

Modélisation de la vaccination des individus et de la population dans le cadre d'une épidémie

Nathan Marotte

Résumé—Le vaccin est un sujet souvent débattu car son efficacité n'est pas ressentie de la même manière qu'un antibiotique ou qu'un anti-douleur. Nous allons montrer dans cet article, par des modèles et simulations simple, comment un vaccin altère la propagation d'une maladie, au-delà de la protection qu'il apporte à un individu, en créant une véritable barrière qui rend la population immunisée si un certain pourcentage de la population est vacciné. Le résumé (80-100 mots) est conçu pour donner au lecteur une vue générale sur le contenu de l'article.

I. INTRODUCTION

LE monde étant rempli de sceptiques, les vaccins ont reçu et reçoivent encore bon nombre de critiques sur leur efficacité et donc autant de personnes refusant de ce faire vacciner. Les taux d'exemptions non médicales des vaccins varient d'une population à l'autre mais aurait atteint jusque 26.67% [1] dans certaines populations. Comme nous le verrons plus loin, toutes ces personnes contribuent à une augmentation du risque d'épidémie, un anéantissement du phénomène d'immunité collective, et mettent en danger la vie des individus ne pouvant pas être vaccinés pour raisons médicales.

Cet article aura donc pour but de défendre la vaccination en simulant la propagation d'une épidémie dans une population vaccinée à un certain pourcentage afin de voir comment le taux de vaccination dans une population influence de manière *non linéaire* l'immunité de la maladie. Cette relation est aussi connue sous le nom d'immunité grégaire ou *herd immunity*, en anglais. Trouver le seuil de cette immunité, c'est-à-dire le taux de vaccination nécessaire pour que la maladie se propage moins vite que l'on en guérit, permettra de déterminer quelles populations sont potentiellement en danger d'épidémies graves, et de pouvoir nous concentrer sur celles-ci afin d'éviter d'autres catastrophes. Ce seuil est appelé *Herd Immunity Threshold*, ou *HIT*. Notre approche fournira à la communauté scientifique des méthodes très simples et compréhensibles, mais correctes pour démontrer au public les raisons de la vaccination obligatoire.

II. ETAT DE L'ART

Le modèle étant par nature assez simple, peu d'articles récents ont été écrits sur le sujet. Par contre, il existe déjà plusieurs expériences ayant été réalisées notamment des simulations sur la propagation de la grippe saisonnière [2] [3], ainsi que sur le VIH [4]. Ces expériences utilisent pour la plupart un modèle similaire à SIR qui sera donc aussi utilisé pour modéliser notre problème

Superviseurs : Robin Petit

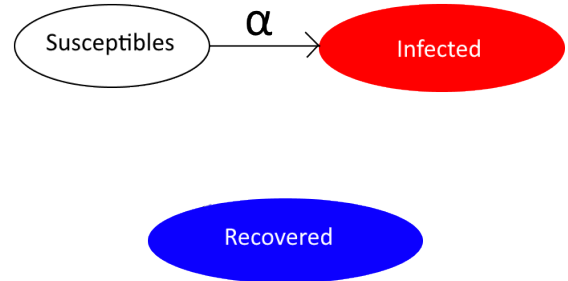


FIGURE 1. Modèle SIR

III. MÉTHODOLOGIE

Afin d'étayer notre hypothèse, les vaccins protègent au delà du système immunitaire, nous avons construit un modèle SIR simple où la population de départ est répartie dans les différents états pour une représentation compartimentale et nous avons aussi construit un modèle spatial se basant sur les 3 états et les transitions du modèle compartimental SIR. Grâce à ces modèles, nous allons pouvoir déterminer le seuil d'immunité grégaire *HIT* mais aussi voir l'évolution de la protection en fonction du nombre de vaccinés.

A. Modèle SIR

Notre modèle SIR est composé de 3 états et de une transition disposée comme dans la figure 1

Ces états, susceptibles, infectés, et retirés, représentent respectivement la population saine, la population malade et contagieuse, et la population vaccinée. α représente la probabilité qu'un individu sain se fasse infecté. Ce modèle seul ne permet pas de simuler de manière satisfaisante et représentative l'évolution dans une population, nous l'avons donc adapté dans un modèle spatial décrit en III-B

B. Modèle spatial

Ce modèle se base sur la représentation d'une population de 2500 individus sur un plan en 2 dimensions. Chaque individu est représenté par un point sur une matrice carrée de 50 points de côtés, ne peut être dans un état à la fois, et est voisin de 8 autres individus. Un individu ne peut infecter que quelqu'un dont il est voisin. Un malade contagieux

ne pourra donc pas infecter plus de 8 individus ($R_0 = 8$) D'abord tous les individus commencent susceptibles, puis, avant le début de l'infection, une proportion fixée de la population est vaccinée, puis, une personne au hasard est sélectionnée pour être l'infecté de départ (Le programme Python que nous avons écrit permet de faire varier ces paramètres)

1) *L'infection de départ*: Parmi les personnes saines dans la population, nous sélectionnons une personne au hasard pour démarrer l'épidémie

2) *La propagation*: Pour chaque voisin susceptible de chaque individu infecté, nous l'infectons avec une probabilité de α . Dans le cadre de ce projet, nous avons choisi un α de 1 car nous voulions voir l'évolution d'une maladie très infectieuse, évoluant donc rapidement avec le temps. Choisir une valeur de $\alpha < 1$ ne serait pas utile dans cette étude étant donné qu'il n'y a que une transition dans le modèle, diminuer le taux de transition revient donc simplement à ralentir la simulation.

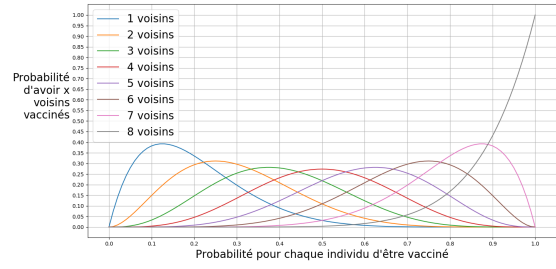
3) *Probabilité de propagation et isolement*: Au vu de la construction de notre modèle spatiale, il existe des cas particuliers empêchant totalement la propagation de la maladie, par exemple si un individu est entouré de 8 individus vaccinés. Ces individus sont donc totalement protégés du fait qu'ils n'ont aucun voisins capable de leur transmettre la maladie. En fonction du pourcentage de vaccination de la population, le nombre d'individus isolé augmente. Aussi, chaque voisin vacciné autour d'un individu susceptible diminue au final la probabilité de cet individu d'être infecté. Si la maladie vient de la direction dans laquelle l'individu susceptible a son voisin vacciné, elle mettra plus de temps à l'atteindre, cette durée supplémentaire augmente les chances que la maladie s'arrête dû au fait que un des infecté guérisse ou meurt, épargnant alors de justesse l'individu susceptible. La probabilité qu'un individu ai k voisins vaccinés est représentée en 2 Cette probabilité est calculée en utilisant une binomiale. En effet, la probabilité d'avoir k voisins vaccinés lorsque la probabilité d'être vacciné est de p, est égale au fait de réussir k événement "recevoir un vaccin" en n (nombre de voisins) tentatives avec une probabilité de p de réussite de l'événement. Nous avons donc

$$P(X = k) = B(n; p) = \binom{n}{k} \times p^k \times (1 - p)^{n-k} = \frac{n!}{k!(n-k)!} \times p^k \times (1 - p)^{n-k} \quad (1)$$

où X est la variable aléatoire "Nombre de voisins vaccinés", k le nombre de voisins vaccinés (entre 1 et 8), p la probabilité pour un individu d'être vacciné, et n le nombre de voisins, 8 dans notre simulation. En calculant cette valeur pour tous les pourcentages de vaccination et pour tous les nombres de voisins vaccinés de 1 à 8, nous obtenons ce graphe

Nous voyons donc que lorsque la population est vaccinée à 90%, il y a déjà plus de 40% des individus qui sont totalement isolés de la maladie. Il s'agit donc de 40% d'individus qui n'attraperont jamais la maladie ce qui

FIGURE 2. Probabilité d'avoir x voisins vaccinés en fonction du pourcentage de vaccinés



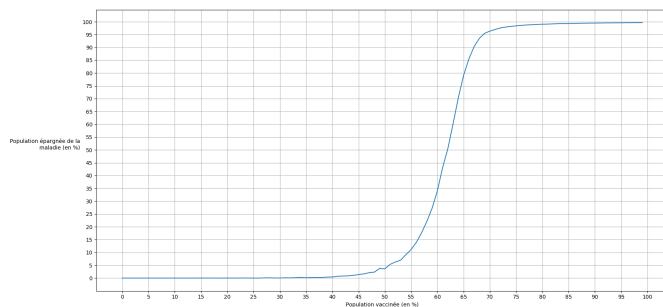
réduit automatiquement le taux de personnes infecté à la fin de l'épidémie. Cette immunité par isolement n'apporte malheureusement que trop peu de protection que pour être considéré comme un moyen efficace de protéger la population.

4) *Seuil d'Immunité Grégaire (HIT)*: Ce seuil d'immunité est dépend de R_0 , le nombre d'individus qu'un malade infecte en moyenne. Si ce nombre est inférieur à 1, alors la maladie finira par s'éteindre, si il est supérieur à 1, la maladie infectera tout le monde si rien n'est fait pour l'arrêter. Le taux de reproduction effectif, noté $R_t = R_0 \times (1 - P)$ quant à lui est une mesure du nombre d'individu qu'un malade infecte au temps t, c'est-à-dire en tenant compte des "barrières"(vaccins), mais aussi de la mortalité et de la virulence de la maladie. P est la proportion d'individus vaccinés. Le taux de reproduction effectif R_t sera inférieur à 1 pour autant que la valeur de P soit supérieure à $1 - 1/R_0$. Un individu malade contaminera alors en moyenne moins d'une personne ce qui finira par faire tomber le nombre de malades à 0 pour peu que les malades guérissent ou meurt. Il faut donc vacciner une proportion de la population égale à $1 - \frac{1}{R_0}$ pour qu'un malade ne puisse plus infecter, en moyenne, qu'une personne dans son entourage.

Dans le cadre de notre modèle, ce taux est donc de 0.875. Ce qui signifie que, en moyenne, dans une population infinie, si chaque individu est vacciné avec une probabilité de 0.875, la maladie se transmettrait un individu à la fois et ne s'arrêterait que lorsque toute la population aura été touchée. A $0.875 + \epsilon$ de la population vaccinée, la maladie se hurterait à un moment sur une personne qui n'a aucun voisin susceptible et s'arrêterait donc là. Plus ϵ est grand, plus ce moment arrivera vite après l'infection du patient zéro

Afin de détecter une protection des vaccins au-delà de l'individu, nous avons donc écrit un programme Python qui va générer 500.000 populations de 2500 individus chacun. Chaque population aura un taux de vaccination de telle sorte qu'il y aura 5000 populations par pourcentage de vaccination (entre 0 et 99%). Ensuite nous faisons la moyenne du nombre de personnes qui n'étaient pas vaccinés et qui n'ont pas été touchées par la maladie (en excluant des calculs le patient zéro), en regroupant les populations par taux de vaccination.

FIGURE 3. Efficacité de la couverture vaccinale sur les individus non vaccinés



Document

ANNEXE A CONSIGNES

IV. RÉSULTATS

Nous obtenons ainsi une courbe en S liant le taux de vaccination, sur l'axe des abscisses, au taux de protection des individus non-vaccinés, sur l'axe des ordonnées sur la figure 3. Cette courbe est assez remarquable. On remarque que vacciner une population à seulement environ 40% est inefficace pour empêcher une maladie de se répandre. Par contre, entre 40 et 75%, chaque personne vaccinée compte au vu de la croissance ultra-rapide de la courbe entre ces deux valeurs. Enfin on peut aussi remarquer qu'à

V. CONCLUSION

TODO

RÉFÉRENCES

- [1] Jacqueline K. Olive, Peter J. Hotez, Ashish Damania, and Melissa S. Nolan. Correction : The state of the antivaccine movement in the united states : A focused examination of nonmedical exemptions in states and counties. *PLOS Medicine*, 15(7) :1–4, 07 2018.
- [2] Zhilan Feng, Sherry Towers, and Yiding Yang. Modeling the effects of vaccination and treatment on pandemic influenza. *The AAPS Journal*, 13(3) :427–437, 2011.
- [3] Pedro Plans-Rubió. The vaccination coverage required to establish herd immunity against influenza viruses. *Preventive Medicine*, 55, 2012.
- [4] Angela R. McLean and Sally M. Blower. Imperfect vaccines and herd immunity to hiv. *Proceedings of the Royal Society B*, 253, 1993.