

Cette fiche a été élaborée par des enseignantes et des enseignants des lycées et universités de l'académie de Créteil.

Thème Etude de phénomènes d'évolution

Titre Le modèle S.I.R

Objectifs

- ▶ Interdisciplinarité : comprendre l'intérêt/la nécessité des mathématiques dans les autres sciences
- ▶ Mettre en place une modélisation mathématique
- ▶ Simuler des propagations d'épidémies à l'aide d'algorithmes
- ▶ A partir de ces simulations, exploiter le modèle pour comparer les caractéristiques de quelques épidémies, comprendre le rôle du « taux de reproduction », plus généralement le mécanisme de propagation d'une épidémie
- ▶ Introduire et motiver le concept d'équations différentielles

Prolongement possible : Etudier les solutions d'équations différentielles simples : $y' = ay$, $y' = ay + b$, $y' = ay + f(x)$. Etude des modèles de croissance de population exponentielle, logistique.

Mise en place (suggestion)

Séance de 2h d'accompagnement personnalisé dans une salle équipée d'ordinateurs.

Après visionnage collectif de l'extrait de film et l'introduction de l'activité par le professeur, les élèves peuvent travailler en relative autonomie, le professeur intervenant comme personne ressource.

Cette séance peut être suivie d'une séance complémentaire de 2h sur les équations différentielles (hors programme exigible mais intéressant pour les poursuites d'études en science ; ressource [3] chap. 4 très intéressant à ce sujet).

Sources/Ressources :

- [1] [A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics](#), W. O. Kermack; A. G. McKendrick, Proceedings of the Royal Society of London. Series A, Vol. 115, (1927), pp. 700-721
- [2] [The mathematics of diseases](#), Matt Keeling, in Plus Magazine (revue mathématique soutenue par l'Université de Cambridge)
- [3] [Calculus in Context](#), the Five College Calculus Course (Etats-Unis)
- [4] [The SIR Model for Spread of Disease](#), Duke University (Caroline du Nord, Etats-Unis)
- [5] [Modélisation mathématique en épidémiologie](#), Marc Choisy (CNRS, IRD), in Écologie de la santé et conservation (2010), De Boeck Université.
- [6] [Propagation d'Epidémies](#), CultureMATH
- [7] [Modéliser la propagation d'une épidémie](#), Interstices, François Rechenmann, INRIA
- [8] [SimFlu : Build your own epidemic](#), Modélisation d'une grippe (applet Excel)
- [9] [Mathématiques & Maladies Infectieuses](#), conférence pour Maths en Jeans par Gauthier Sallet, Professeur à l'université Paul Verlaine, Metz
- [10] [R₀, introduction et Historique](#), pages 1 à 3, Gauthier Sallet, INRIA et IRD
- [11] [Site de Jean Dutertre](#), médecin et épidémiologiste passionné par l'Afrique, qui a lutté contre la maladie du sommeil et le paludisme. A noter en particulier la page concernant l'[historique](#) des modèles épidémiologiques.

O. Introduction :



Extrait du film [Contagion](#), de Steven Soderbergh (Novembre 2011)

► Voir fichier [Contagion-Extrait R0.avi](#) [17:48-20:04]

Un virus mortel se propage à grande vitesse sur la planète.

Scientifiques et politiques se mobilisent.

Dr Erin Mears (Kate Winslet) explique l'importance de déterminer le "taux de reproduction" ("R-naught", R_0) pour prévoir l'évolution du virus.

Questions :

- (a) Quels sont les facteurs de transmission d'une maladie évoqués au début de l'extrait ?
- (b) Quelles solutions sont évoquées pour réduire le taux de transmission dans la maladie cités dans l'extrait ?
- (c) Qu'est-ce que R_0 ?
- (d) Quelles sont les trois maladies évoquées dans cet extrait et le R_0 correspondant ?
- (e) Quelles sont les facteurs évoqués par Dr Erin Mears permettant de déterminer R_0 ?

L'épidémiologie

Dans l'extrait que nous venons de voir, des scientifiques et politiques s'inquiètent du développement très rapide d'une nouvelle maladie très contagieuse.

C'est un film et donc de la fiction, mais à l'heure actuelle le paludisme, maladie transmise via un type particulier de moustiques, tue encore un enfant toutes les 30 secondes en Afrique et entre 1 et 3 millions de personnes par an, selon les estimations de l'OMS (Organisation Mondiale de la Santé). Deux milliards d'individus, soit pas moins de 40% de la population mondiale, sont exposés à cette maladie.

La lèpre et la peste autrefois, la grippe aviaire récemment, le VIH... sont autant d'exemples supplémentaires de maladies contagieuses qui ont inquiété ou inquiètent encore la société, car pour de telles maladies le nombre de cas peut soudainement augmenter dans une région donnée à un moment donné, et ce de façon potentiellement incontrôlable. On parle alors d'**épidémie**. L'**épidémiologie** est l'étude des épidémies.

Etudier, comprendre, analyser le développement d'une épidémie est une tâche difficile, mais indispensable pour prédire ce développement, et agir pour le freiner voire l'empêcher. Ces études permettent aussi de prévoir les conséquences pour la population d'actions que la vaccination, la mise en quarantaine ou la distribution de tests de dépistage.

Les mathématiques sont au cœur de ces études épidémiologiques.

L'objectif de cette séance d'AP est de comprendre quelques mécanismes de propagation d'une maladie contagieuse en étudiant un modèle classique en épidémiologie : le modèle « S.I.R. ».

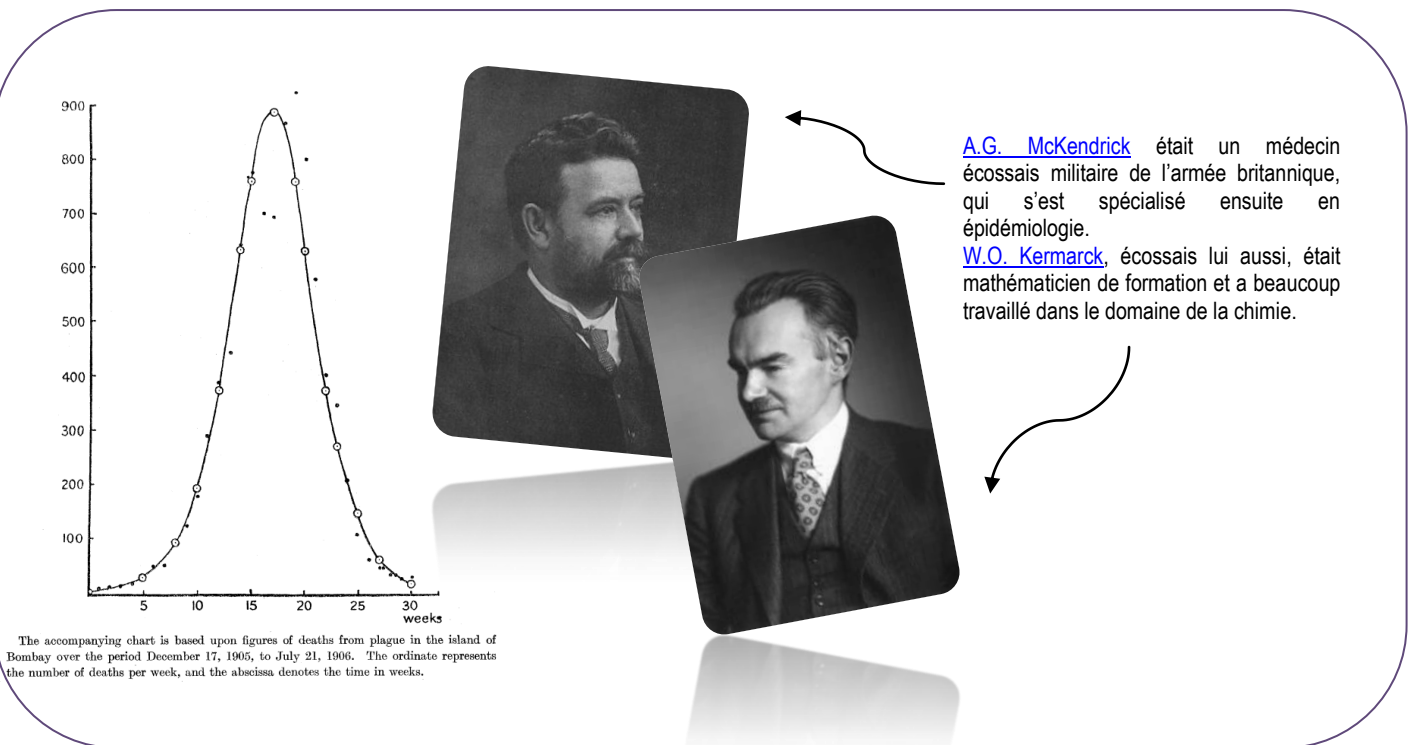
« le médecin n'oubliera pas que les expressions : plus, beaucoup, moins, souvent, ne signifient rien, qu'il **faut compter en médecine** pour sortir du vague, que c'est un des moyens dont on ne saurait faire abstraction dans la recherche de la vérité. »

Pierre Charles Alexandre Louis (1787-1872), médecin français à l'origine de la « méthode numérique » (l'ancêtre de l'épidémiologie et des essais cliniques modernes).



1. Le modèle « S.I.R. »

Le **modèle**¹ « S.I.R. » a été présenté pour la première fois par **KERMACK & MCKENDRICK** à Londres et Cambridge en 1927 pour expliquer a posteriori² l'évolution de l'épidémie de peste à Bombay en 1905-1906.



A chaque instant on décide diviser la population en trois catégories (qu'on appelle « compartiments » dans le langage de l'épidémiologie) :

- les individus « Susceptibles » ou « **Sains** » (S) : ceux qui n'ont jamais eu la maladie, et peuvent la contracter ;
- les individus « **Infectés** » (I) : les malades, ce sont aussi les contagieux (c'est une hypothèse de ce modèle) ;
- les individus « **Rétablis** » (R, comme « Recovered » en anglais) : ceux qui ont déjà eu la maladie et sont désormais immunisés contre cette maladie (c'est une hypothèse de ce modèle). On inclut dans ce groupe les personnes décédées (puisque'elles ne peuvent plus contracter la maladie, et parce que c'est pratique).

Il paraît plus naturel de travailler avec le nombre de personnes dans chaque catégorie, mais certains calculs seront plus simples si on utilise plutôt la proportion de personnes dans chaque catégorie, ce qui nous permet de connaître tout aussi bien la progression de l'épidémie.

On note donc :

$S(t)$, $I(t)$ et $R(t)$ la **proportion** d'individus de chacune des catégories (les sains, les infectés, les rétablis) à l'instant t .

Notre objectif est de connaître l'évolution de $S(t)$, $I(t)$ et $R(t)$ au cours du temps.

Pour cela on cherche dans un premier temps à déterminer les **règles** qui régissent les variations de ces variables.

¹ Qu'est ce qu'un modèle ?

Pour étudier une situation réelle, on commence par extraire de la situation ses caractéristiques principales. Les hypothèses et simplifications faites permettent alors de décrire la situation mathématiquement : on a créé un modèle. On substitue ainsi au monde réel le monde « idéal » (et simplificateur) des mathématiques. Ensuite on utilise des techniques mathématiques connues pour analyser, étudier le modèle. Les conclusions obtenues sont ensuite retraduites dans le langage du monde réel. Par définition un modèle est faux, puisqu'incomplet et imparfait. Par confrontation à l'expérience et au réel les modèles peuvent être affinés.

² Pourquoi chercher à expliquer a posteriori ?

Encore une fois pour mieux comprendre le phénomène et pouvoir agir dans le futur si on se retrouve dans une situation similaire où le modèle semble pouvoir être appliqué.

Pour le modèle « S.I.R. » les règles retenues sont les suivantes :

- ▶ La maladie est une maladie assez brève : on néglige les phénomènes démographiques (naissances, décès, immigration). La taille de la population étudiée peut donc être considérée comme fixe.
- ▶ La seule façon pour qu'un individu quitte le groupe des sains est en devenant infecté. Il est raisonnable de penser que le nombre de nouveaux cas sur une durée donnée est proportionnel au nombre de contacts sur cette durée entre les individus susceptibles et les individus infectés ($S(t) \times I(t)$). On note ce coefficient de proportionnalité β .
- ▶ Les personnes malades (infectés) sont toutes infectieuses : elles peuvent transmettre la maladie.
- ▶ Chaque personne qui a guéri de cette maladie est immunisée pour toujours contre cette maladie : la personne ne peut plus retomber malade.
- ▶ Nous faisons aussi l'hypothèse que toutes les personnes tombées malades finissent par guérir (ou mourir, selon la maladie, mais on ne fera pas la différence ici : dans les deux cas les individus ne peuvent plus retomber malade). Ainsi qu'une proportion γ des individus infectés passe dans le groupe des individus rétablis tous les jours. Par exemple si la durée moyenne d'infection est de $\lambda = 4$ jours, en moyenne chaque jour $\gamma = 1/4$ de la population infectée se rétablit (ou meurt).



Vocabulaire :

- β est appelé taux de transmission
- λ est la durée moyenne d'infection
- γ est appelé taux de guérison, il est égal à l'inverse de λ

A noter : β et λ sont des caractéristiques non seulement de la maladie, mais aussi de la population considérée : pour une même maladie, ces valeurs peuvent varier en fonction de la population touchée.

Questions

Au vu des hypothèses que nous avons faites :

- Expliquez pourquoi, à chaque instant : $S(t) + I(t) + R(t) = 1$.
- Conjecturez les sens de variations des fonctions S , R et I . Essayez de dessiner ce que vous pensez être l'allure de la courbe de chacune de ces fonctions.

On va maintenant chercher à mettre les règles/hypothèses que l'on vient d'énoncer sous forme mathématique. En étudiant dans un premier temps l'évolution de jour en jour, on peut alors écrire les taux de variations des proportions d'individus dans chaque catégorie ainsi :

$$\begin{cases} \frac{\Delta S}{\Delta t} = S(t+1) - S(t) = -\beta S(t)I(t) \\ \frac{\Delta I}{\Delta t} = I(t+1) - I(t) = \beta S(t)I(t) - \frac{1}{\lambda} I(t) \\ \frac{\Delta R}{\Delta t} = R(t+1) - R(t) = \frac{1}{\lambda} I(t) \end{cases}$$

Vérifiez que vous avez bien compris l'origine de chacune de ces équations. Si vous n'êtes pas sûr, relisez les hypothèses du modèle !

Ce que l'on peut alors réécrire:

$$\begin{cases} S(t+1) = \\ I(t+1) = \\ R(t+1) = \end{cases}$$

Complétez

2. Utiliser le modèle pour SIMULER des évolutions d'épidémies

C'est maintenant le moment de l'étude mathématique à proprement parler !

En utilisant ces équations et les conditions initiales du problème (on connaît la proportion de sains, d'infectés et de guéris au moment $t = 0$), nous allons chercher à répondre à des questions comme :

La maladie va-t-elle continuer à se développer ?

Où en serons-nous dans trois mois ?

Quelle fraction de la population va tomber malade ?

A quelle vitesse ? Le nombre de personne infecté atteint-il un maximum au cours du temps, si oui quand ?

Comment limiter voire empêcher la propagation de la maladie ?

Pour cela nous allons mettre en place des **algorithmes** pour simuler la propagation de maladies dont on connaît le taux de transmission β et la durée moyenne d'infection λ (voire tableau ci-dessous).

On rappelle ici que β comme λ sont des paramètres liés aussi bien à la maladie qu'à la population touchée. Ce tableau présente donc pour chaque maladie une situation particulière.

Nous utiliserons également les conditions initiales suivantes :

- $S(0) = 0,95$
- $I(0) = 0,05$
- $R(0) = 0$

Un premier algorithme « 3 mois plus tard »

Ecrire un algorithme qui demande à l'utilisateur de saisir les valeurs de β , λ et t_{max} , puis qui affiche la proportion d'individus dans chaque catégorie au bout de t_{max} jours.

Aide : Pensez à utiliser une boucle POUR

Traduisez cet algorithme dans le langage de votre choix, puis faites fonctionner le programme pour les différentes maladies infectieuses ci-dessous. Complétez dans le tableau les valeurs finales de S , I et R obtenues.

Tableau 1

	β taux de transmission par individu infecté par jour	λ nombre moyen de jours d'infection	t_{max} (en jours)	$S(t_{max})$	$I(t_{max})$	$R(t_{max})$
Grippe	0,6	6	90	0.02	0.0001	0.98
Grippe faible	0,15	6	90	0.78	0.0008	0.22
Rougeole	0,8	20	90	≈ 0	0.01	0.99
Hong-Kong Flu (NY, USA, 1968-1969)	0,5	3	90	0.35	≈ 0	0.65
Peste (Bombay, déc. 1905-juillet 1906)	0,0273	56,2	600	0.36	0.01	0.63

► Une solution : **SIR-Algorithm1.alg**

Algorithme 2

« Un dessin vaut mille calculs »

Modifiez l'algorithme 1 pour obtenir une représentation graphique de l'évolution des proportions d'individus dans chaque catégorie.

Aide (avec Algobox) :

Après avoir pensé à cocher la commande « Utiliser le repère » et après avoir complété les réglages nécessaires, utiliser la commande **TRACER POINT** pour afficher à chaque répétition de la boucle les points de coordonnées $(t, S(t)), (t, I(t)), (t, R(t))$.

Il est aussi possible de relier les points grâce à la commande TRACER SEGMENT.

Opérations standards
Utiliser une fonction numérique
Dessiner dans un repère
Fonction avancée

☒ Utiliser le repère :

+ Ajouter TRACER POINT

Xmin : 0 Xmax : tmax Graduations X : 5

+ Ajouter TRACER SEGMENT

Ymin : 0 Ymax : 1 Graduations Y : 0.1

+ Ajouter EFFACER GRAPHIQUE

► Une solution : [SIR-Algorithme2.alg](#)

Pour chacune des maladies, complétez le tableau ci-dessous :

Tableau 2

	β	λ	t_{max} (en jours)	Y a-t-il un pic d'infection ?	Si oui, la proportion d'infectés $I(t)$ est maximale au bout de $t_0 =$... et cette proportion maximale d'infectée vaut $I(t_0) =$	$R_0 = \beta \times \lambda$
Grippe	0,6	6	90	oui	10 jours	42%	3.6
Grippe faible	0,15	6	90	non	/	/	0.9
Rougeole	0.8	20	90	oui	8 jours	92%	16
Hong-Kong Flu (NY, USA, 1968-1969)	0.5	3	90	oui	10 jours	10%	1.5
Peste (Bombay, déc. 1905-juillet 1906)	0.02 73	56.2	600	oui	75 jours	10%	1.53

► Visualisation des courbes de S, I et R → d'autres simulations ici :

[Une simulation avec JSXGraph](#), avec laquelle on peut faire varier $I(0)$, β et $\gamma = 1/\lambda$ (sur 100 jours)

[Une simulation avec un applet Java](#) sur le site Interstices de l'INRIA (à mi-page) : on peut faire varier $S(0)$, $I(0)$, β et λ .

3. Le modèle continu

Auparavant nous avons utilisé une modélisation dite « discrète » : on s'est intéressés à l'évolution des proportions de sains, infectés et guéris jour après jour, c'est-à-dire avec une unité de temps de un jour.

Si on décide que l'unité de temps n'est plus un jour, mais qu'on fait diminuer cette unité de temps à l'heure, à la minute, à la seconde, au dixième de seconde, que se passe-t-il ?

Disons qu'on note cette unité de temps Δt .

On s'intéresse alors au changement de la proportion d'individus sains entre les temps t et $t + \Delta t$:

pendant une unité de temps Δt , le nombre d'individus sains passe de $S(t)$ à $S(t + \Delta t)$, et la variation de $S(t + \Delta t) - S(t)$ peut s'écrire :

$$\frac{\Delta S}{\Delta t} = \frac{S(t + \Delta t) - S(t)}{\Delta t} = -\beta S(t)I(t)$$

En raisonnant de même pour $I(t)$ et $R(t)$ on obtient :

$$\begin{cases} \frac{\Delta S}{\Delta t} = -\beta S(t)I(t) \\ \frac{\Delta I}{\Delta t} = \beta S(t)I(t) - \frac{1}{\lambda} I(t) \\ \frac{\Delta R}{\Delta t} = \frac{1}{\lambda} I(t) \end{cases}$$

Enfin, par passage à la limite des taux de variation :

$$\begin{cases} S'(t) = -\beta S(t)I(t) \\ I'(t) = \beta S(t)I(t) - \frac{1}{\lambda} I(t) \\ R'(t) = \frac{1}{\lambda} I(t) \end{cases}$$

On a affaire ici à ce que l'on appelle un système d'équations différentielles.

Qu'est-ce qu'une « équation différentielle »¹ ?

En gros, on peut dire que qu'il s'agit d'une équation qui met en jeu une fonction inconnue et sa dérivée. Parfois il y a même plus d'une fonction inconnue (comme ici) et plusieurs dérivées.

- 1) S, I, β, λ étant des grandeurs positives, que peut-on dire du signe de $S'(t)$ et de $R'(t)$?
Que peut-on en déduire concernant les variations de S et R ?
Est-ce conforme avec vos conjectures faites à la page 4 ?

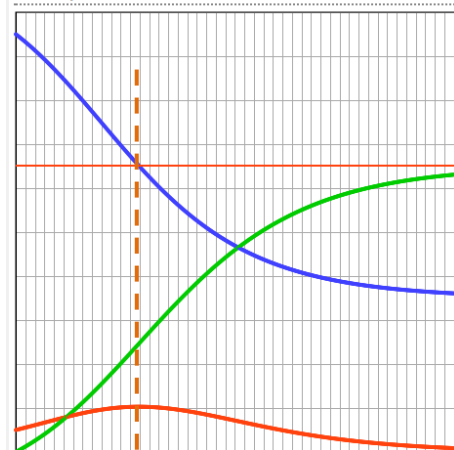
- 2) Pour $I'(t)$ ce n'est pas aussi facile.
 - a) Montrez que $I'(t)$ s'annule si et seulement si $I(t) = 0$ ou $S(t) = \frac{1}{\beta\lambda}$.
 - b) En déduire les variations de $I(t)$ en fonction de $S(t)$.
 - c) Modifiez l'algorithme 2 pour ajouter sur le graphique obtenu la droite d'équation $y = \frac{1}{\beta\lambda}$.

Vérifiez visuellement que pour chacune des maladies du Tableau 2, le pic d'infection est atteint pour t solution de

$$S(t) = \frac{1}{\beta\lambda}$$

► Une solution : **SIR-Algorithm2bis.alg**

GRAPHIQUE :



Xmin: 0 ; Xmax: 600 ; Ymin: 0 ; Ymax: 1 ; GradX: 13 ; GradY: 0.1

Console

```
***Algorithme lancé***
Entrer beta : 0.0273
Entrer lambda : 56.2
Entrer tmax : 600
A t= 600
les proportions d'individus sains, infectés et rétablis sont (respectivement):
0.36056484
0.0086544481
0.63078071
***Algorithme terminé***
```


3) Supposons que $I(t) > 0$. Montrez que $I'(t) > 0$ si et seulement si $\beta \lambda S(t) > 1$.

Considérons que nous sommes au temps $t = 0$ et faisons l'hypothèse que la population est (presque) entièrement susceptible : $S(0) \approx 1$ (alors $I(t) \approx 0$ mais avec un individu infecté au moins dans la population : $I(t) > 0$).

Le résultat précédent nous permet de dire qu'il va y avoir épidémie (augmentation du nombre d'infectieux) si et seulement si $\beta \lambda > 1$.

Le nombre $\beta \lambda$ correspond donc à un seuil : au-delà de 1 il va y avoir une épidémie, en-dessous c'est impossible.

On le note R_0 et on l'appelle le **taux de reproduction de base**.

4) Complétez la dernière colonne du Tableau 2. Le résultat que l'on vient d'établir est-il vérifié ?

Etant le produit du taux de transmission β et de la durée moyenne d'infection λ , on peut interpréter R_0 comme le *nombre moyen de nouveaux cas d'infection, engendrés par un individu infecté moyen* (au court de la période où il est infectieux et donc contaminant), dans une population entièrement considérée comme susceptible.

Depuis son introduction le taux de reproduction de base R_0 s'est imposé comme un concept-clef en épidémiologie.

« Théorème du seuil » (KERMACK & MCKENDRICK, 1927):

Il ne peut y avoir épidémie que si l'effectif des sujets réceptifs est au-dessus du seuil.

Le « théorème du moustique », précurseur du « théorème du seuil »

Sir Ronald ROSS (médecin britannique militaire de la fin du XIXe siècle) s'est battu sans relâche au début du XXe siècle pour faire accepter son « théorème du moustique », qui affirmait qu'il existe une « densité limite » de moustiques en-dessous de laquelle le paludisme ne peut se propager.

Ce théorème avait pour conséquence importante de donner un moyen simple de lutte contre cette maladie: réduire la population de moustique.

Cette affirmation était combattue à l'époque sur la base qu'il était impossible de débarrasser une région de tous ses moustiques (Ross était d'accord avec cet argument), donc il y aurait toujours des moustiques, donc la transmission du paludisme continuerait et par conséquent tenter de réduire le nombre de moustiques était une perte de temps et d'argent (Ross n'était pas d'accord).

Ross a fini par se faire entendre en construisant un modèle qui prédisait qu'en dessous d'un certain seuil critique pour la population de moustique, le paludisme disparaîtrait de lui-même.

Sir Ronald ROSS a reçu le prix Nobel de Médecine pour ses recherches en 1902.



4. « L'immunité de groupe » : une application puissante du Théorème du Seuil

Comme on l'a dit avant, étudier les maladies a pour objectif de déterminer des moyens de réduire leur impact sur la population.

Une première remarque simple

Comment atténuer l'intensité d'une épidémie ?

$R_0 = \beta \times \lambda$ donc R_0 diminue lorsque β diminue et/ou lorsque λ diminue.

Comment diminuer la probabilité d'infection β ?

- ▶ Par exemple en mettant en place des mesures d'hygiène (lavage régulier des mains...) ou de limitation de contacts entre les individus (fermetures d'écoles...)

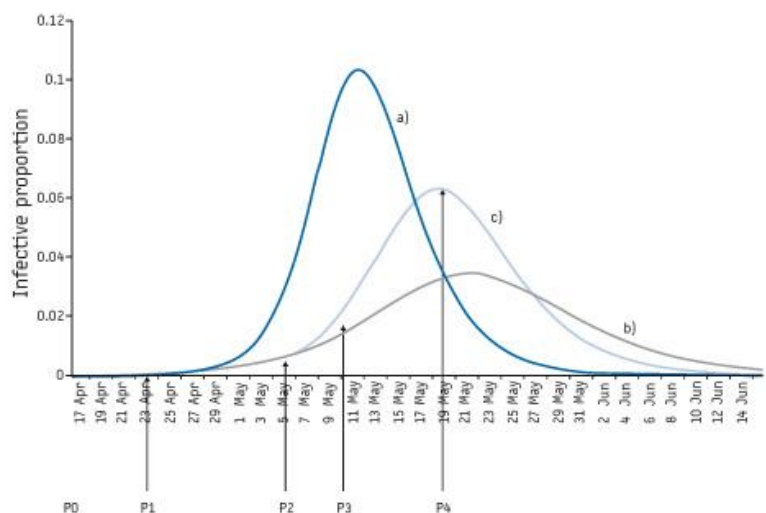
Comment diminuer le temps moyen d'infection λ ?

- ▶ C'est possible par exemple si on a un traitement qui va faire guérir l'individu infecté plus rapidement.

Illustration montrant les différentes évolutions de l'épidémie de grippe H1N1 dans la région de Mexico (Mexique) selon que des mesures de contrôle de l'épidémie (hygiène etc.) sont prises ou non.
Le modèle utilisé est le modèle SIR.

FIGURE 1

Modelling the evolution of the influenza A(H1N1)v outbreak in the metropolitan area of Mexico City, 17 April - 17 June 2009



P0=17 April, P1=24 April, P2=6 May, P3=11 May, P4=20 May.
a) The evolution of the outbreak with no control starting at April 17.
b) The evolution of the outbreak with control measures starting on April 24.
c) The evolution of the outbreak with the measures relaxed on May 6.
Note the peak of the epidemic at P4 on 20 May.

<http://www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=19254>

La vaccination & l'« immunité de groupe »

L'objectif de la vaccination (lorsque l'on a la chance de disposer d'un vaccin) est évidemment d'enrayer l'épidémie. Nous allons voir dans ce paragraphe que grâce au Théorème du Seuil on peut montrer que pour empêcher une maladie contagieuse de se développer il n'est en fait pas nécessaire de vacciner toute une population (comme on pourrait le penser !), il suffit pour cela de ramener le nombre de sujets réceptifs en-dessous du seuil d'épidémie. C'est ce qu'on appelle « l'immunité de groupe ».

Expliquons ce phénomène.

On a vu avant que la maladie ne pouvait plus se développer si $R_0 < 1$.

L'idée est donc de **ramener artificiellement ce taux de reproduction en-dessous du seuil 1**.

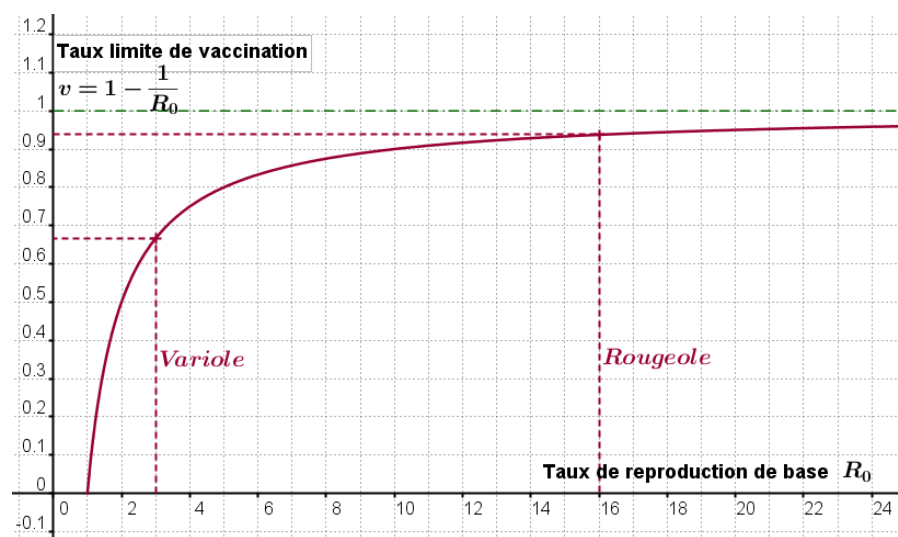
On introduit pour cela $R = p \times R_0$, où R_0 est notre taux de reproduction de base, et p la proportion de susceptibles au temps 0, proportion qu'on va chercher à réduire grâce à la vaccination de façon à faire basculer R en dessous du seuil 1 pour lequel la maladie ne peut pas survivre.

Initialement $p = S(0) = 1$. Si la proportion de personnes vaccinées est v , et qu'on suppose $S(0) = 1$, alors la nouvelle proportion de personnes susceptibles est $p = 1 - v$.

- 1) Montrer qu'alors l'épidémie n'aura pas lieu dès lors que $v > 1 - \frac{1}{R_0}$.
- 2) En déduire dans les cas suivants le pourcentage de personnes à vacciner (ou qu'il aurait fallu vacciner) dans la population donnée pour enrayer l'épidémie.

	Taux de reproduction de base $R_0 = \beta \times \lambda$	Proportion de susceptibles limite $p = \frac{1}{R_0}$	Taux de vaccination limite $v = 1 - \frac{1}{R_0}$
Peste Bubonique (Eyam, GB, 1965-1966)	1,53	0,654	34,6%
Variole (Smallpox)	3	0,333	66,7%
Grippe saisonnière sévère	3,6	0,278	72,2%
Polio	5	0,2	80,0%
Rougeole (Measles)	16	0,0625	93,8%
Malaria	100	0,01	99,9%

Il est donc clair pourquoi la vaccination a permis de faire disparaître complètement la variole ($R_0 = 3$, $v \approx 67\%$), alors qu'il reste des cas de rougeole car le taux de vaccination nécessaire n'est pas toujours atteint ($R_0 = 16$, $v \approx 94\%$). On comprend aussi pourquoi il est si difficile de contrôler le paludisme ($R_0 > 100$, $v > 99,9\%$).



La vaccination ne protège pas que l'individu, elle protège aussi la population dans son ensemble. Pour lutter efficacement contre un danger d'épidémie, il n'est pas nécessaire par exemple de vacciner toute une population, il suffit de ramener le nombre de sujets réceptifs en-dessous du seuil.

5. Une autre application de R_0 : Prédire l'ampleur de l'épidémie

Une fois le taux de reproduction de base R_0 déterminé, on peut prévoir l'ampleur de l'épidémie (si rien n'est fait pour diminuer ce taux de reproduction).

En effet on peut démontrer (et ici nous l'admettons) que la proportion d'individus susceptibles n'ayant pas été touchés par une épidémie donnée dans une population donnée se stabilise à la fin de l'épidémie à une valeur S_∞ qui vérifie l'égalité :

$$S_\infty = \exp(-(1 - S_\infty)R_0).$$

Pour un R_0 donné, pour trouver le S_∞ correspondant il s'agit donc de résoudre l'équation $x = \exp(-(1 - x)R_0)$ (1).

- 1) Il y a une solution évidente : laquelle ? (Aide : il s'agit d'une constante...)

Mais y en a-t-il d'autres ?

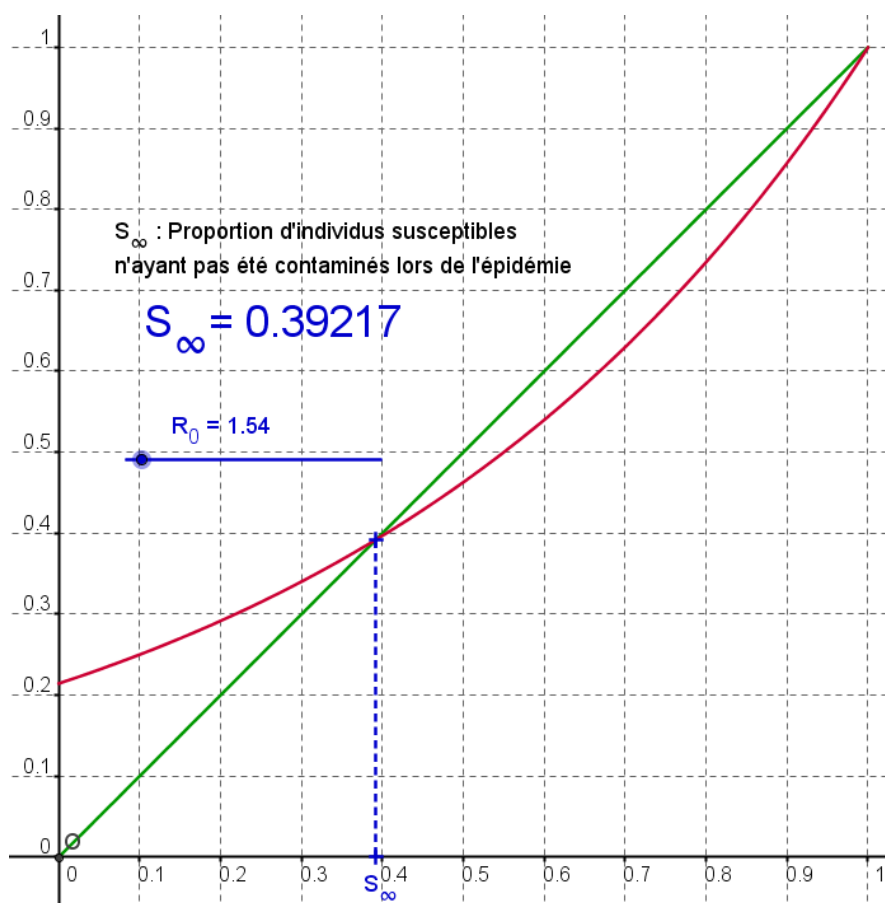
- 2) Introduisons la fonction h définie sur $[0;1]$ par : $h(x) = \exp(-(1 - x)R_0) - x$ (où R_0 est un nombre réel strictement supérieur à 1).

Montrer que l'équation $h(x) = 0$ admet exactement une solution sur $[0;1[$. On note cette solution S_∞ .

- 3) Pour chacune des valeurs de R_0 ci-dessous, donner une valeur approchée à 10^{-2} près de S_∞ .

Voir aussi :

► Fichier Geogebra [SIR-S_infini.gwb](#) permettant une résolution graphique de l'équation (1), où R_0 est modifiable à l'aide d'un curseur.



6. D'autres modèles ?

On trouvera sur le site Interstices de l'INRIA à la page suivante [des simulations](#) pour des modèles S.I.R. évolués :

- Prise en compte la mortalité liée à la maladie (distinguer les malades et les rétablis) ;
- Prise en compte d'une période d'incubation/latence (modèle S.E.I.R) : une fois contaminés, les individus ne sont pas immédiatement contagieux.

Il existe encore bien d'autres modèles basés sur le modèle S.I.R., parmi eux :

- Prise en compte de la démographie (taux de natalité et taux de décès) ; ce modèle permet entre autres d'étudier les épidémies « récurrentes » où le groupe des susceptibles est reconstitué grâce aux nouvelles naissances ;
- Prise en compte de la démographie et distinction morts/guéris, simulation par l'ENS Cachan Bretagne [ici](#) ;
- Cas où il n'y a pas d'immunité (modèle S.I.S.), cas où l'immunité n'est que temporaire (modèle S.I.R.S.)

