

---

# Comprendre et freiner la propagation du coronavirus par le numérique en passant par le Big Data et la modélisation mathématique

Mars 2020  
Ndiaye Dia  
Promotion 2017 from Ecole Polytechnique of Paris

## Introduction

Depuis décembre 2019, le monde fait face à une crise sanitaire majeure. Ceci est dû à l'apparition d'un nouveau coronavirus, appelé COVID-19 et désormais répartis dans quelques 150 zones et pays à travers le monde. Le nombre de cas confirmés prolifère quotidiennement et une urgence internationale a été décrétée par l'OMS. Nous observons chaque jour une augmentation exponentielle du nombre de cas atteints par le coronavirus, des structures médicales envahies par des patients infectés, des restrictions de voyage mises en place, les chaînes d'approvisionnement perturbées et une préparation à d'autres scénarios défavorables. Alors que la recherche sur les vaccins s'est accélérée dans le cadre d'un effort mondial, nous nous sommes orientés vers la question à savoir comment la modélisation mathématique et numérique, en passant par le big data pourrait être un moyen efficace et adaptable à chaque zone touchée par le coronavirus afin d'aider à la sensibilisation, la communication, et la prise de décision face à la lutte contre la contamination progressive liée au COVID-19 ? Il s'agit d'un autre phénomène mondial, qui utilise la science des données ouvertes et le crowdsourcing pour comprendre l'évolution de certains phénomènes en proposant de nouvelles méthodes pour aider à la prise de décision. Ainsi, pour répondre à cette question, dans cette étude, à travers une modélisation mathématique, nous présenterons des résultats numériques sur comment l'utilisation du Big Data serait-elle un moyen efficace pour non seulement comprendre et freiner la propagation du coronavirus à l'intérieur d'un territoire, mais aussi proposer des solutions prédictives afin d'éviter la contamination dans d'autres territoires.

.

## Contents

<b>1</b>	<b>Modèles mathématiques</b>	<b>1</b>
1.1	Le modèle SIR . . . . .	1
<b>2</b>	<b>Résultats numériques et prédictions</b>	<b>4</b>

## 1 Modèles mathématiques

### 1.1 Le modèle SIR

Dans cette partie, nous présentons un modèle mathématique permettant de comprendre le processus de propagation d'une épidémie et donc du nouveau coronavirus au sein d'une population. Ce modèle a été inspiré d'un autre modèle dont le but était d'étudier les modes d'interactions dans une population donnée. Par définition, le modèle SIR est une sorte de modèle qui en divisant une population en compartiments permet de décrire la dynamique d'une maladie infectieuse au sein de cette population.

Le modèle suppose une division de la population en trois compartiments principaux en fonction de différents paramètres:

- Susceptible
- Infectieuse
- Rétablie

Chacun de ces paramètres a une signification particulière dans la modélisation mathématique de la propagation d'une épidémie et du COVID-19 en particulier.

Les Susceptibles constituent un groupe de personnes que l'on suppose pouvoir développer des symptômes de la maladie sous peu de temps, car ayant été en contact avec des personnes infectées. Le groupe des infectieux représente les personnes infectées par le virus. Ils peuvent transmettre la maladie à des personnes sensibles avec qui ils sont ou ont été en contact. Le groupe des personnes rétablies bénéficiant de l'immunité après avoir été infectées par le virus. Ceci leur permet de ne plus être sensible à une future infection du même virus.

Ainsi, le modèle mathématique que nous présentons permet de simuler le coronavirus à plusieurs niveaux, allant de la façon dont la maladie influence les interactions entre les cellules d'un même patient (modèles intra-hôtes) à la façon dont elle se propage sur plusieurs populations géographiquement séparées (modèles de méta-population). Nous allons particulièrement nous restreindre dans le cadre décrivant comment le nombre de personnes dans chacun des trois groupes prédéfinis peut changer au fil du temps.

Le modèle nous permet de décrire le nombre de personnes dans chaque compartiment avec une

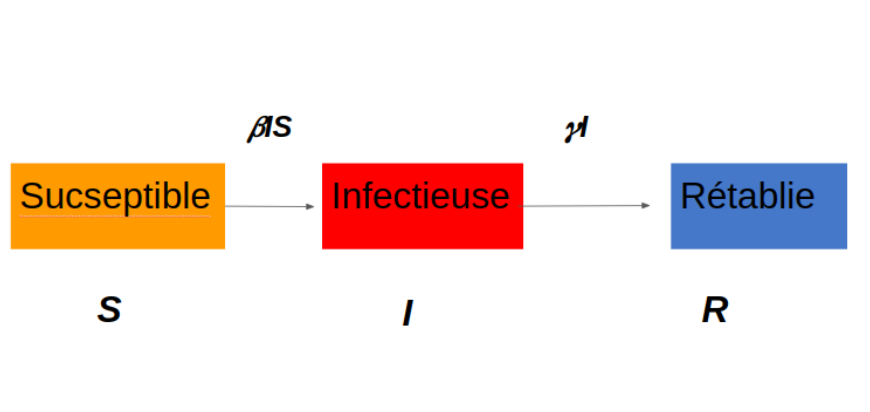


Figure 1: Architecture du modèle

équation différentielle ordinaire.

$\beta$  est un paramètre contrôlant à quel point la maladie est transmissible par exposition. Elle est déterminée par le risque de contact et la probabilité de transmission de la maladie.  $\gamma$  est un paramètre contrôlant à quel point la maladie peut être guérie dans une période spécifique. On suppose aussi qu'une fois que les gens guérissent, ils obtiennent l'immunité. Et donc Il n'y a aucune chance pour qu'ils redeviennent sensibles.

Ci-dessous, nous avons deux formulations mathématiques du modèle :

Une formulation dimensionnelle et une formulation non-dimensionnelle qui est une simplification

du modèle dimensionnel en éliminant les unités des différentes variables.

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta SI \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I \end{cases} \quad (2)$$

Nous considérons la configuration suivante :

$(S, I, R) = (x, y, z)$  et  $(t, \beta, \gamma) = (\tau t, \tau^{-1} \rho, \tau^{-1} \sigma)$  Le modèle devient alors

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = -\rho xy \\ \frac{dy}{dt} = \rho xy - \sigma y \\ \frac{dz}{dt} = \gamma I \end{cases} \quad (2)$$

La résolution de ce système d'équations différentielles montre que le coronavirus se propage d'une manière exponentielle au sein d'une population (à vérifier par les résultats numériques).

$$\begin{cases} x(t) = e^{-\rho xy t} \\ y(t) = e^{(\rho xy - \sigma y) t} \\ z(t) = e^{\sigma y t} \end{cases} \quad (2)$$

Nous supposons de ne pas considérer l'effet du taux de mortalité ou de natalité naturelle, car le modèle SIR suppose que la période exceptionnelle de la maladie est beaucoup plus courte que la durée de vie de l'homme. C'est pourquoi, il sera très important d'estimer les paramètres  $\beta$  et  $\gamma$ . La combinaison de ces deux paramètres donne un nouveau paramètre noté  $R_0$ , très important dans la compréhension de la dynamique d'une maladie infectieuse au sein d'une population. Ainsi déterminer  $R_0$  est une étape fondamentale pour modéliser la propagation du coronavirus au sein d'une population donnée.  $R_0$  représente essentiellement une mesure de la contagiosité du virus. En termes simples,  $R_0$  est le nombre moyen de personnes dans une population sensible à laquelle une seule personne infectée propagera la maladie au cours de son infection. Si elle est élevée, la probabilité de pandémie est également plus élevée.

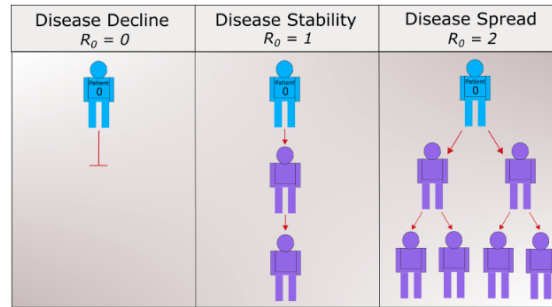


Figure 2:  $R_0$

Alors trois cas de figure se présentent :

Si  $R_0 < 1$ ,

- En moyenne une personne infectée contamine moins d'une personne.
- Et donc la maladie devrait cesser de se propager

Si  $R_0 = 1$ ,

- Une personne infectée contamine en moyenne une personne
- La propagation de la maladie est stable ou endémique, et le nombre d'infections ne devrait ni augmenter ni diminuer.

Si  $R_0 > 1$ ,

- En moyenne une personne infectée contamine plus d'une personne.
- Si aucune mesure ferme n'est prise, la maladie devrait se propager de plus en plus. C'est exactement ce scénario qui est observé dans le monde actuellement.

Ainsi, en se basant sur ces variations de  $R_0$ , la détermination de sa valeur permettra de répondre à certaines questions sur la propagation du coronavirus : Comment, avec quelle vitesse et dans quelles conditions le virus se propage au sein d'une population, quelles mesures faut-il envisager pour freiner sa propagation, dans quelles conditions la contamination cessera-t-elle.....?

## 2 Résultats numériques et prédictions

Dans cette partie, nous essayerons de répondre aux questions de la partie précédente, en présentant quelques résultats numériques que nous avons obtenus sur la propagation du COVID-19 dans le monde.

Nous avons commencé par estimer les paramètres  $\beta$  et  $\alpha$  pour adapter le modèle SIR aux cas confirmés réels (nombre de personnes infectieuses).

Cette figure permet de comprendre la propagation du coronavirus à l'intérieur d'une popu-

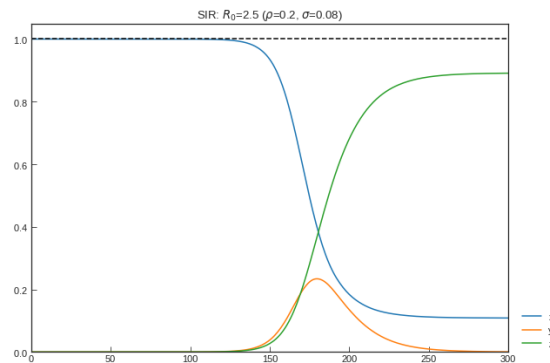


Figure 3: Propagation du coronavirus en fonction des différents paramétrés du modèle

lation donnée. Comme nous pouvons le voir, le nombre de personnes infectées prend une allure exponentielle jusqu'à atteindre un pic. Dès que ce pic est atteint, nous observons un changement d'allure des courbes représentant le nombre de personnes susceptibles et le nombre de personnes rétablies. La première décroît d'une manière exponentielle alors que la dernière croît progressivement. Ce processus de progression du coronavirus peut se produire dans deux cas de figure : D'abord par l'immunité de groupe qui consiste à laisser une fraction suffisante de la population atteinte par le virus afin d'être immunisée, et donc on peut empêcher la propagation de la même

épidémie dans le futur. Mais ceci est un acte irresponsable car laisser le virus contaminer une grande partie de la population dans un premier temps, plutôt que d'éviter sa propagation, provoquera un grand nombre de décès, et donc cette solution n'est pas conseillée.

Ensuite, mettre en place une politique de confinement afin d'encourager les gens à rester chez eux. le principe consiste à diviser la population en trois compartiments :

- Un premier regroupant l'ensemble des personnes déjà infectées par le virus et qui sont sous traitement.
- Un deuxième compartiment permettant de mettre en quarantaine toutes les personnes suspectées d'avoir été en contact avec une personne infectée.
- Un dernier regroupant toute la population saine, c'est à dire toutes les personnes n'ayant jamais été en contact avec un individu classé dans l'un des deux premiers compartiments.

Ce résultat montre qu'avec la vitesse de progression actuelle du coronavirus dans le monde, et

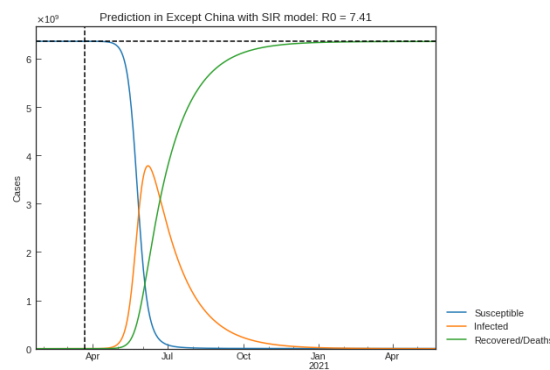


Figure 4: Propagation du COVID-19 dans tous les pays affectés sauf la Chine depuis Décembre 2019

avec les efforts médicaux, technologiques.... fournis jusque là, il faut attendre janvier 2021 pour une éradication complète de la contamination dans le monde. Mais ce résultat laisse de fortes disparités derrières car certains pays vont très rapidement rentrer dans la phase de freinage de la contamination.

## References

- [1] JENNIFER CIARACHI : How covid-19 and other infectious diseases spread: Mathematical modeling.
- [2] Covid-19 dynamics with sir model.
- [3] LISPHILAR : Covid-19 data with sir model.