac{\Lambda}{\alpha}, 0)$

-Le point d'équilibre avec maladie  $E_* = (S^*, I^*)$

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

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

$$R_0 = \frac{\Lambda\beta(1 - \alpha)(1 - \delta)}{\alpha(\gamma + \delta)}$$

- Supposons  $R_0 < 1$

1- Le point d'équilibre endémique n'existe pas et le point d'équilibre sans maladie est le seul du système.

2- Le point d'équilibre  $E_0$  est localement asymptotiquement stable.

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

$$J(E_0) = \begin{pmatrix} -\alpha & -\beta(1-\alpha)(1-\delta)\frac{\Lambda}{\alpha} \\ 0 & -\beta(1-\alpha)(1-\delta)\frac{\Lambda}{\alpha} - \gamma - \delta \end{pmatrix}$$

L'équation caractéristique est définie par:  $(\lambda + \alpha)(\lambda - \beta(1-\alpha)(1-\delta)\frac{\Lambda}{\alpha} + \gamma + \delta) = 0$

et les valeurs propres sont  $\lambda_1 = -\alpha < 0$  et  $\lambda_2 = \beta(1-\alpha)(1-\delta)\frac{\Lambda}{\alpha} - \gamma - \delta < 0$

- Supposons  $R_0 > 1$

Dans ce cas  $E^*$  existe et on a

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

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

L'équation caractéristique est donnée par :

$$\lambda^2 - \text{tr}(J(E^*))\lambda + \det(J(E^*)) = 0$$

Comme  $\text{tr}(J(E^*)) < 0$  et  $\det(J(E^*)) > 0$

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



## 2. Modèle SEIR

D'après ce qui précède l'épidémie tend donc à croître exponentiellement comme  $\exp(\lambda t)$ , où  $\lambda$  est la plus grande valeur propre de la matrice :  $\begin{pmatrix} -b & a \\ b & -c \end{pmatrix}$

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  $R_0$ . Lorsque  $a$  est remplacé par  $a' = a/R_0$ , le nouveau taux de croissance de l'épidémie  $\lambda'$  doit être nul, ce qui d'après l'équation  $c - a/R_0 = 0$ .

$$\text{donne } R_0 = \frac{a}{c}$$

# Stratégie de contrôle

Pour contrôler l'épidémie, il faut nécessairement poser des stratégies bien étudiées et bien maîtrisées. 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 un autre modèle, discret en temps avec comme pas de temps le jour, qui nous donne deux versions découplées : mortalité-mortalité et infection-infection

## 1.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  $n$ -ème jour.
- $I_n$  : le nombre d'individus infectés à l'issue 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 assouplit ces mesures.

On peut déduire les égalités suivantes :

- $i_n = I_n - I_{n-1}$ , le nombre d'infections survenus le  $n$ -ème jour
- $d_n = D_n - D_{n-1}$ , le nombre de décès survenus le  $n$ -ème jour
- $a_n = A_n - A_{n-1}$ , le nombre d'individus admis en réanimation le  $n$ -ème jour.
- $I_n = \sum_{k=0}^n i_k$  ;  $D_n = \sum_{k=0}^n d_k$ ;  $A_n = \sum_{k=0}^n a_k$

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

- $\ell \geq 1$  désigne la durée (maximale) de contagiosité observée (en jours)
- $m \geq 1$  désigne le nombre minimal de jours séparant l'infection de la contagiosité.
- $r \geq 1$  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
- $\alpha$  est le taux de mortalité par infection (IFR), ce taux est supposé constant.
- $\beta$  est le taux d'admission en réanimation par infection.
- $\lambda_0, \dots, \lambda_{l-1}$  sont des coefficients positifs indépendants de  $n$  de somme égale à 1.

Ils sont les coefficients de transmission qui décrivent la contagiosité d'un individu infecté durant les  $m+1$  jours qui suivent son infection

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

$$d_n = C_{n-r} \left(1 - \frac{D_{n-1}}{\alpha P}\right) \sum_{k=0}^{\ell-1} \lambda_k d_{n-m-k} \text{ pour } n \geq 0 \quad (3.1.1)$$

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 :

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

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

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

$$A_n^* = \gamma (D_{n+r-t} - D_{n+r-(t+p)}) \text{ pour tout } n \geq 0 \quad (3.1.4) \text{ Avec } \gamma = \frac{\beta}{\alpha}$$

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

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

Donc le nombre des individus rétablis est :

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

## 2.détermination des délais cliniques, des coefficients de transmission, le taux de mortalité par infection et le coefficient de proportionnalité $\gamma$ :

- La durée d'infection sans contagion :

$$m=2$$

- La durée de contagiosité :

$$\ell=17$$

- 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 :

$$s=22$$

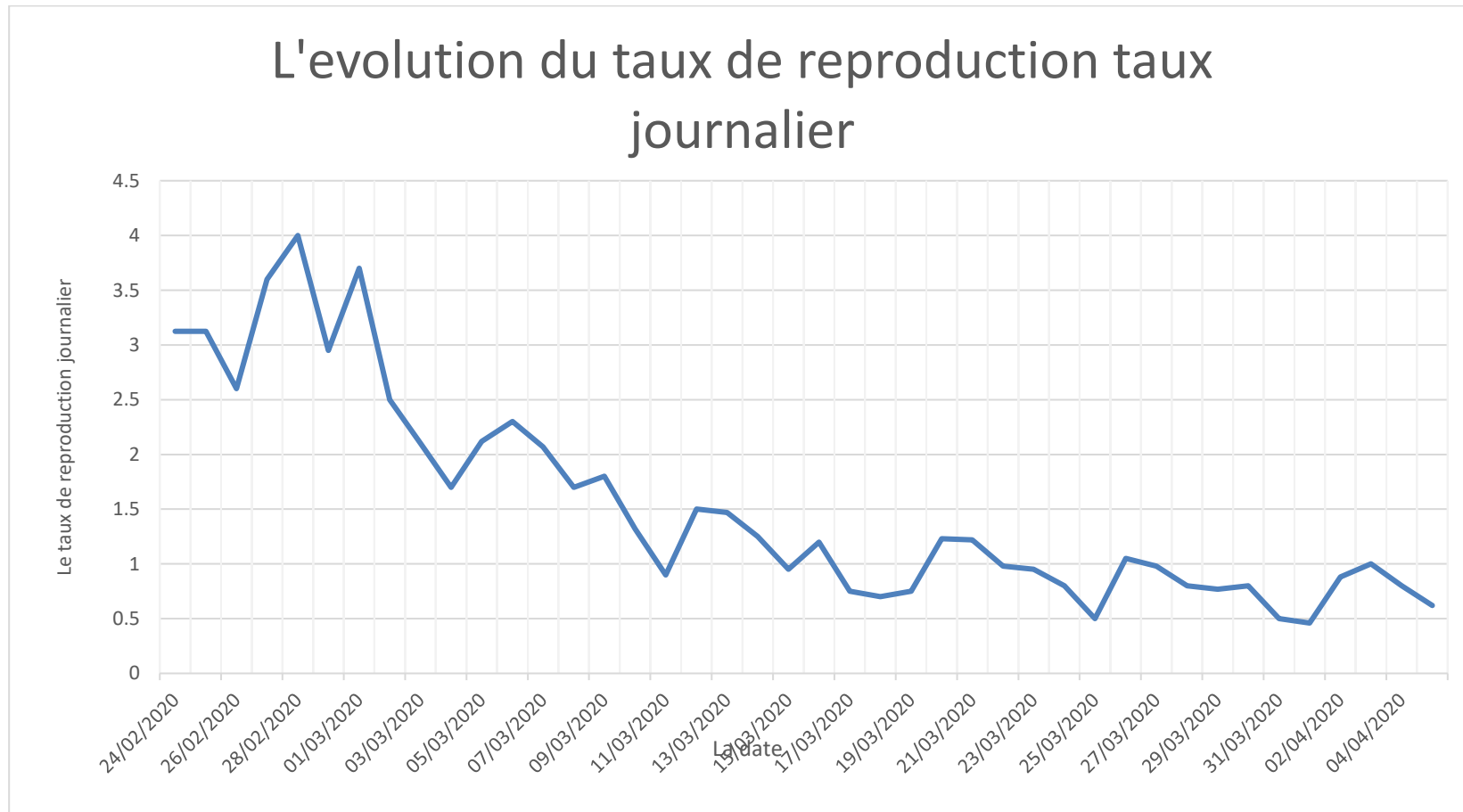
- Les Coefficients de transmission du modèle :

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 :

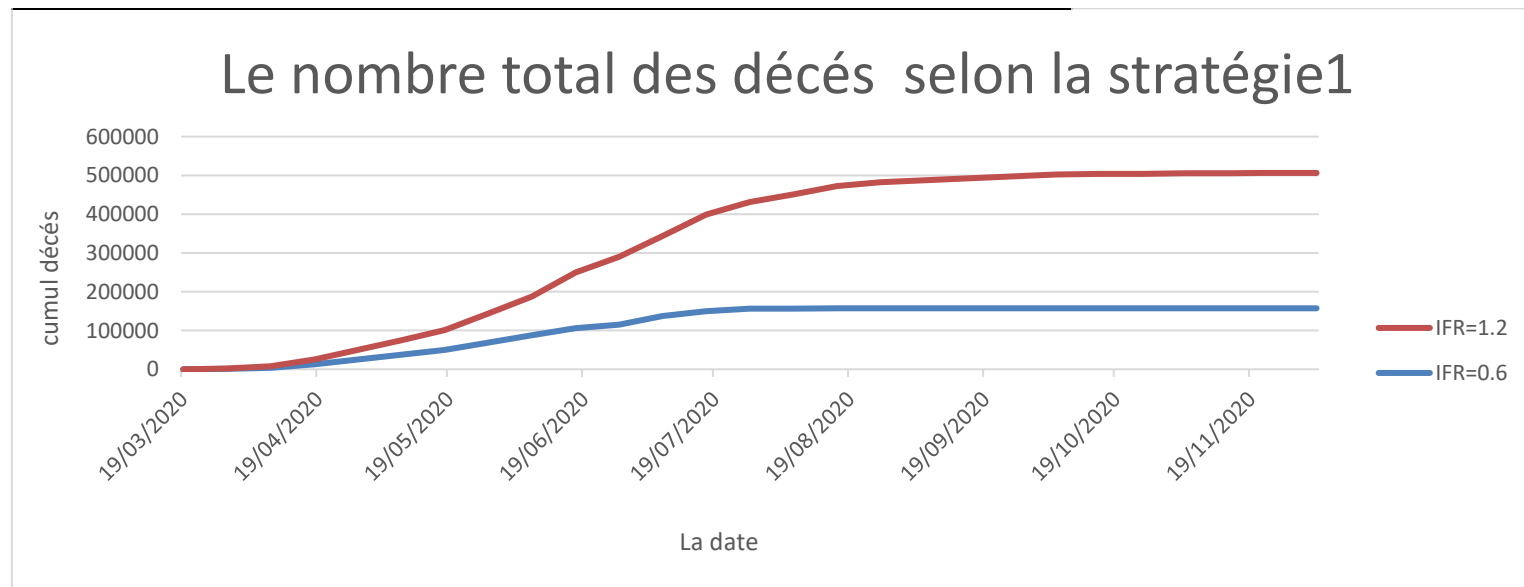


### 3.L'analyse des divers scénarios :

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

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

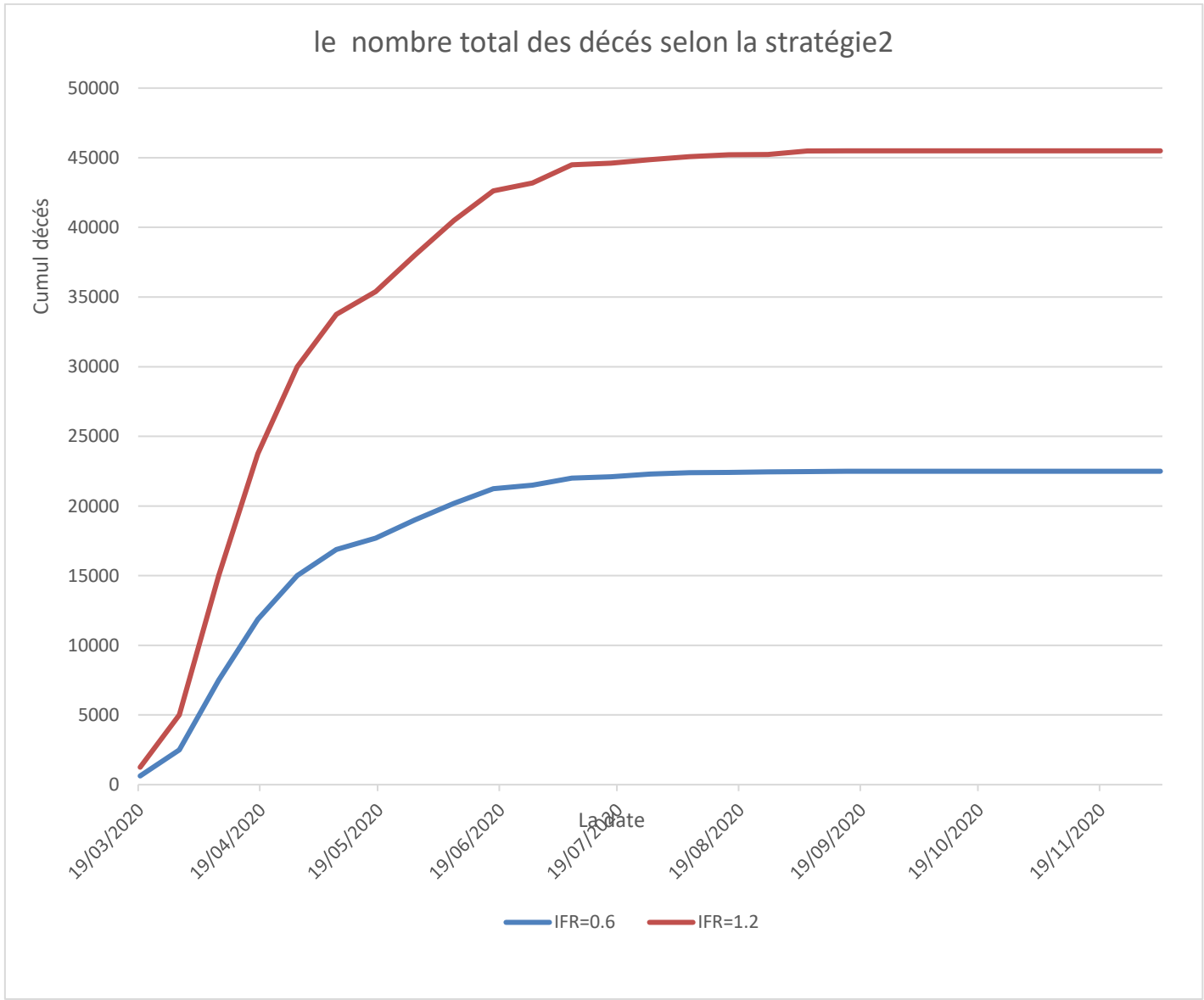
On impose une valeur à  $C_n$  égale à 1.3, et cela à partir du 17 mars 2020, la date de début de confinement dans la France, sachant que cette valeur est inférieure à la moyenne mesurée la semaine qui précède le confinement. Selon ce modèle, le confinement a évité à la France plus de 12470 décès au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





## II. 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.



### iii. 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  $k$ ,  $0 \leq k \leq W$ , le nombre de jours de déconfinement sur cette durée, avec  $C_{\text{deconf}} \geq 1$  et les  $W-k$  jours restants sont des jours de confinement strict avec un taux de reproduction journalier  $C_{\text{conf}} \leq 1$ .

On impose  $C_{\text{conf}} = 0.83$  et  $C_{\text{deconf}} = 1.35$  et  $\alpha = 0.6\%$

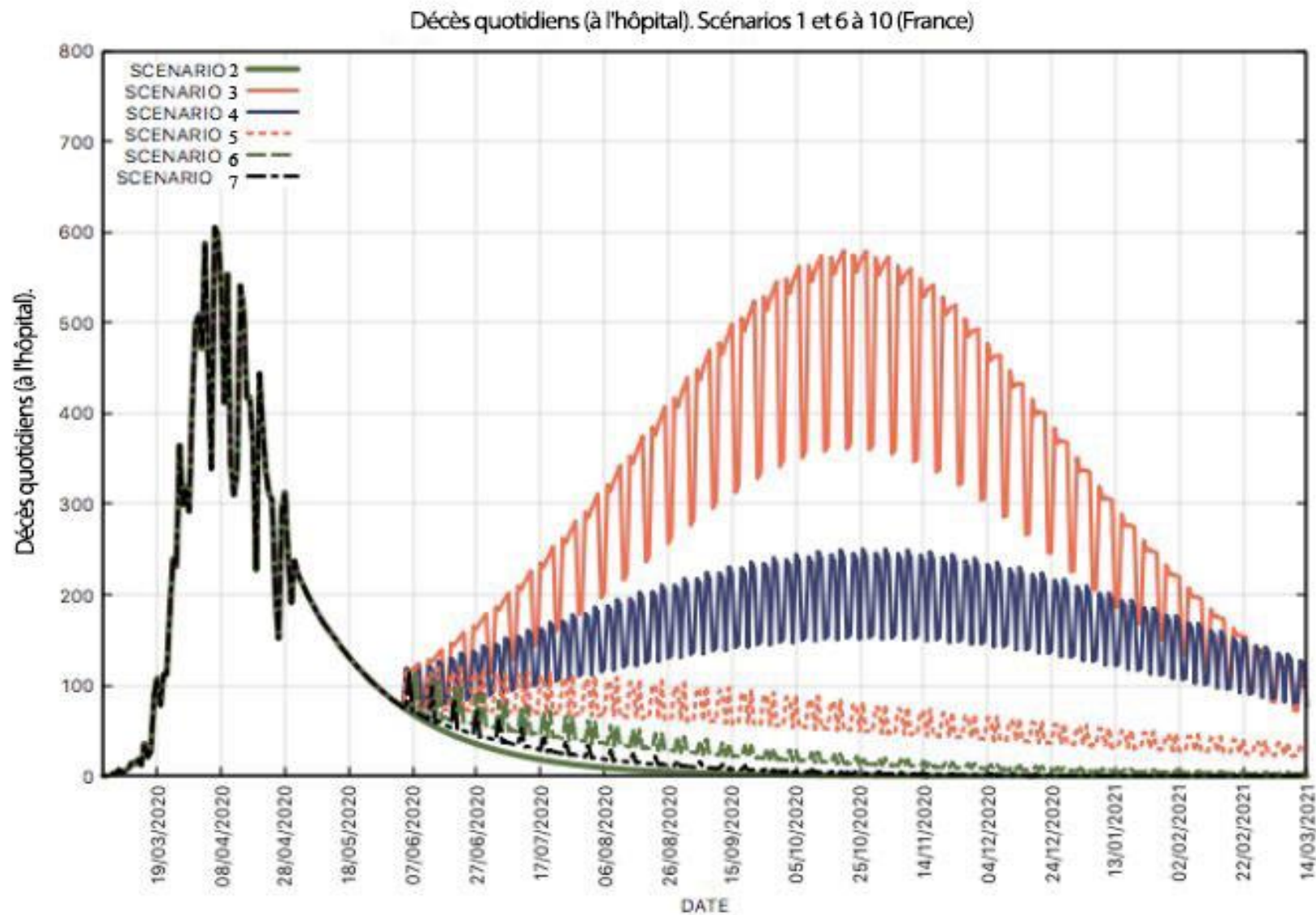
Scénario 3:  $k=5$

Scénario 6:  $k=2$

Scénario 4:  $k=4$

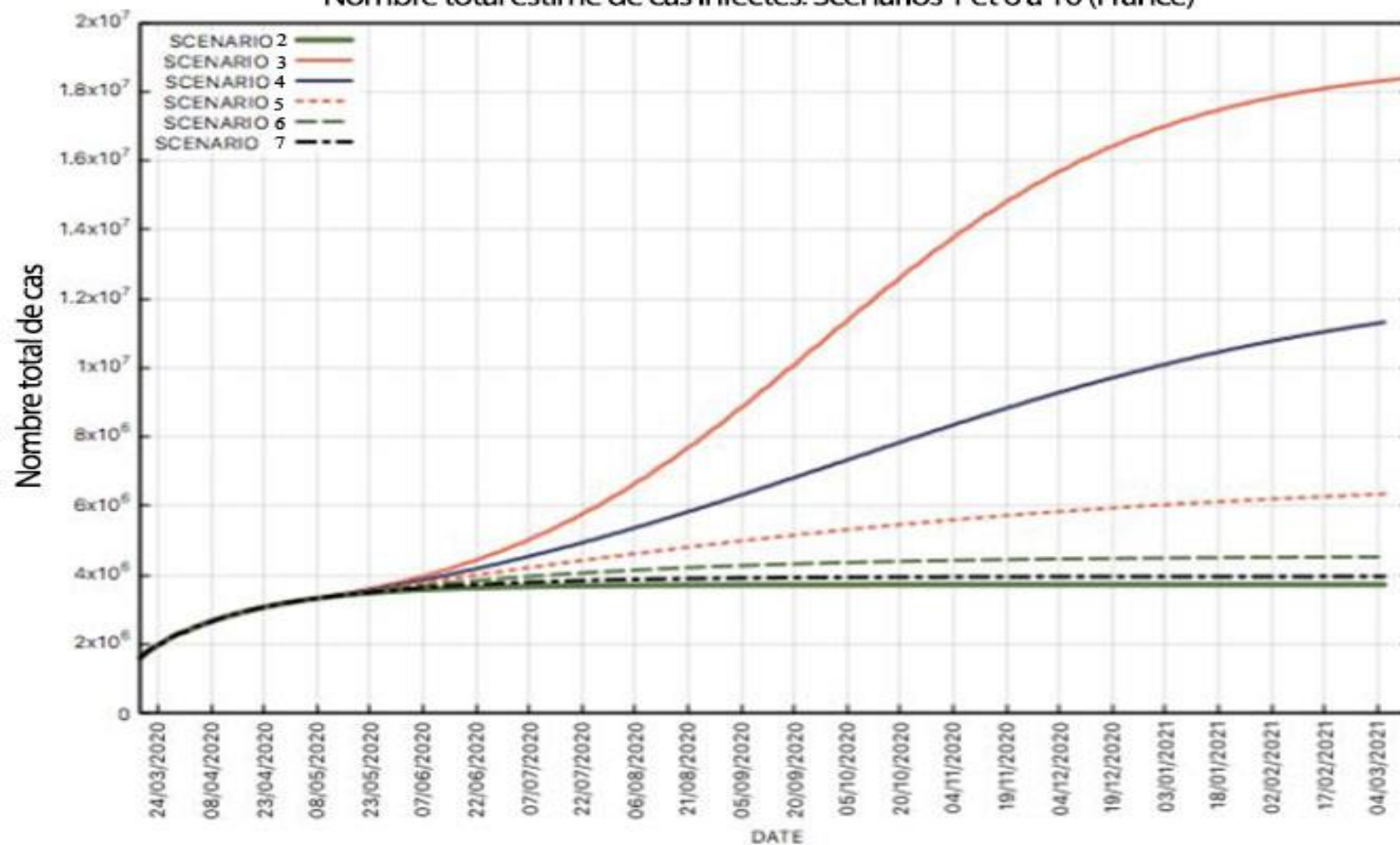
Scénario 5:  $k=3$

Scénario 7:  $k=1$



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.

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 :

$$C_{\text{moy}} = \frac{(W-k)C_{\text{conf}} + kC_{\text{deconf}}}{W} \leq 1 \quad (3.3.1)$$

D'où

$$0 \leq k \leq k_+(C_{\text{conf}}, C_{\text{deconf}}) \quad (3.3.2)$$

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

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

$$k_+(C_{\text{conf}}, C_{\text{deconf}}) \geq 1 \quad (3.3.4)$$

Ce qui indique que

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


Dans un confinement hebdomadaire, on choisit  $C_{\text{conf}} = 0.83$ ,  
on a alors

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

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  $C_{\text{décon}} \leq C_\star$
- un nombre de jour de déconfinement par semaine vérifiant (3.3.5)



Merci pour votre  
attention!





ANNEXE A :



*SIR*

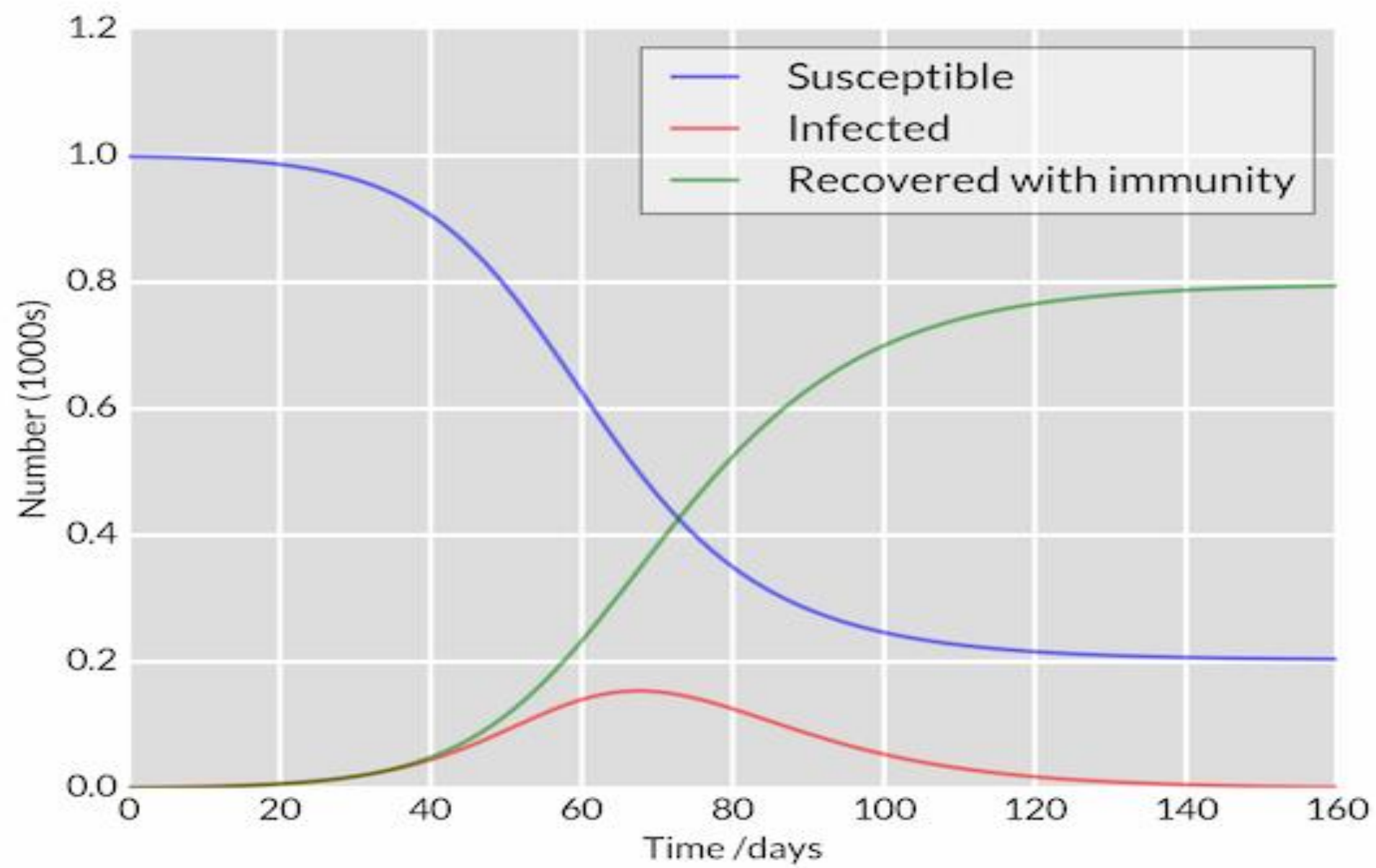
$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta SI}{N},$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI}{N} - \gamma I,$$

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

```
1  import numpy as np
2  from scipy.integrate import odeint
3  import matplotlib.pyplot as plt
4
5  # Total population, N.
6  N = 1000
7  # Initial number of infected and recovered individuals, I0 and R0.
8  I0, R0 = 1, 0
9  # Everyone else, S0, is susceptible to infection initially.
10 S0 = N - I0 - R0
11 # Contact rate, beta, and mean recovery rate, gamma, (in 1/days).
12 beta, gamma = 0.2, 1./10
13 # A grid of time points (in days)
14 t = np.linspace(0, 160, 160)
15
16 # The SIR model differential equations.
17 def deriv(y, t, N, beta, gamma):
18     S, I, R = y
19     dSdt = -beta * S * I / N
20     dIdt = beta * S * I / N - gamma * I
21     dRdt = gamma * I
22     return dSdt, dIdt, dRdt
23
```

```
24 # Initial conditions vector
25 y0 = S0, I0, R0
26 # Integrate the SIR equations over the time grid, t.
27 ret = odeint(deriv, y0, t, args=(N, beta, gamma))
28 S, I, R = ret.T
29
30 # Plot the data on three separate curves for S(t), I(t) and R(t)
31 fig = plt.figure(facecolor='w')
32 ax = fig.add_subplot(111, facecolor='#dddddd', axisbelow=True)
33 ax.plot(t, S/1000, 'b', alpha=0.5, lw=2, label='Susceptible')
34 ax.plot(t, I/1000, 'r', alpha=0.5, lw=2, label='Infected')
35 ax.plot(t, R/1000, 'g', alpha=0.5, lw=2, label='Recovered with immunity')
36 ax.set_xlabel('Time /days')
37 ax.set_ylabel('Number (1000s)')
38 ax.set_ylim(0,1.2)
39 ax.yaxis.set_tick_params(length=0)
40 ax.xaxis.set_tick_params(length=0)
41 ax.grid(b=True, which='major', c='w', lw=2, ls='-')
42 legend = ax.legend()
43 legend.get_frame().set_alpha(0.5)
44 for spine in ('top', 'right', 'bottom', 'left'):
45 |     ax.spines[spine].set_visible(False)
46 plt.show()
47
```





*SEIR*

Méthode de Runge-Kutta

$$\frac{dS}{dt} = -a S \frac{I}{N}$$

$$\frac{dE}{dt} = a S \frac{I}{N} - b E$$

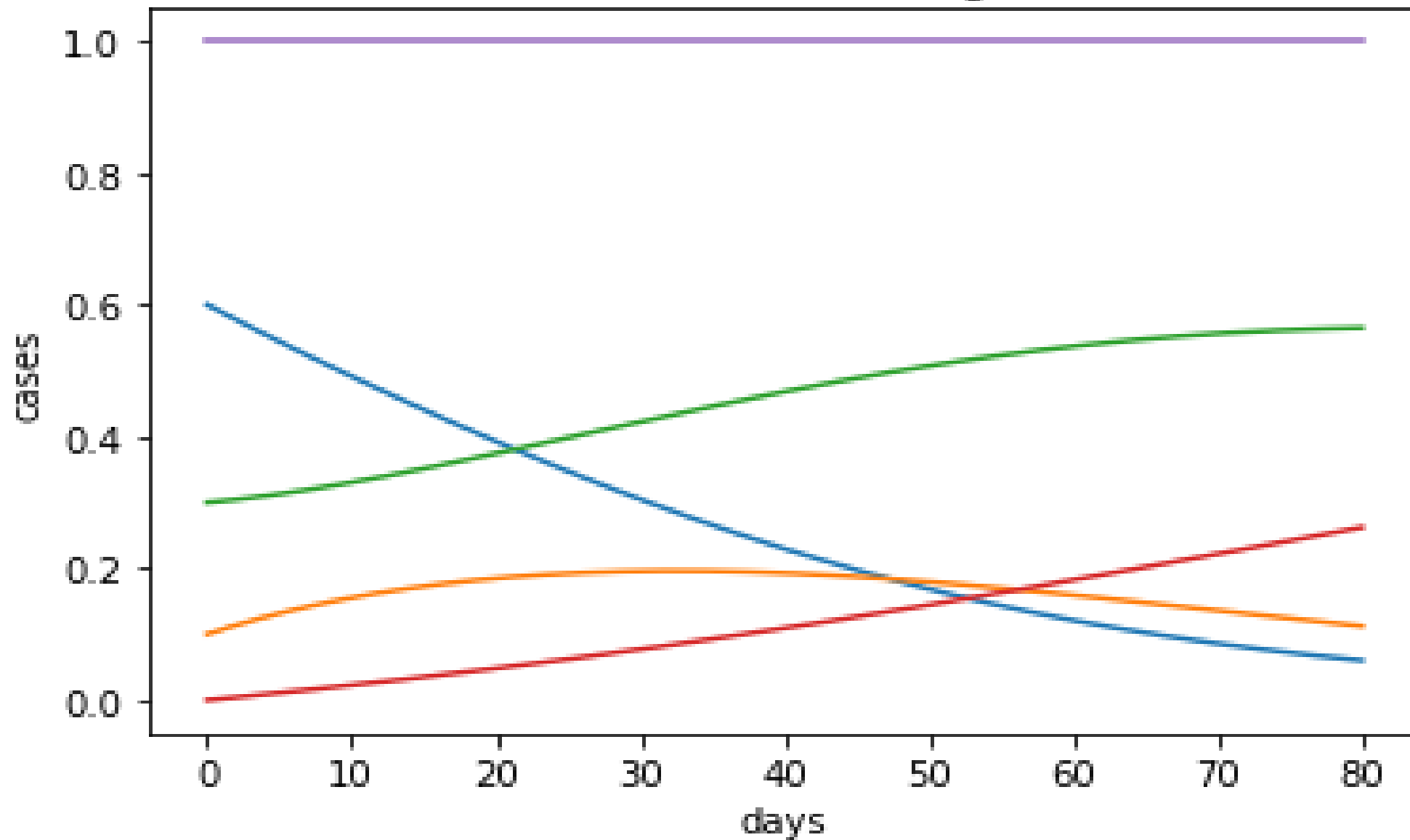
$$\frac{dI}{dt} = b E - c I$$

$$\frac{dR}{dt} = c I,$$

```
1 import numpy as np
2 import matplotlib.pyplot as plt
3 def RK4(f,t0,T,y0,N):
4     h = T/ N
5     t = np.linspace(t0,t0+T, N + 1).reshape(N+1,1)
6     Z = np.zeros((N+1, y0.size))
7     Z[0,:] = y0
8     for i in range(1,N+1):
9         k1 = h * f(t[i-1], np.transpose(Z[i-1,:]))
10        k2 = h * f(t[i-1] +h/2, np.transpose(Z[i-1,:] +k1/2))
11        k3 = h * f(t[i-1] +h/2, np.transpose(Z[i-1,:] +k2/2))
12        k4 = h * f(t[i-1] +h, np.transpose(Z[i-1,:] +k3))
13        Z[i,:] = Z[i-1,:] + h*(k1 + 2*k2 + 2*k3 + k4)/6
14    return (t, Z)
15 def F(t,X):
16     a=0.8
17     b=0.5
18     c=0.09
19     N=X[0]+X[1]+X[2]+X[3]
20     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]])
21     return L
22
```

```
23 A,B=RK4(F,0,80,np.array([0.6,0.1,0.3,0.]),1000)
24 plt.xlabel('days')
25 plt.ylabel('cases')
26 plt.title('SEIR model fitting')
27 plt.plot(np.concatenate(A),B[:,0])
28 plt.plot(np.concatenate(A),B[:,1])
29 plt.plot(np.concatenate(A),B[:,2])
30 plt.plot(np.concatenate(A),B[:,3])
31 plt.plot(np.concatenate(A),B[:,0]+B[:,1]+B[:,2]+B[:,3])
32 plt.show()
33
34
35
36
37
38
39
40
```

SEIR model fitting





## ANNEXE B :

On note :

- $\theta_n$  la proportion de personnes saines à la fin du  $n$ -ème jours
- $X_n$  est le nombre moyen de personnes rencontrées par un individu infecté le  $n$ -ème jour.
- $p_0, \dots, p_{l-1}$  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 considérant  $D_{n-1}$  petit devant  $P$  alors la relation précédente 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 :

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

c'est-à-dire  $(n - (m + \ell)) < k \leq n - m$ .

Alors :

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

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

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

On pose :

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

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

Comme

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

Alors on déduit :

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