

UE Ingénierie et simulation numérique

Rapport de projet

Influence de la fermeture des écoles sur la propagation d'une épidémie en modèle SIR : exemple du Covid-19

Résumé : Au cours de ce projet, notre objectif était de simuler numériquement la propagation d'une épidémie en modèle SIR au sein d'une école. Nous avons observé les effets de différentes interventions pour freiner l'épidémie : tester et isoler successivement les sujets malades susceptibles de créer un foyer épidémique, fermer les classes où les foyers épidémiques naissent, ou encore fermer totalement l'école pour une durée donnée afin de ralentir l'épidémie. Pour cela, nous avons établi un réseau dont la matrice d'adjacence définit les contacts entre chaque individu. Nous l'avons modifiée lors de différentes simulations se basant sur plusieurs paramètres : ceux de l'épidémie, mais aussi la probabilité de détection d'un individu malade, et ceux des interventions mises en place. Nous sommes parvenues à la conclusion que toutes les interventions étaient utiles, mais ne fonctionnaient que pour des valeurs du taux de migration de l'épidémie relativement faibles. En particulier, plus l'intervention est légère, moins elle est efficace lorsque l'épidémie a un fort taux de migration. La fermeture temporaire de l'école reste la plus efficace pour ralentir l'épidémie.

Table des matières :

1. Introduction	3
2. Méthodes	3
2.1. Modèle initial	3
2.1.1. Constitution du réseau et de la matrice d'adjacence	3
2.1.2. Modèle SIR	5
2.2. Interventions sur le réseau	6
2.2.1. Tests et isolement successif des individus positifs et détectés	6
2.2.2. Fermeture d'une classe en cas d'une contamination	7
2.2.3. Fermeture totale de l'école	7
3. Résultats	8
3.1. Modèle initial	8
3.1.1 Constitution de la matrice d'adjacence	9
3.1.2. Modèle SIR	9
3.1.3. Influence des taux de migration et d'extinction sur l'infection	10
3.2. Interventions sur le réseau	13
3.2.1. Tests et isolement successif des individus positifs et détectés	13
3.2.2. Fermeture d'une classe en cas d'une contamination	16
3.2.3. Fermeture totale de l'école	20
3.2.4. Comparaison des différentes méthodes et de leur efficacité sur le nombre d'infectés	23
4. Discussion et conclusion	26
Bibliographie	28
Annexe	29
Glossaire des variables utilisées :	

<u>Nom de la variable</u>	<u>Définition</u>	<u>Valeur(s) attribuée(s)</u>
detection	Data frame du statut de détection de chaque individu : \$identifiant, \$infectdetect, \$tempsdet	Variables
e	Taux d'extinction de l'épidémie	Entre 5 et 10%
etatclasses	Data frame du statut de chaque classe : \$etat, \$tferm	Variables
m	Taux de migration de l'épidémie	Entre 1 et 5%
inf_enf	Vecteurs contenant les indices des enfants infectés à un temps t	Variables
infection	Matrice établie en calculant la susceptibilité d'être infecté de chaque individu	Variables
isol	Liste d'indices d'individus à isoler ou réisoler à chaque début de boucle de temps	Variables
N	Effectif total de la population	200
nb_classes	Nombre de classes dans l'école étudiée	4
nb_infec_init	Nombre de personnes malades au début de l'épidémie	5
Nenf	Nombre d'enfants	100
nT	Temps durant lequel la simulation tourne	150
nvxdetect	Vecteurs des nouveaux individus malades détectés à un temps t	Variables
probaAA	Probabilité que 2 adultes soient en contact	5%
pdetect	Probabilité de détection d'un individu malade	20%
statut_ecole	Data frame du statut de l'école : \$detect : 0=ouverte ; 1=fermée, \$tpsdet : 0 par défaut, ou entre 1 et nT	Variables
tpsfermC	Temps de fermeture d'une classe en cas de contamination	3
tpsfermE	Temps de fermeture de l'école en cas de contamination	21

Xini	Vecteur de taille N contenant des 0 (individus sains) ou des 1 (individus contaminés)	Variables
-------------	---	-----------

1. Introduction

La pandémie du COVID-19 a entraîné des prises de décision gouvernementales impactant fortement le quotidien des citoyens, comme la distanciation sociale, ou la fermeture d'établissements regroupant de grands effectifs d'individus. Cela soulève la question de l'efficacité de telles mesures face à la propagation d'un virus, qui doit être évaluée pour déterminer un compromis entre santé publique et contraintes/privation sociale notamment. Cette année, nous avons assisté à plusieurs périodes de fermeture des établissements scolaires, pour limiter la propagation de l'épidémie.

En mars 2021, le Conseil scientifique recommandait de ne fermer les écoles qu'en «dernier recours» [1] : «La fermeture d'écoles apparaît comme une mesure sanitaire extrême de dernier recours, dès lors que des protocoles sanitaires efficaces existent».

Cependant, le 20 avril 2021, le Conseil déclare qu'il soutient la fermeture des établissements scolaires jusqu'à la rentrée 2021 [2], mais il "prend acte de la décision politique prenant en compte les enjeux sanitaires mais aussi sociétaux et économiques, de réouverture progressive et prudente". La réouverture des établissements par le gouvernement se fait donc contre leurs préconisations.

Ainsi, nous avons voulu déterminer l'**impact de la fermeture des écoles sur la propagation d'une maladie immunisante**, et identifier le meilleur **compromis** entre le comportement et la vitesse d'extinction de l'épidémie, et la privation sociale engendrée par la diminution de contacts entre personnes.

2. Méthodes

Afin de répondre à ces interrogations, nous avons conçu des simulations d'épidémie avec et sans interventions, et comparé leur efficacité à leur poids et coût social.

Notre projet est un programme codé en R, qui s'articule sur deux scripts :

- [fonctionprincipale.R](#) : regroupe les fonctions qui génèrent une population, ainsi que les fonctions d'affichage des graphes obtenus après simulations.
- [fonctionsSimulations.R](#) : regroupe les fonctions de simulation de propagation d'épidémie, sans et avec chaque intervention étudiée.

Le script [fonctionsReseaux.R](#) contient des fonctions impliquées dans la création de l'école.

2.1. Modèle initial

2.1.1. Constitution du réseau et matrice d'adjacence

On modélise une population comme un réseau d'individus, en contact ou pas, réciproquement ou pas, par des **nœuds** (individus) reliés par des **arêtes** (relation) doubles par défaut (réciprocité du contact), ou simples.

Dans [fonctionprincipale.R](#), on crée une population de **N** individus, dont **Nenf** enfants et **N-Nenf** adultes, tous parents de 2 enfants. Les enfants sont en contact avec d'autres enfants et les adultes de leur famille. Les adultes sont en contact avec leurs enfants et

quelques adultes (contacts pendant les courses, etc). On travaille sur la matrice d'adjacence du réseau, de taille $N \times N$, pour obtenir l'état des contacts entre chacun des individus.

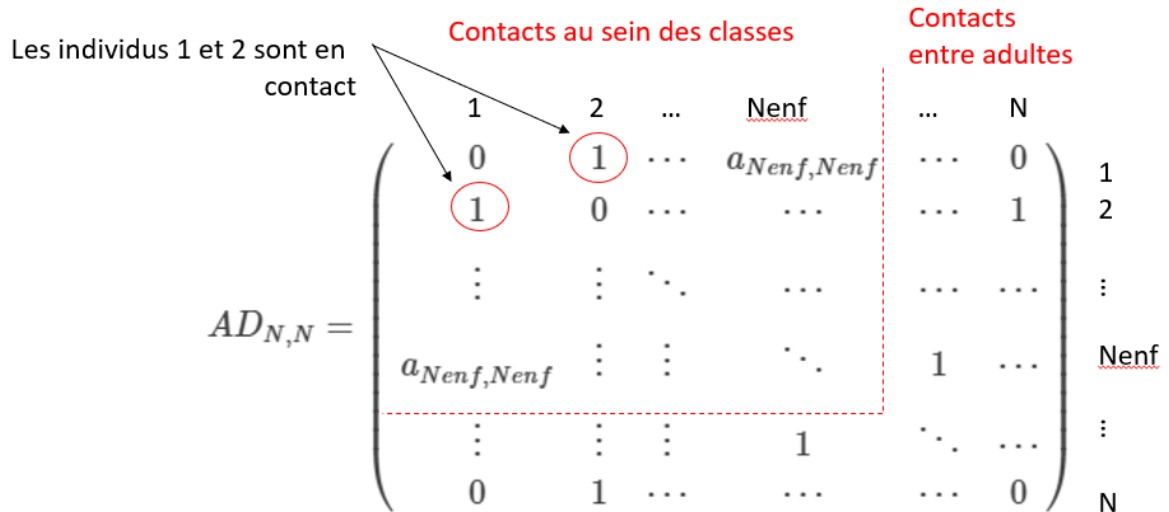
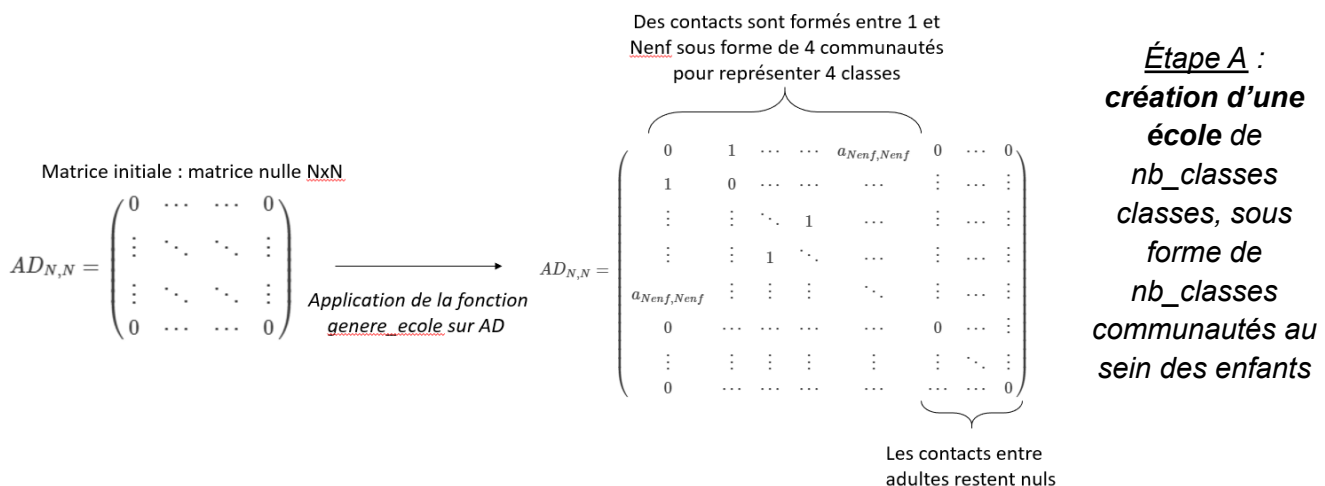
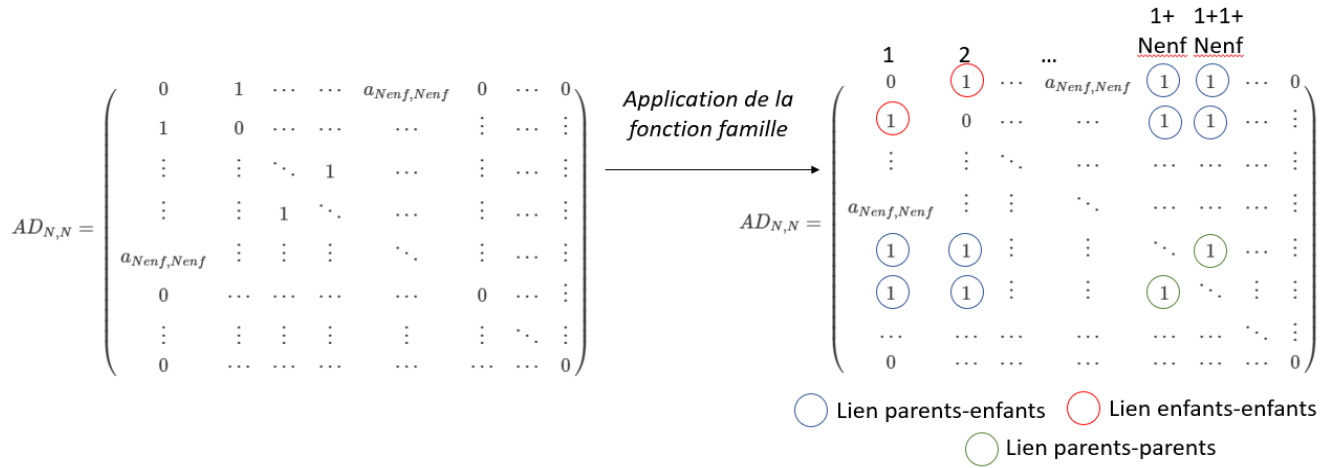


Figure 1 : Schéma d'une matrice d'adjacence. Elle est carrée, symétrique si tous les contacts sont réciproques, et sa diagonale est nulle.

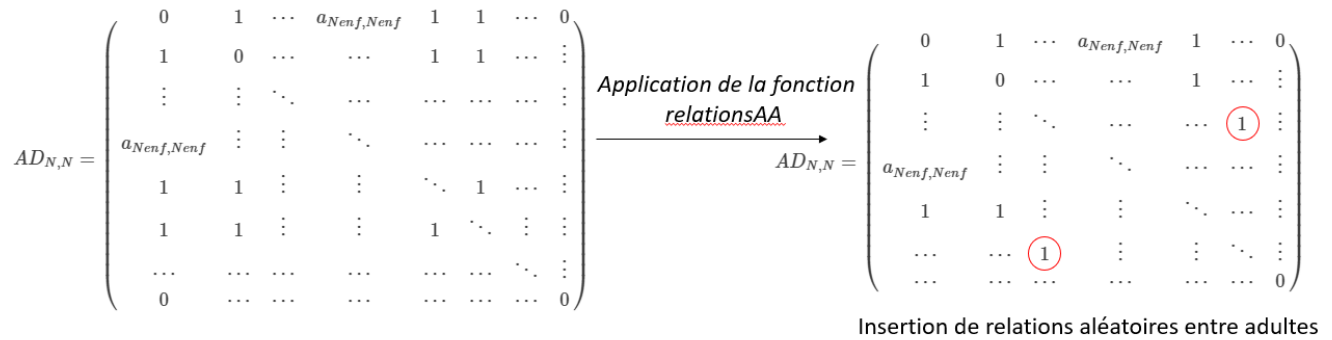
La fonction `genere_ecole()` renvoie la matrice d'adjacence d'une école à `nb_classes` classes, en créant un réseau de `Nenf` enfants, répartis dans plusieurs sous-réseaux avec la fonction `Communaute()`, codée dans `fonctionsReseaux.R`. La matrice d'adjacence du réseau global est renvoyée par `genere_pop()` qui crée une matrice de taille $N \times N$ contenant l'état du contact entre tous les individus. Cette fonction marche en trois étapes :

- on applique la matrice d'adjacence de l'école aux lignes et colonnes correspondants aux contacts entre enfants dans la matrice globale,
- on crée avec `familles()` des familles de 2 parents et 2 enfants, en établissant successivement un contact entre 2 enfants d'indices consécutifs dans la matrice, entre 2 adultes d'indices consécutifs, et entre les enfants d'indices $(i, i+1)$ et les parents $(i+Nenf, i+Nenf+1)$,
- on crée avec `relationsAA()` le contact aléatoire entre des adultes, de probabilité `probaAA` 5% pour chaque relation potentielle.





Étape B : création de liens au sein de familles de 2 enfants + 2 parents



Étape C : création de liens aléatoires entre adultes avec une faible probabilité probaAA de rencontre (courses, voisins, etc)

Figure 2 : Évolution de la matrice d'adjacence en trois étapes A, B, C, lors de la conception du réseau initial.

2.1.2. Modèle SIR

Nous travaillons sur une épidémie immunisante, donc nous avons choisi un modèle SIR, soit une répartition de la population dans 3 compartiments : **S**usceptible, **I**nfectieux, immunisé contre **R**éinfection. Par simplification, nous n'avons pas implémenté de compartiment E (exposé non infectieux) ou C (asymptomatiques contaminants), ni D (mort) car nous évaluons l'impact de l'épidémie seulement via l'évolution de I(t) et R(t).

Le script `fonctionsRéseaux.R` regroupe plusieurs fonctions de simulation d'épidémie. La fonction `SimuSIR()` est la simulation de propagation de base, sans intervention. À t_0 , `nb_infec_init` individus sont infectés, tirés aléatoirement. On initialise `Xini`, liste de l'état initial de chacun des individus, qui vaut 0 pour l'état S, et 1 pour l'état I. On fait tourner une boucle de `nT` pas de temps. À chaque t :

- Une proportion `e` d'individus **guérit** et devient immunisée : elle passe dans le compartiment R, et son état vaut 2.
- On met à jour une matrice `infection` de susceptibilité d'infection, de taille `N*N`, telle que : si un individu i est en contact avec un individu j dans l'état I, sous réserve du

taux de contamination m , on a 1 en (i,j) . L'élément vaut 0 sinon. Selon les valeurs d'infection, on considère nouvellement **infecté** ou pas chaque individu dans la liste des états.

- On **stocke les états** dans **statut**, matrice de taille $nT \times N$, dont chaque ligne t est la liste des états de chaque individu au pas de temps t . Elle est renvoyée par la fonction à la fin de la boucle.

2.2. Interventions sur le réseau

Toute intervention efficace nécessite de détecter quels individus sont infectés au cours du temps. Or, dans la pratique, cette détection n'est pas systématique pour plusieurs raisons : tests faux négatifs, individus asymptomatiques non testés, temps d'incubation pendant lequel l'infecté peut être déjà infectieux, etc.

On implémente donc une condition de détection par la probabilité **pdetect**, qui implique la possibilité que l'un de ces événements survienne. À chaque t , on applique **pdetect** à tous les infectés, qu'ils le soient depuis t ou avant. Cela aboutit *in fine* à une diminution de la probabilité de non-détection de l'infection d'un individu au cours du temps.

À chaque t , on met à jour le data frame **detection** qui contient :

- **\$identifiant** : liste des identifiants de chaque individu (1 à N),
- **\$infectdetect** : 1 si l'individu est détecté puis 2 après tpsisolement, 0 sinon,
- **\$tempsdet** : liste des temps auxquels les individus détectés l'ont été, ou 0 s'ils n'ont jamais été détectés,

grâce à la liste **nvxdetect**, qui est celle des infectés détectés à t , d'après `which(rbinom(N,1,pdetect)==1)`. Celle-ci est actualisée après chaque nouvelle phase d'infection et de détection.

2.2.1. Tests et isolement successif des individus positifs et détectés

La fonction **SimuSIR_isol()** est une modification de la fonction **SimuSIR()**.

- Les contacts varient à chaque t , donc au début de chaque nouvelle boucle, on recopie la matrice d'adjacence introduite en argument de la fonction, qui est celle construite au début du programme, dans le script principal.
- **Mise à jour de la matrice** : avant de relancer une nouvelle phase de contamination basée sur la matrice d'adjacence, il faut remettre celle-ci à jour. On parcourt les indices des individus du data frame **detection** qui sont infectés et ont été détectés, à l'aide d'une boucle `for` sur la condition `which(detection$infectdetect == 1)`. Cela permet, pour chacun de ces individus ayant été détectés, de les garder isolés durant **tpsisolement** grâce à l'information contenue dans **detection\$tempsdet** qui nous permet de savoir quand ces individus ont été détectés : pour chaque individu i , on calcule $t - \text{detection\$tempsdet}[i]$: si cette différence est supérieure à **tpsisolement**, l'individu passe au statut 2 dans **detection\$infectdetect** et n'est plus isolé. Sinon, il reste à l'état 1, et on l'**isole** dans la matrice d'adjacence, à partir de la liste **isol**.

Après cela, la fonction reprend le fonctionnement de `SimuSIR()` : une proportion d'individus est **guérie** (ce qui est indépendant de leur éventuel isolement), puis une nouvelle vague d'**infections** a lieu, modifiant l'état de certains individus.

- On définit ensuite pour chaque t la liste d'indices `nvxdetect`, c'est-à-dire les individus qui:
 - ont été infectés : `statut[t,] == 1`
 - ont été détectés au temps t : `rbinom(N,1,pdetect) == 1`
 - n'avaient pas encore été détectés : `detection$detect == 0`

Le **statut de détection** de ces individus est alors actualisé : ils passent à l'état 1 dans `detection$infectdetect`, et le temps t de leur détection est stocké dans `detection$tempsdet`. On sait alors qu'ils ont été détectés, et à quel temps t . Cela permettra de les isoler au prochain temps t .

La matrice `statut` est renvoyée.

2.2.2. Fermeture d'une classe en cas d'une contamination

La fonction `SimuSIR_classe()` fonctionne en plusieurs étapes.

- À chaque t , on utilise une copie réinitialisée de la matrice d'adjacence. Donc on la met à jour, grâce au data frame `etatclasses`. Celui-ci contient :
 - `$etat` : 0 si la classe est ouverte, 1 si elle est fermée,
 - `$tferm` : pas de temps correspondant à la fermeture de la classe,
 - On **réisole** les enfants de chaque classe fermée, si la classe est fermée depuis moins de `tpsfermC` d'après `etatclasses$tferm`. Si on a dépassé `tpsfermC`, l'état et le temps correspondants sont réinitialisés.
 - On réisole la population à isoler de manière générale (adultes compris).

Une proportion e d'infectés **guérit** et passe à l'état R. La guérison et la fin de l'isolement restent indépendantes. La nouvelle étape de **contamination** s'opère.

- On **détecte** de nouveaux infectés, et on actualise le data frame `detection`. Ils seront isolés pendant `tpsisolement` au début du prochain tour.
- On **ferme la classe** des enfants infectés **nouvellement détectés** : on change son état dans `etatclasses`. Les enfants de cette classe seront isolés lors de la mise à jour de la matrice d'adjacence au début du tour suivant $t+1$, avant la prochaine contamination. Ainsi, une classe est fermée pendant `tpsfermC` après le dernier cas d'infection en son sein.

La matrice `statut` est renvoyée.

2.2.3. Fermeture totale de l'école

La fonction `SimuSIR_ecole()` est semblable aux autres puisqu'on intervient sur la matrice d'adjacence. On y implémente un data frame sur l'état des individus, mais aussi sur l'école, nommé `statut_ecole`, avec 2 colonnes : `$detect`, qui indique si l'école est considérée

comme infectée (0 = saine, 1 = infectée) et `$tpsdet` qui indique le temps de la détection de l'infection si elle a lieu. On introduit aussi la variable `tpsfermE`, qui est le temps de fermeture de l'école.

- A chaque temps `t`, on réinitialise la matrice d'adjacence. Donc on referme ou pas l'école, et on **réisole** les individus en isolement.
Il y a deux situations : soit certains enfants sont malades, mais pas suffisamment pour fermer l'école, soit l'école est fermée. On intervient ainsi :
 - On définit la liste `isol` qui identifie les individus à isoler, c'est-à-dire ceux ayant été infectés (`detection$infectdetect == 1`) dans les 10 derniers jours (`t - detection$tempsdet < tpsisolement`). On les **isole** en ramenant à 0 les lignes et colonnes des indices correspondants dans la matrice.
 - On vérifie ensuite si l'école a été **fermée** (`statut_ecole$detect == 1`), et si oui, depuis combien de temps (`t - statut_ecole$tpsdet`). Si l'école est contaminée depuis moins de `tpsfermE`, on réduit tous les contacts entre enfants à 0. Si on atteint `tpsfermE`, alors on actualise `statut_ecole`.
 - On appelle la fonction `familles()` pour conserver les liens familiaux.

S'ensuivent les étapes de **guérison** et de **contamination**, identiques à celles de la fonction `SimuSIR()`.

- On **détecte** de nouveaux infectés, et on actualise le data frame `detection`. Ils seront isolés pendant `tpsisolement` au début du prochain tour, notamment les enfants détectés, même sans fermeture de l'école.
- On regroupe les indices des enfants infectés et détectés dans la liste `inf_enf`, qui contient les individus:
 - infectés : `statut[t,] == 1`
 - détectés au temps `t` : `rbinom(1,N,pdedect) == 1`
 - n'ayant pas été détectés au préalable : `detection$detect == 0`
 - qui sont des enfants : `detection$id <= Nenf`

Pour savoir si l'école **ferme**, on instaure une condition : si plus de 5 enfants sont détectés, (*i.e.* si `length(inf_enf) >= 5`), et que l'école n'a pas encore été fermée (*i.e.* si `statut_ecole$detect == 0`), alors on note le temps `t` où le nombre d'enfants infectés a dépassé la limite dans `statut_ecole$tpsdet`. Ce temps nous permettra d'isoler les enfants les uns des autres, donc fermer l'école, pendant une durée de `tpsfermE = 21` jours [3].

La matrice `statut` est renvoyée.

3. Résultats

Les résultats sont produits par des commandes du script `fonctionprincipale.R`.

3.1. Modèle initial

3.1.1 Constitution de la matrice d'adjacence

Nous avons construit notre matrice d'adjacence en plusieurs étapes :

- construction de **nb_classes** classes d'enfants
- construction de familles de 4 personnes
- construction de liens aléatoires entre adultes

La construction des classes au sein de l'école se fait via la fonction **Communaute()** qui permet d'établir 4 groupes d'enfants formant 4 classes dans notre école. Nous avons choisi de prendre **Nenf = 100** et **N = 200**, soit 100 enfants et 100 adultes.

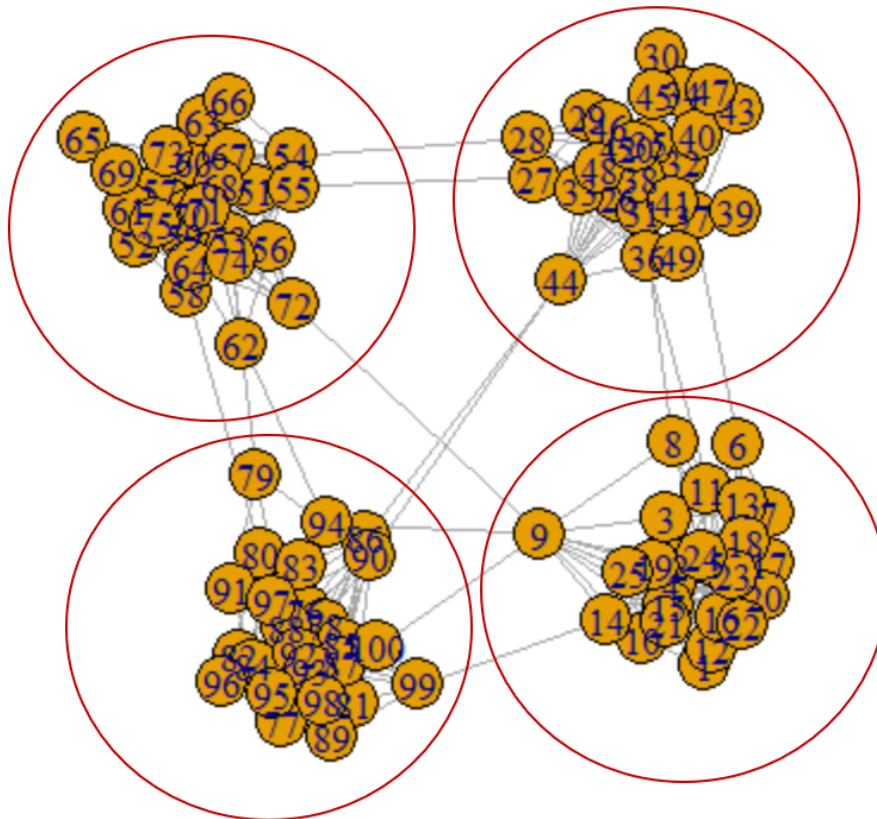


Figure 3 : Plot renvoyé par la fonction **genere_ecole()**. Chaque cercle rouge représente une classe. Les individus sont numérotés et reliés par des arêtes représentant leurs relations.

Les relations intra-familiales et inter-adultes sont ensuite définies et permettent de finaliser la matrice d'adjacence sur laquelle nous travaillons.

3.1.2. Modèle SIR

Le modèle SIR dépend de plusieurs variables: le taux de contamination **m**, le taux de guérison **e**, la matrice d'adjacence **AD**, les personnes initialement infectées **Xini**, et le temps de simulation **nT**. Ce modèle varie fortement, en particulier en fonction des paramètres **m** et **e**. En particulier, on distingue 4 cas :

- **m** très grand, pour tout **e** : l'épidémie est très rapide, une majorité de la population est contaminée dans les premiers jours de la simulation et l'immunisation collective est obtenue très rapidement.
Ordre de grandeur (O.G.) : $m > 5\%$
- **e** très grand et **m** très grand : l'épidémie démarre aussi très vite, mais il y a beaucoup moins d'infectés. L'immunisation est rapidement obtenue aussi.
O.G. : $e > 20\%$
- **e** et **m** se compensent : l'épidémie est plus longue, et toute la population n'atteint pas l'immunisation. Il arrive sur certaines simulations que l'épidémie ne démarre pas du tout (Figure 4).
O.G. : $m = 1-3\%$, $e > 20\%$
- **e** très grand et **m** très faible : l'épidémie est très faible, peu d'infections et donc peu d'immunisés. Elle se stabilise très rapidement.
O.G. : $m \leq 1\%$

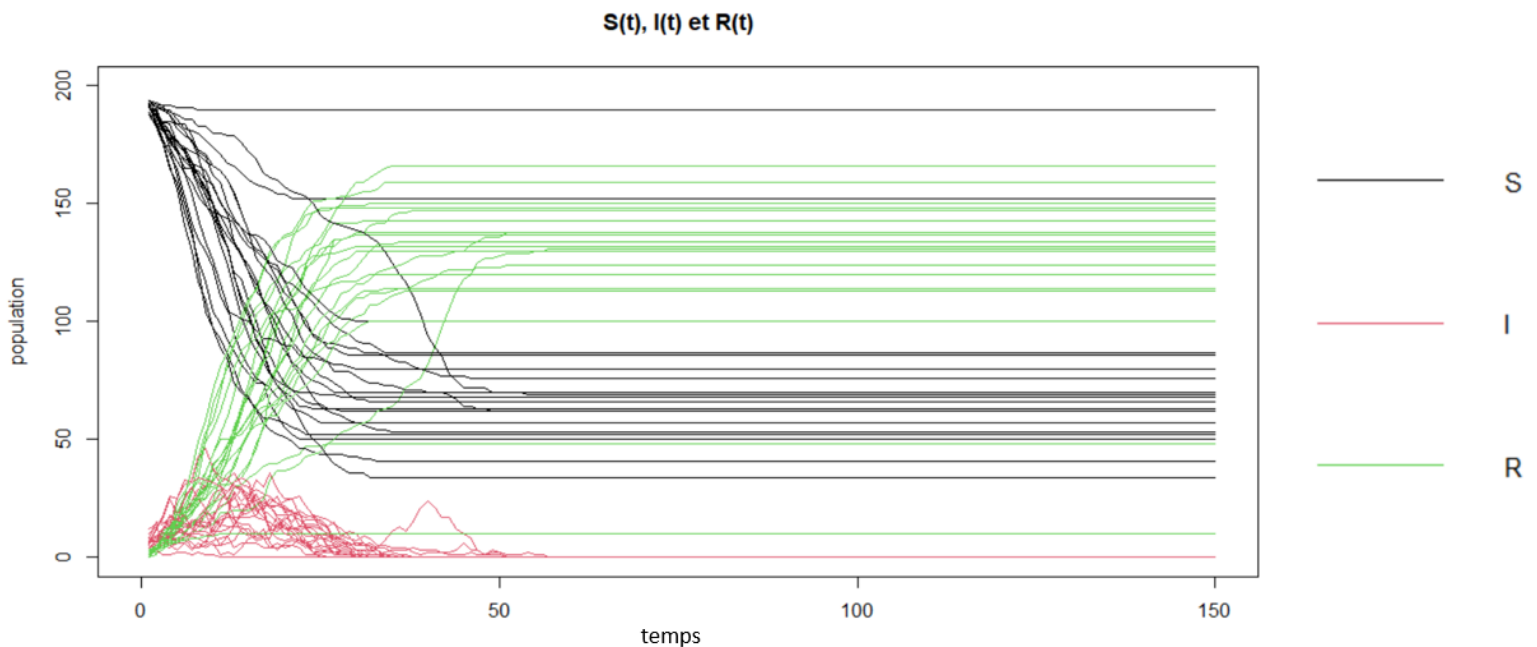


Figure 4 : Cas particulier de compensation entre **e** et **m**, ici $e = 0.3$ et $m = 0.03$.
Modèle SIR sans intervention.

Nous avons souhaité étudier l'influence de **e** et **m** sur le nombre d'infectés plus en profondeur, en fonction des différentes interventions réalisées sur le modèle.

3.1.3. Influence des taux de migration et d'extinction sur l'infection

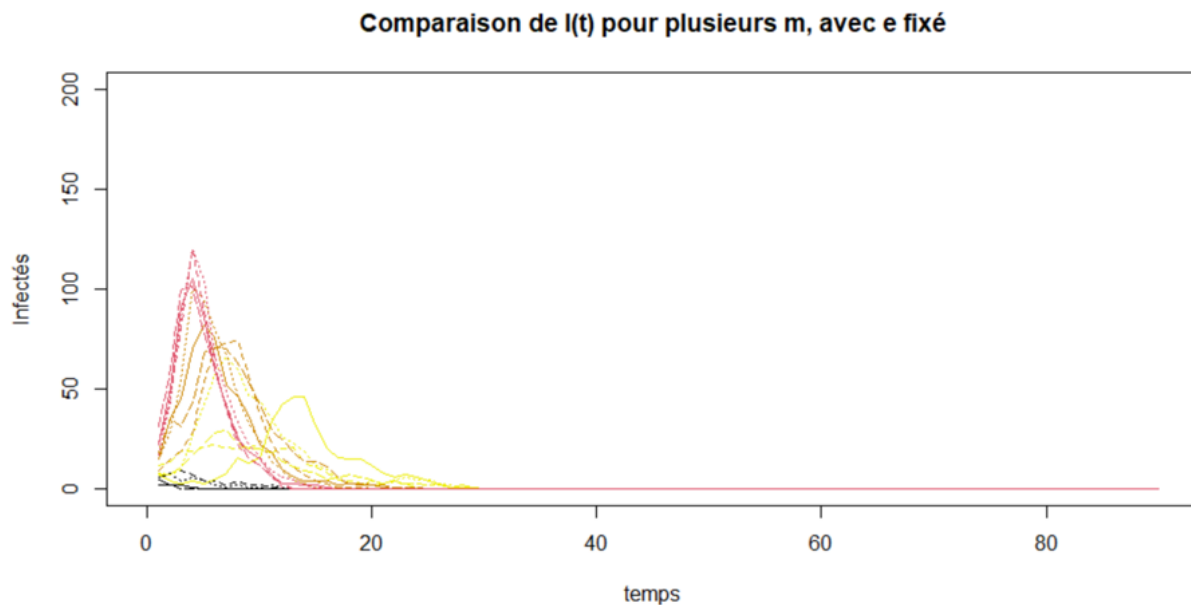
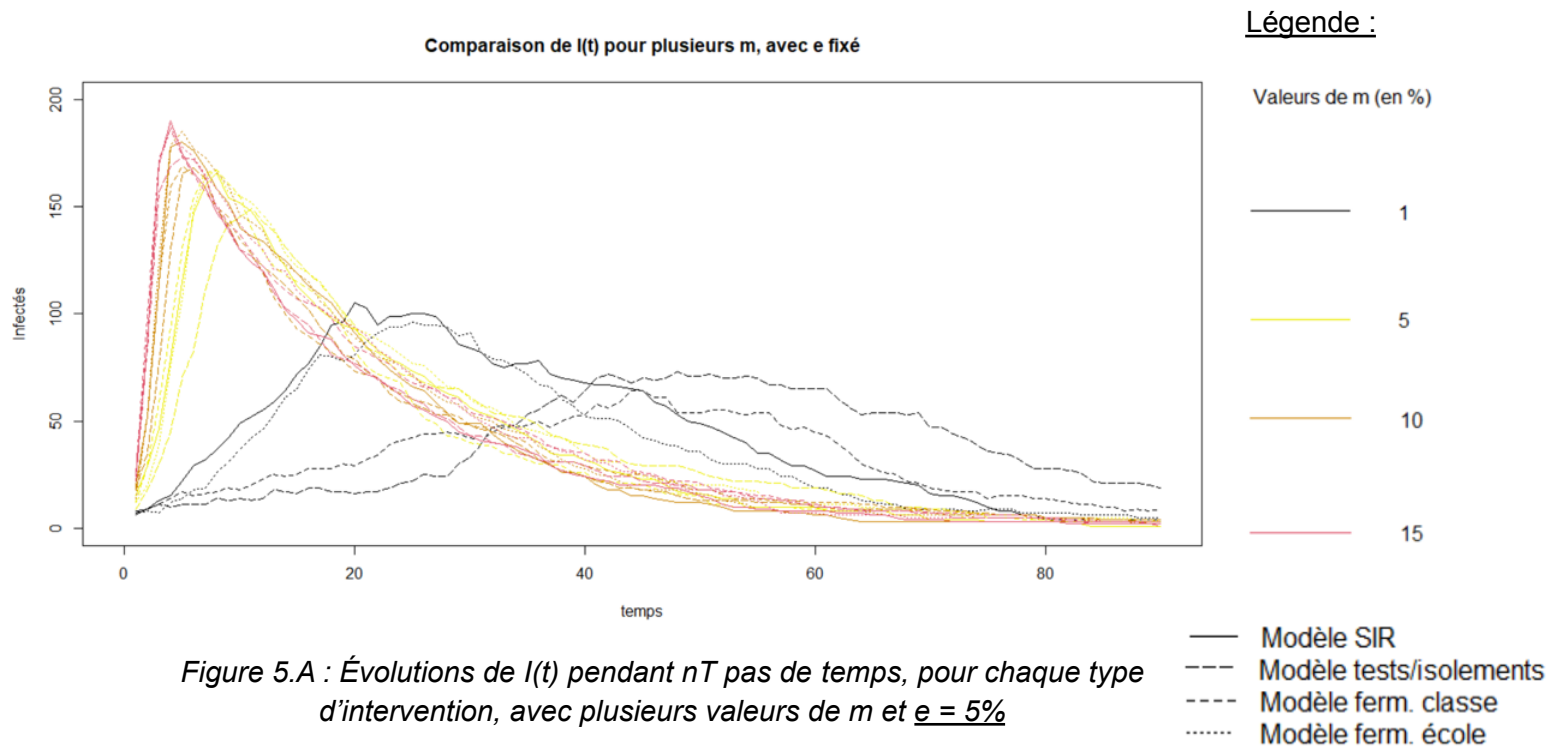
On travaille avec plusieurs valeurs de **e** et **m** pour modéliser leur influence globale sur le spectre des valeurs possibles.

Pour **m** : 1 / 5 / 10 / 15%.

Pour **e** : 1 / 5 / 10 / 15 / 20%.

Les graphes sont produits par les fonctions suivantes :

- **comparaison_I_selon_m()** : à e fixé pour différentes valeurs, on compare $I(t)$ obtenu avec chacun des 4 modèles SIR pour toutes les valeurs étudiées de m .



On remarque que pour un taux de guérison e faible, dès que m augmente ($>5\%$), les différents modes d'actions pour intervenir sur la dynamique de l'épidémie sont de moins en moins efficaces. Quand e augmente, les interventions perdent de leur efficacité pour un m plus grand ($> 10\%$).

- et vice-versa avec `comparaison_I_selon_e()` :

Légende :

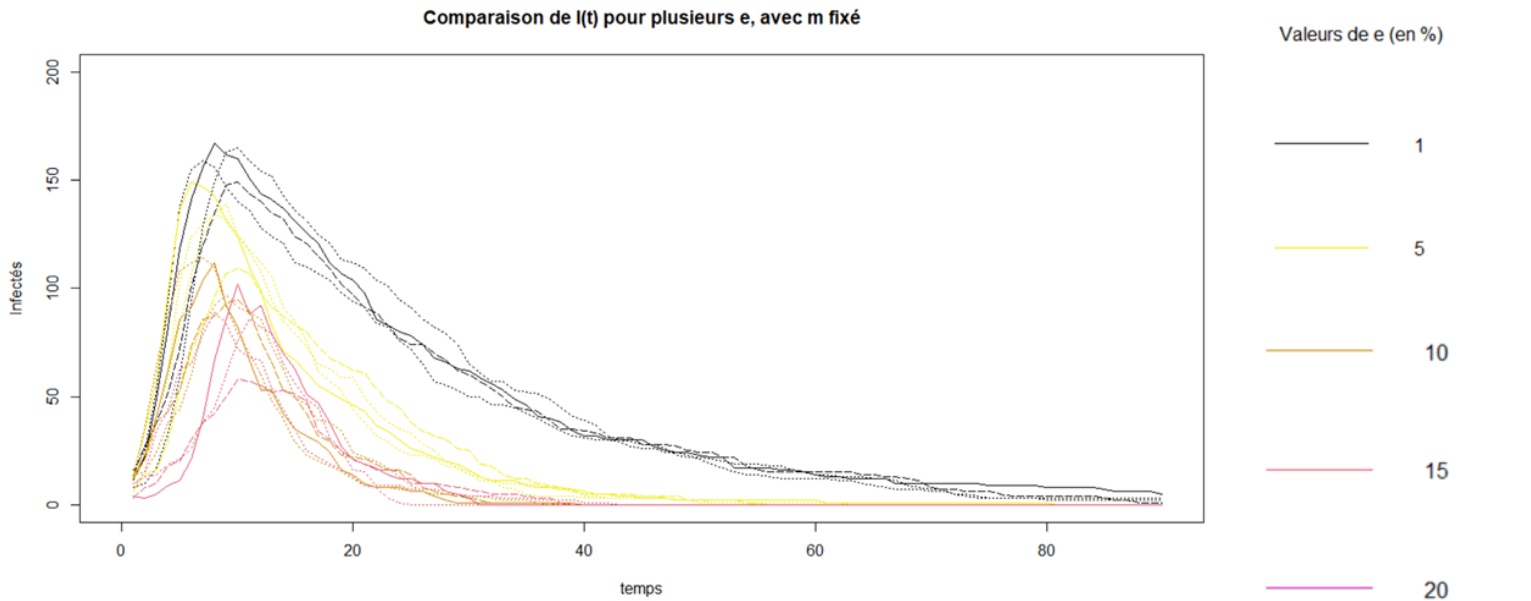


Figure 6.A : Évolutions de $I(t)$ pendant nT pas de temps, pour chaque type d'intervention, avec plusieurs valeurs de e et $m = 5\%$

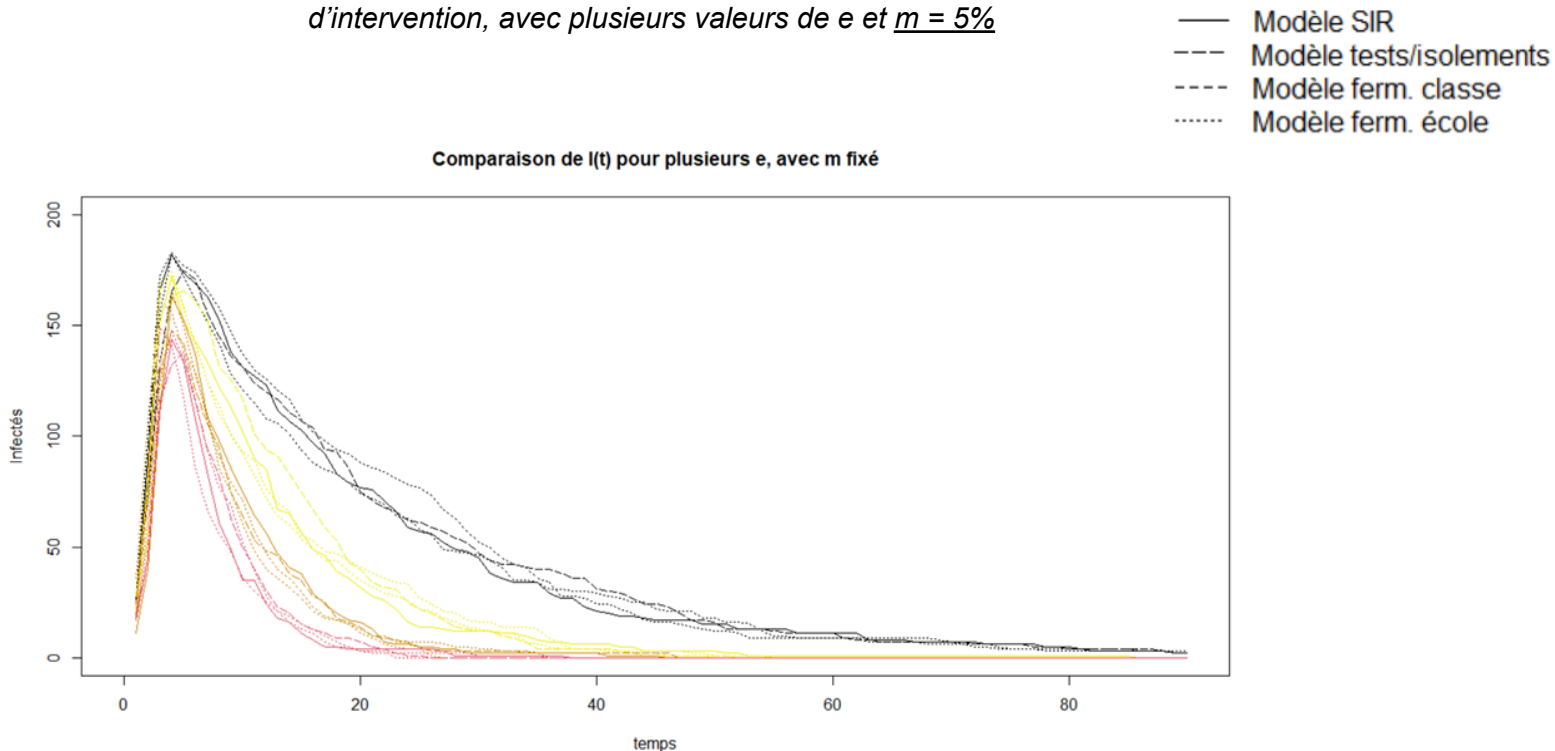


Figure 6.B : Évolutions de $I(t)$ pendant nT pas de temps, pour chaque type d'intervention, avec plusieurs valeurs de e et $m = 15\%$

La différence entre les deux graphiques est nettement moins forte. Effectivement, plus m est grand, plus la valeur de e contrebalance difficilement la forte propagation de l'épidémie, et ce dans tous les types de modèles, avec ou sans intervention. Le compromis

entre l'efficacité apportée par ces interventions et son coût social n'est plus suffisant, et il faut établir des mesures affectant m directement.

3.2. Interventions sur le réseau

3.2.1. Tests et isolement successif des individus positifs et détectés

La technique consistant à tester et isoler successivement les individus s'avère efficace sous certaines conditions, en particulier en fonction des paramètres e et m .

Par exemple pour $m = 0.01$ et $e = 0.1$, on obtient un effet efficace de la mesure prise (Figure (Fig.) 7).

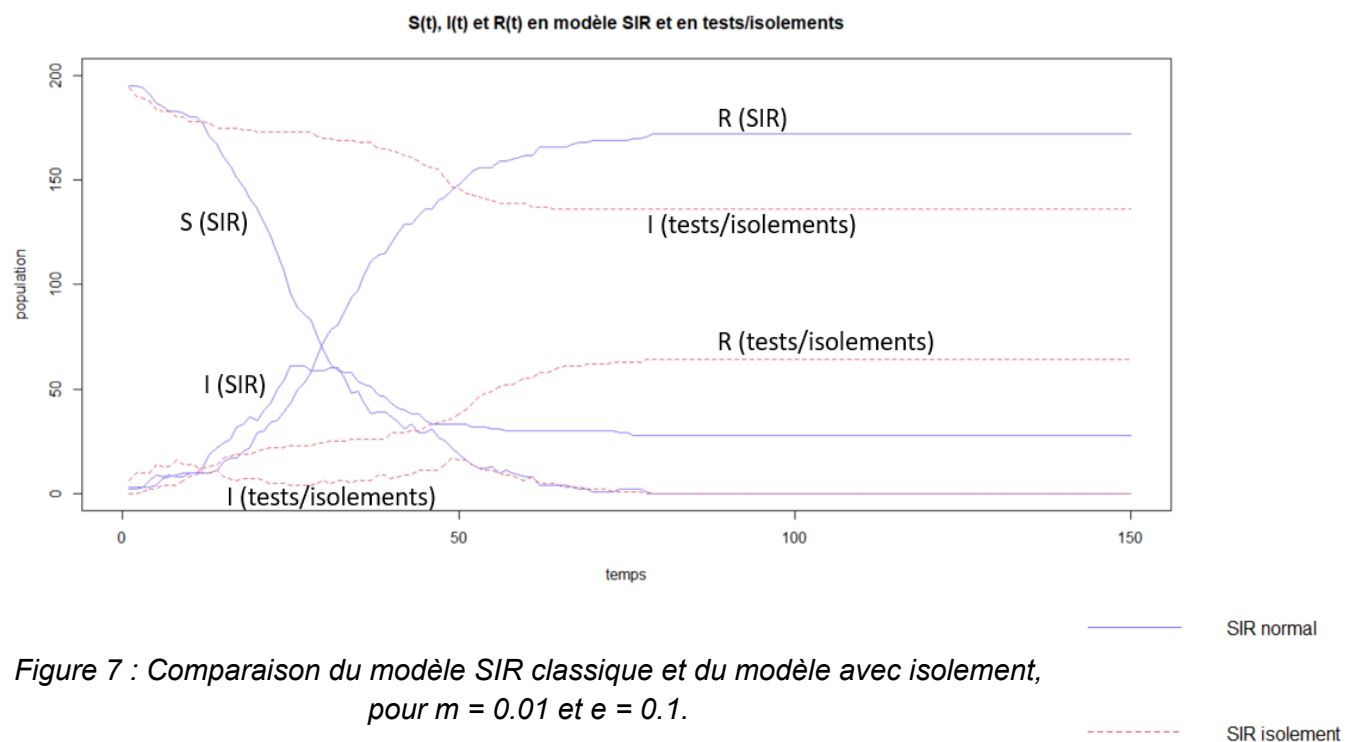


Figure 7 : Comparaison du modèle SIR classique et du modèle avec isolement, pour $m = 0.01$ et $e = 0.1$.

La courbe des personnes infectées est nettement réduite, et par conséquent à peine plus d'un quart de la population de l'école obtient une immunité naturelle. L'épidémie est contenue. On peut observer cela sur 10 répétitions (Fig. 8.A, B et C) de l'expérience avec un X_{ini} aléatoire à chaque simulation.

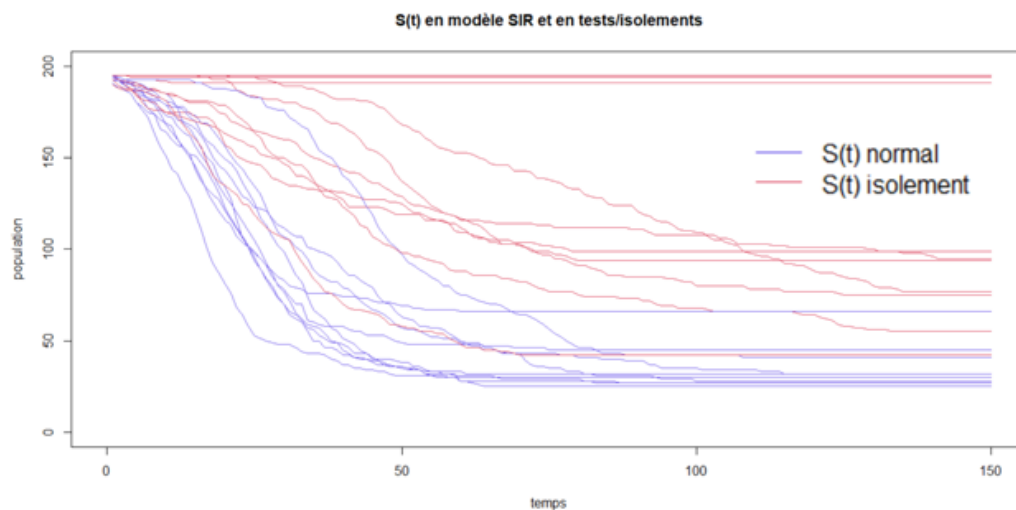


Figure 8.A :
Variation du
nombre de
personnes
saines au cours
du temps, avec
et sans
isolement.

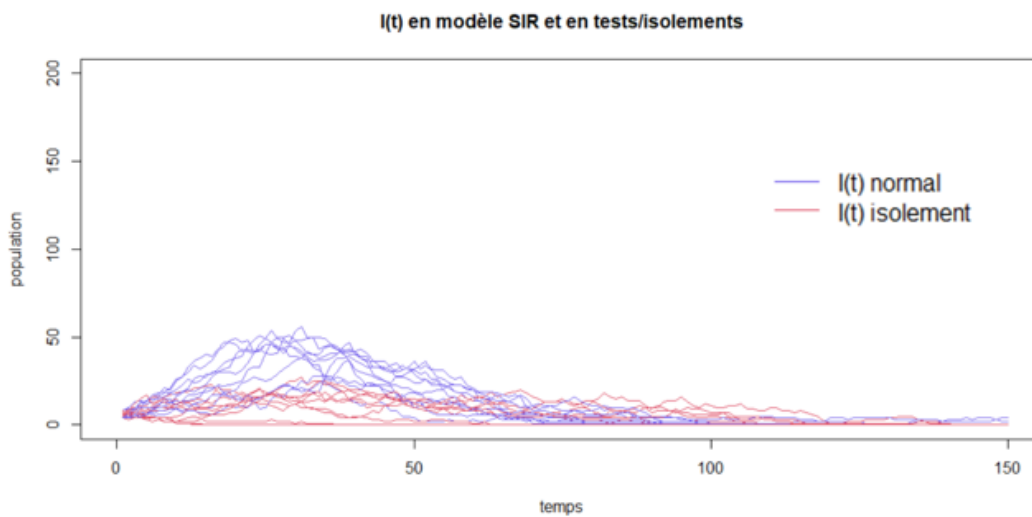


Figure 8.B :
Variation du
nombre de
personnes
infectées au
cours du temps,
avec et sans
isolement.

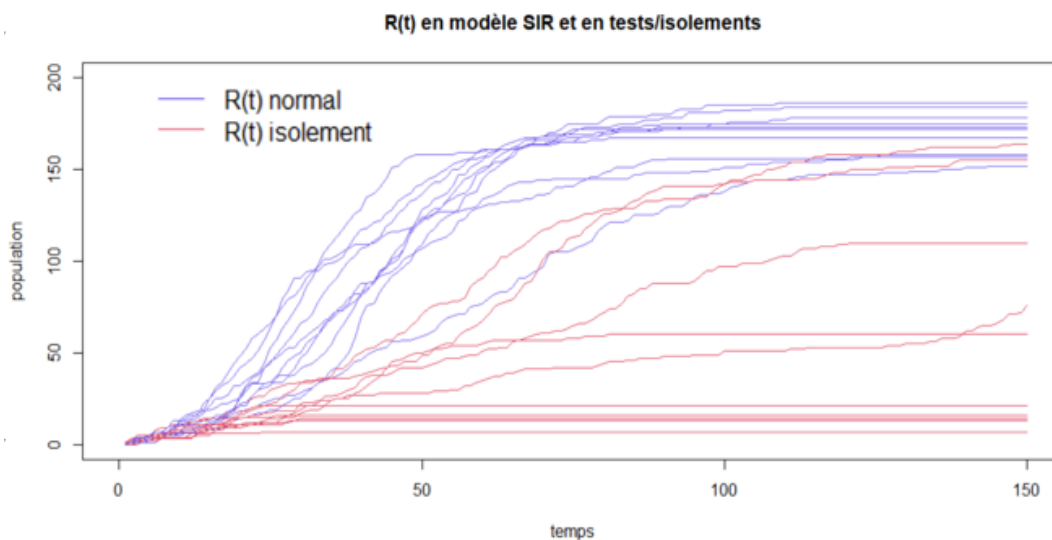


Figure 8.C :
Variation du
nombre de
personnes
immunisées au
cours du temps,
avec et sans
isolement.

- ❑ Si on diminue le taux de guérison à $e = 0.05$, on observe une légère différence sur la diffusion de l'épidémie (Fig. 9).

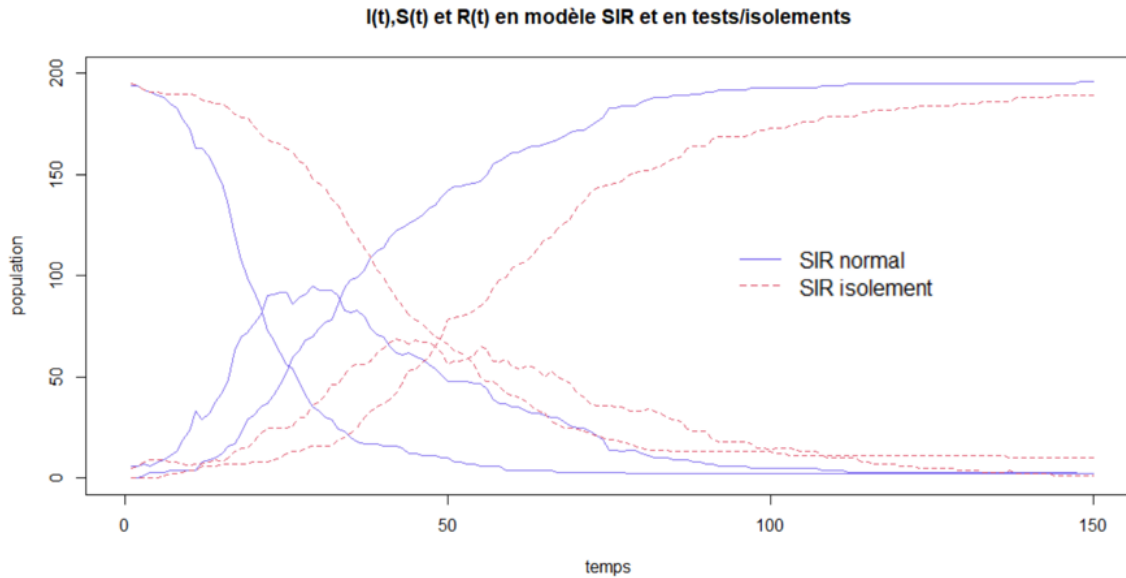


Figure 9 : Comparaison du modèle SIR normal et du modèle avec isolement, pour $m = 0.01$ et $e = 0.05$.

En effet, le nombre de personnes immunisées est plus élevé. Il croît plus lentement que le modèle normal (Fig. 7), mais atteint presque 100% de la population étudiée. Sur 10 essais (Fig. 10), on observe que cette tendance se maintient : l'augmentation du nombre de personnes immunisées est plus lente que sans intervention, mais elle parvient tout de même à une grande partie de la population étudiée. En effet, sur 20 simulations de 150 jours chacune, on observe 196 individus sur 200 en moyenne dans le compartiment R en fin de simulation contre 89.95 individus en moyenne avec la valeur précédente de e (1%).

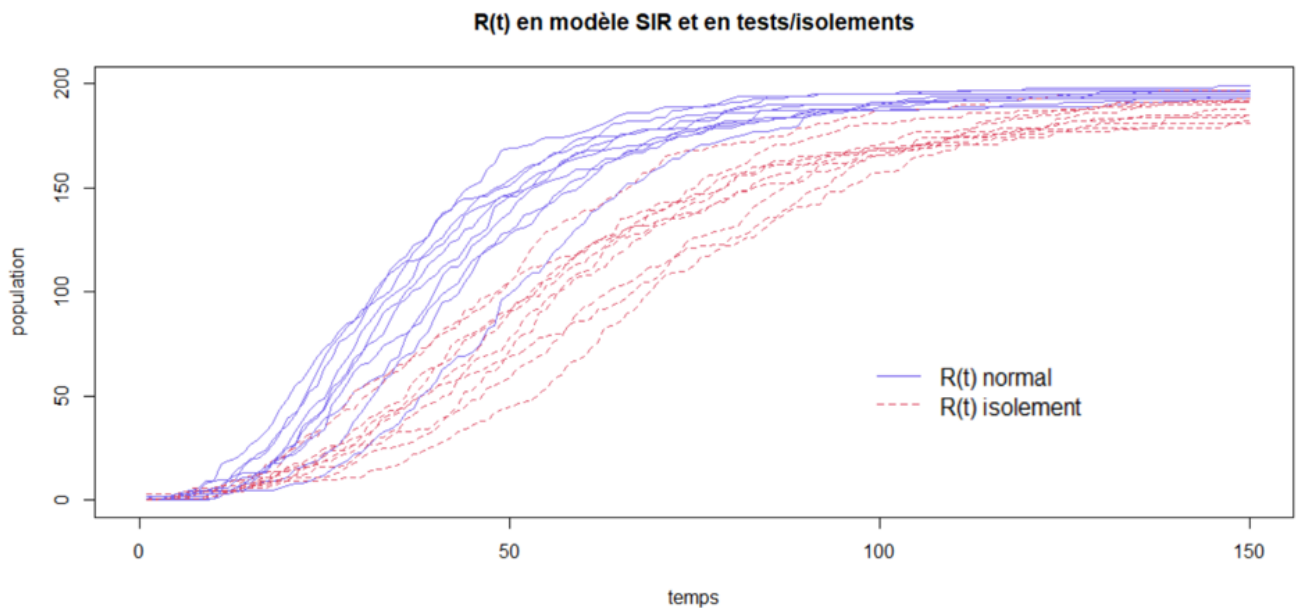


Figure 10 : Comparaison du nombre d'immunisés en modèle SIR normal et sans isolement pour $m = 0.01$ et $e = 0.05$, sur 10 simulations.

Cette évolution est cohérente, car les individus sont remis à l'école après 10 jours d'isolement, même s'ils ne sont pas guéris. Or, si le taux de guérison est plus bas, il est possible qu'un enfant ne soit pas guéri après 10 jours d'isolement, et que la chaîne de contamination continue.

- ❑ En revanche, si on augmente m (de 1 à 5%), on remarque que l'intervention n'est plus efficace (Fig. 11).

Effectivement, étant donné que les individus ne sont pas isolés dès qu'ils sont contaminés, mais dès qu'ils sont détectés comme étant positifs, le fait qu'un individu contaminé reste en communauté un jour ou plus sans être détecté a un plus grand impact sur la diffusion de l'épidémie quand la contamination arrive plus fréquemment. Ainsi, la méthode de test et d'isolement n'est plus efficace.

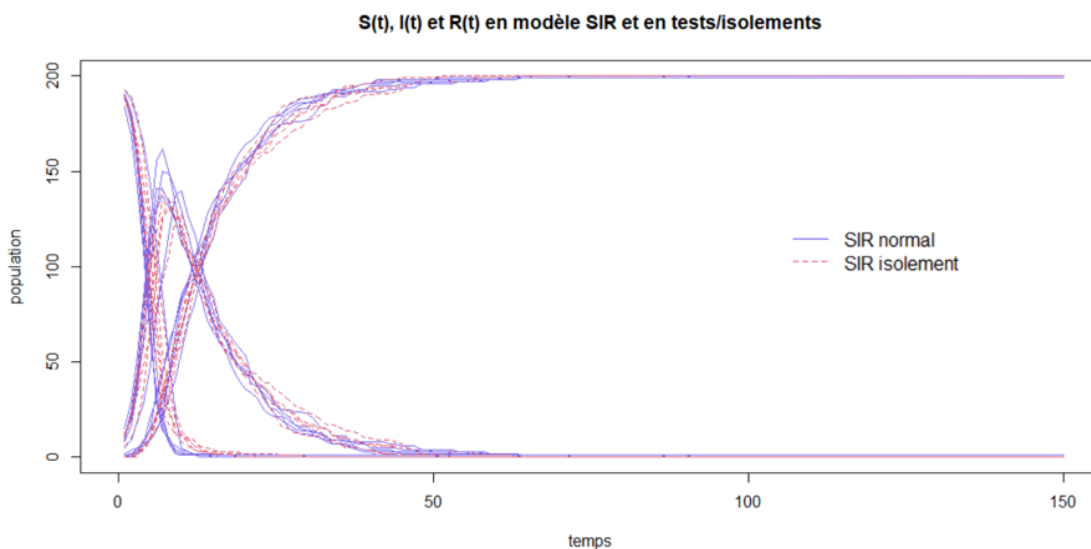


Figure 11 : Comparaison des modèles SIR normal et avec isolement, pour $m = 0.05$ et $e = 0.1$, sur 5 simulations.

3.2.2 Fermeture d'une classe en cas d'une contamination

Une classe est fermée dès qu'un cas de contamination est détecté en son sein, pendant 3 jours, et les enfants détectés sont par ailleurs isolés pendant 10 jours.

S(t) avec et sans fermeture de classes



Figure 12.A : Variation du nombre de personnes saines au cours du temps, avec et sans fermeture de classes, pour 10 simulations, pour :
 $m = 0.01$

$e = 0.1$

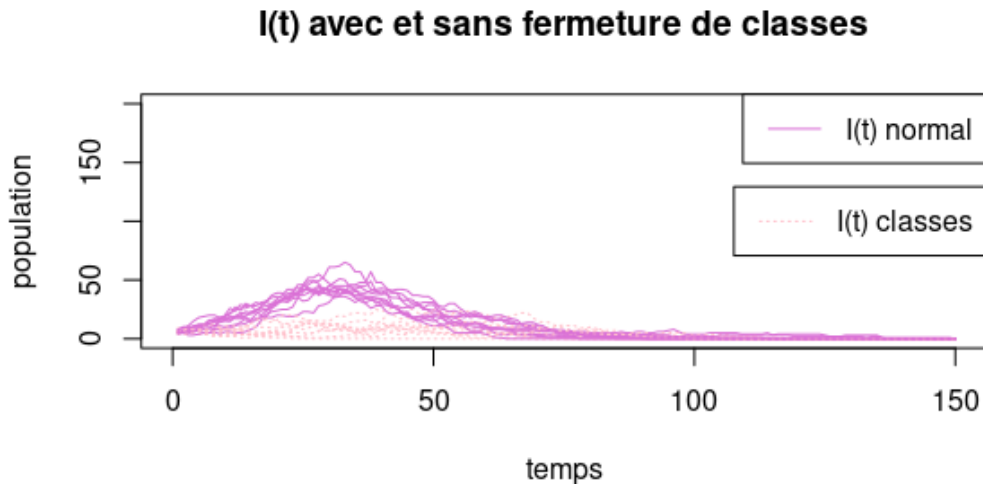


Figure 12.B :
 Variation du nombre de personnes infectées au cours du temps, avec et sans fermeture de classes, pour 10 simulations, pour :
 $m = 0.01$
 $e = 0.1$

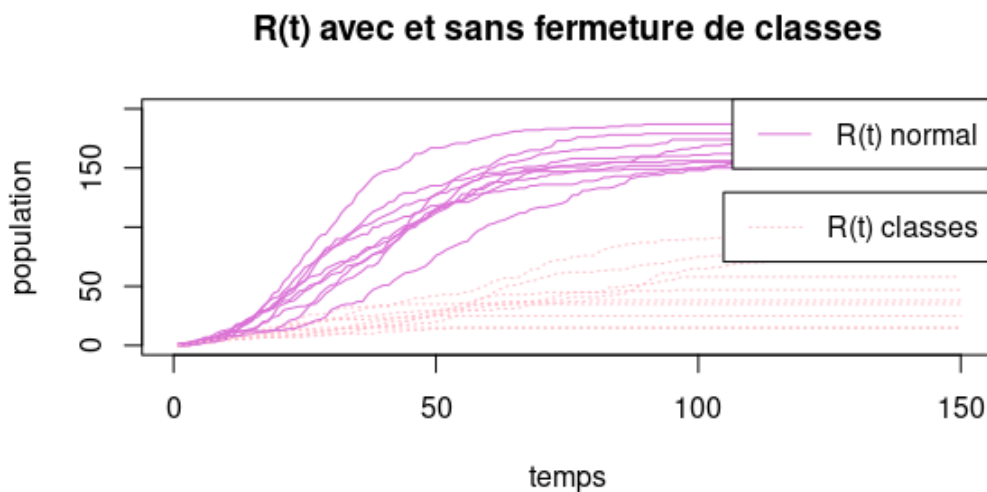


Figure 12.C :
 Variation du nombre de personnes immunisées au cours du temps, avec et sans fermeture de classes, pour 10 simulations, pour :
 $m = 0.01$
 $e = 0.1$

On constate que l'intervention est très efficace. Elle diminue très fortement le pic épidémique (Fig.12.B), et toute la population ne finit pas immunisée (Fig.12.C), c'est-à-dire que toute la population n'a pas été touchée (rarement plus de la moitié).

- ❑ Lorsque l'on diminue e (de 10 à 5%), on constate que le pic épidémique est plus élevé. Mais avec intervention, l'épidémie reste quand même contenue et plus stable au cours du temps, autour d'une valeur plus faible que sans intervention (Fig. 13.A). De plus, bien que le nombre d'immunisés après nT augmente quand e diminue, il reste plus faible avec intervention (Fig.13.B).

Comparaison de $I(t)$ avec et sans fermeture de classes, avec $m=0.01$

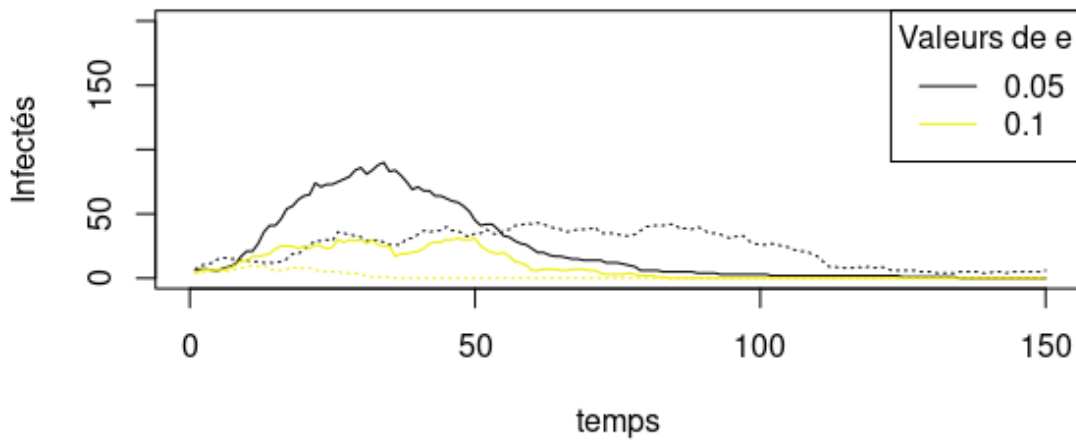


Figure 13.A : Comparaison de l'évolution du nombre d'infectés au cours du temps, avec et sans fermeture de classes, pour : $m = 0.01$; $e = 0.05$ et 0.1 .

Traits pleins : modèle SIR normal ; Pointillés : modèle avec fermeture de classes

Comparaison de $R(t)$ avec et sans fermeture de classes, avec $m=0.01$

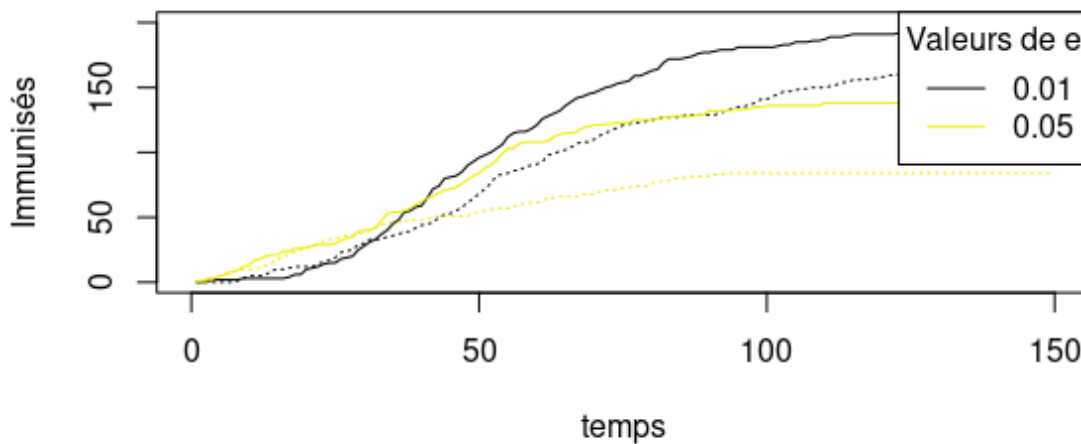


Figure 13.B : Comparaison de l'évolution du nombre d'immunisés au cours du temps, avec et sans fermeture de classes, pour : $m = 0.01$; $e = 0.05$ et 0.1 .

Traits pleins : modèle SIR normal ; Pointillés : modèle avec fermeture de classes

- ❑ Lorsque l'on augmente m (de 1 à 5%), l'intervention perd beaucoup de son efficacité : en termes de rapidité de l'épidémie (fort pic Fig. 14.A), et d'immunisation (toute la population finit immunisée, même avec intervention, Fig.14.B). Elle est donc utile uniquement pour étaler le pic épidémique dans le temps.

Comparaison de $I(t)$ avec et sans fermeture de classes, avec $e=0.1$

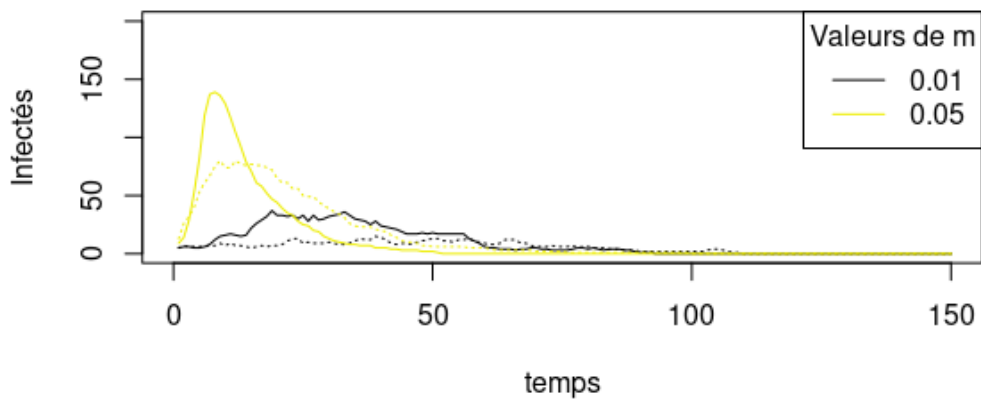


Figure 14.A : Comparaison de l'évolution du nombre d'infectés au cours du temps, avec et sans fermeture de classes, pour : $m = 0.01$ et 0.05 ; $e = 0.1$.

Traits pleins : modèle SIR normal ; Pointillés : modèle avec fermeture de classes

Comparaison de $R(t)$ avec et sans fermeture de classes, avec $e=0.1$

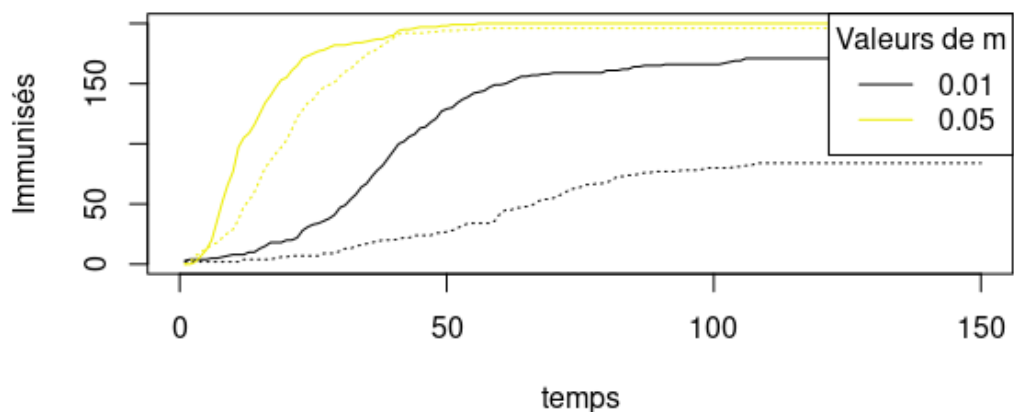


Figure 14.B : Comparaison de l'évolution du nombre d'immunisés au cours du temps, avec et sans fermeture de classes, pour : $m = 0.01$ et 0.05 ; $e = 0.1$.

Traits pleins : modèle SIR normal ; Pointillés : modèle avec fermeture de classes

3.2.3 Fermeture totale de l'école

Nous avons établi que la fermeture de l'école se faisait à partir de 5 cas confirmés au sein de l'école dans les 10 derniers jours. Cette fermeture dure 21 jours durant lesquels les enfants ne vont pas à l'école, et les parents limitent leurs contacts à uniquement leur famille.

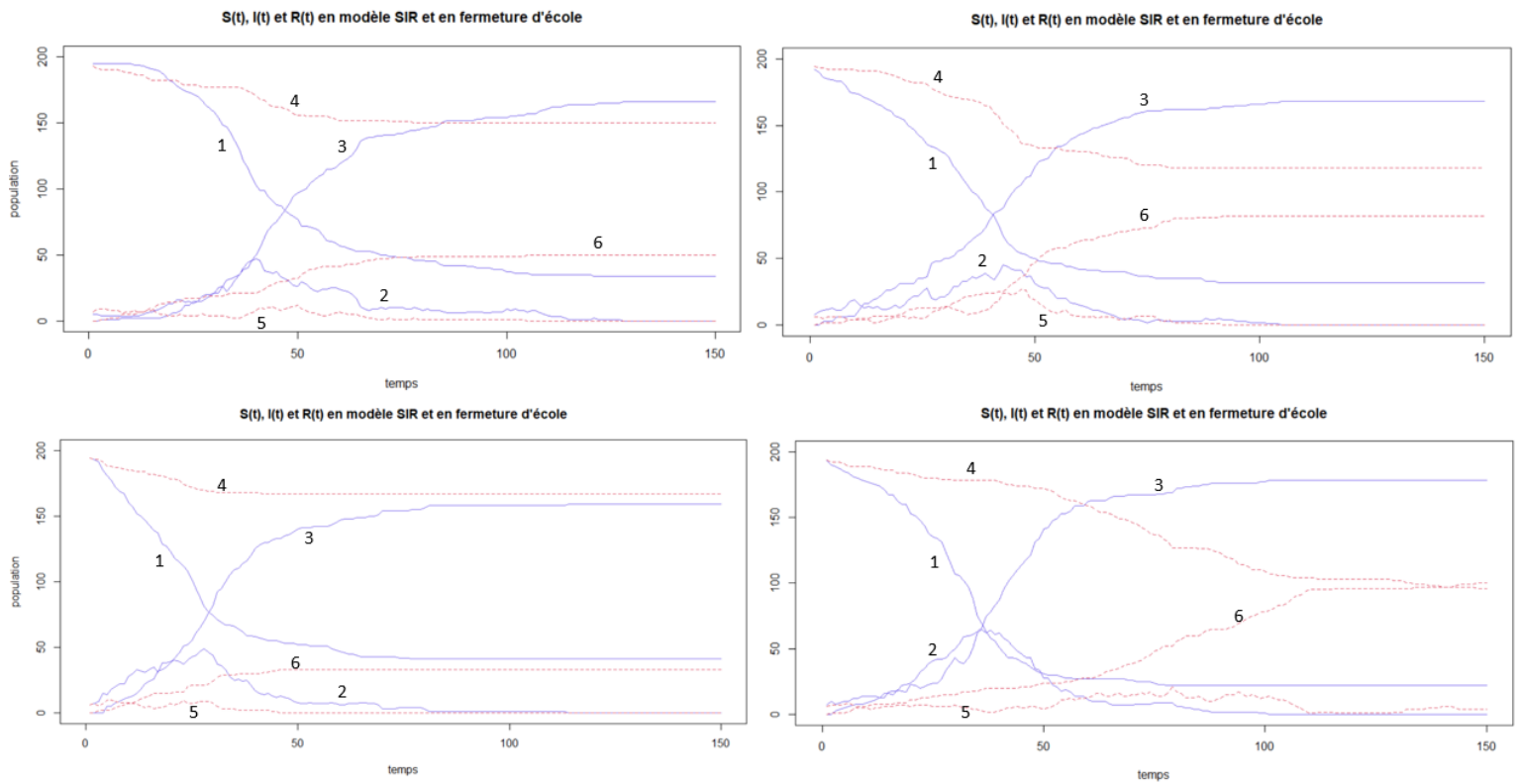


Figure 15 : Comparaison du modèle SIR normal et avec fermeture de l'école, pour $m = 0.01$ et $e = 0.1$.

Légende : violet : 1 : S (modèle SIR) rose : 4 : S (modèle fermeture de l'école)
 2 : I (modèle SIR) 5 : I (modèle fermeture de l'école)
 3 : R (modèle SIR) 6 : R (modèle fermeture de l'école)

On observe une forte tendance à diminuer le nombre d'infectés très rapidement, ou à écraser la courbe des infectés. Par conséquent, il y a peu d'immunisés ($< 30\%$) en fin de simulation. L'intervention est plus efficace que les deux autres de ce point de vue.

- Lorsqu'on diminue le taux de guérison e (de 10 à 5%), les courbes se rapprochent : le pic épidémique double pour chaque modèle, et le nombre d'immunisés augmente fortement (Fig. 16.A, B, C).

S(t) en modèle SIR et en fermeture d'école

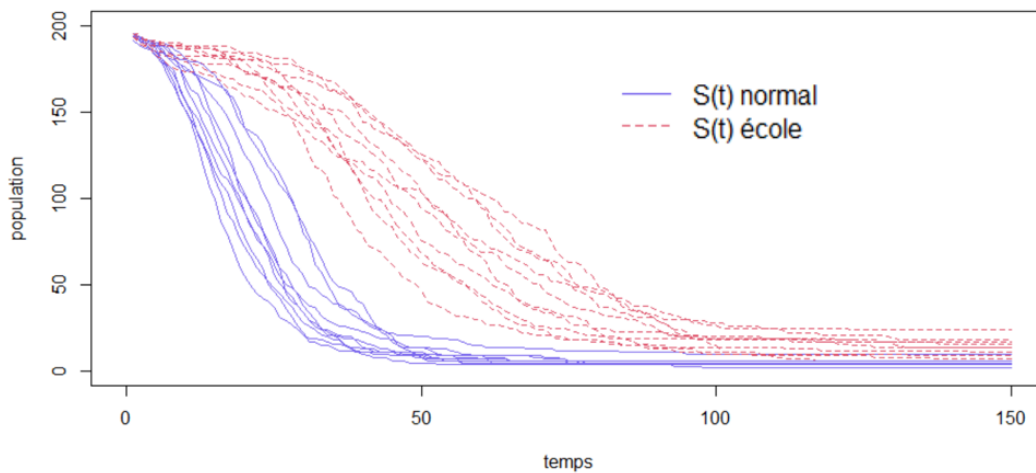


Figure 16.A :
Variation du
nombre de
personnes
saines au cours
du temps, avec
et sans
fermeture
d'école, pour :
 $m = 0.01$
 $e = 0.05$

I(t) en modèle SIR et en fermeture d'école

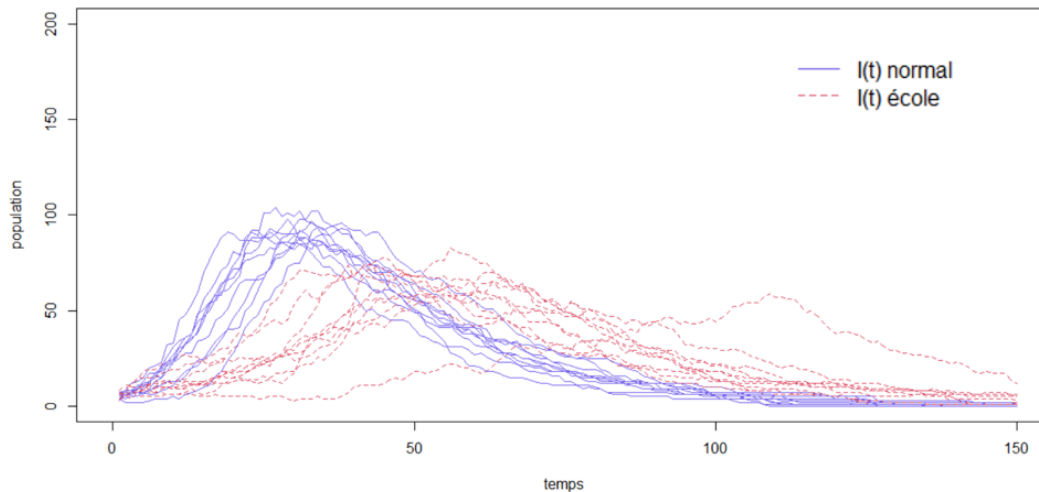


Figure 16.B :
Variation du
nombre de
personnes
infectées au
cours du temps,
avec et sans
fermeture d'école,
pour :
 $m = 0.01$
 $e = 0.05$

R(t) en modèle SIR et en fermeture d'école

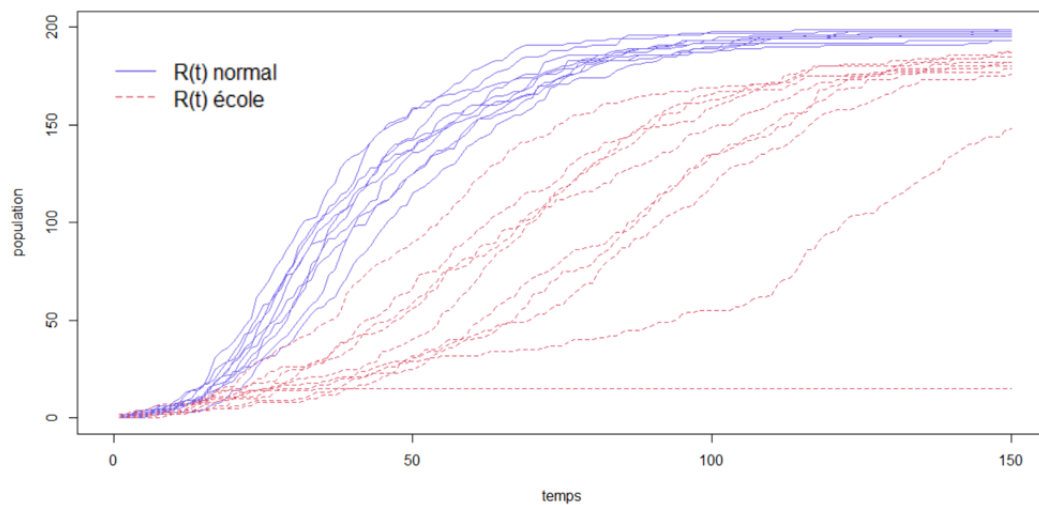


Figure 16.C :
Variation du
nombre de
personnes
immunisées au
cours du temps,
avec et sans
fermeture
d'école, pour :
 $m = 0.01$
 $e = 0.05$

Le fait que l'épidémie dure plus longtemps a pour conséquence qu'il y a plus de personnes immunisées. Cela s'explique par le fait que l'école peut réouvrir même si tous les enfants n'ont pas encore guéri, et donc les contaminations peuvent reprendre à ce

moment-là. Cependant, l'intervention par fermeture de l'école reste efficace, en ce que le maximum d'infectés est plus bas et l'épidémie plus étalée donc gérable dans le temps.

- ❑ Lorsque l'on augmente la valeur de m , l'épidémie n'est plus contenue à partir de $m = 0.04$ (Figure 17.A, B et C), pour e fixé à $e = 0.1$. En effet, le temps qu'il y ait au moins 5 enfants de détectés, cela laisse l'occasion à l'épidémie de se répandre. Cela changerait pour une plus grande probabilité de détection p_{detect} , ici fixée à 0.2, donc relativement faible.

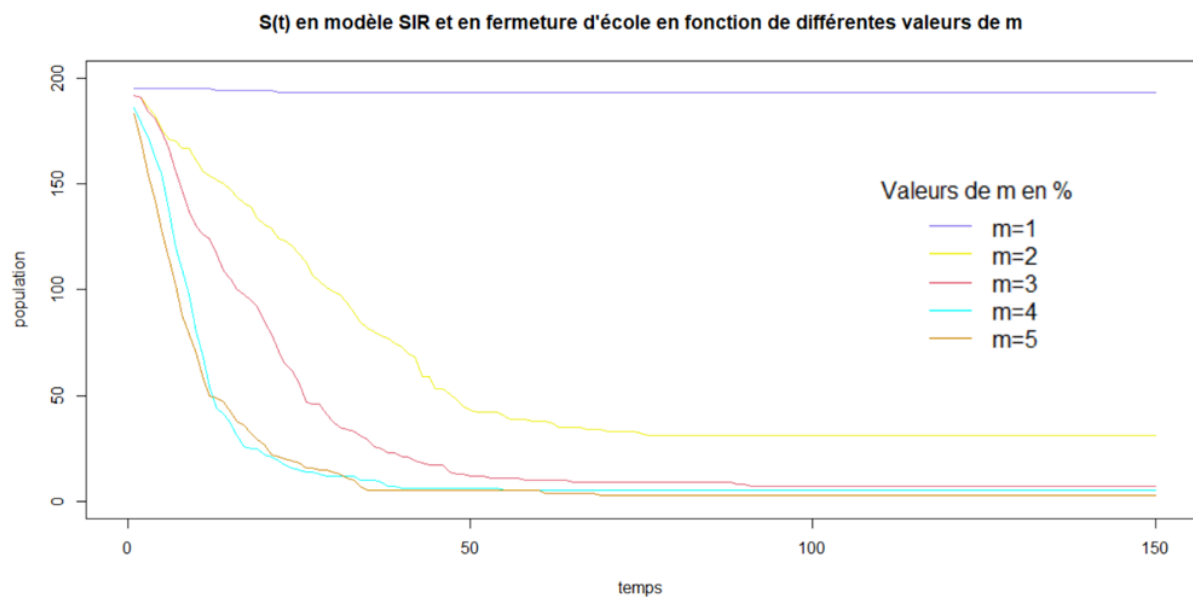


Figure 17.A :Variation du nombre de personnes saines en modèle fermeture d'école, pour $e = 0.1$ et m variant entre 1 et 5%

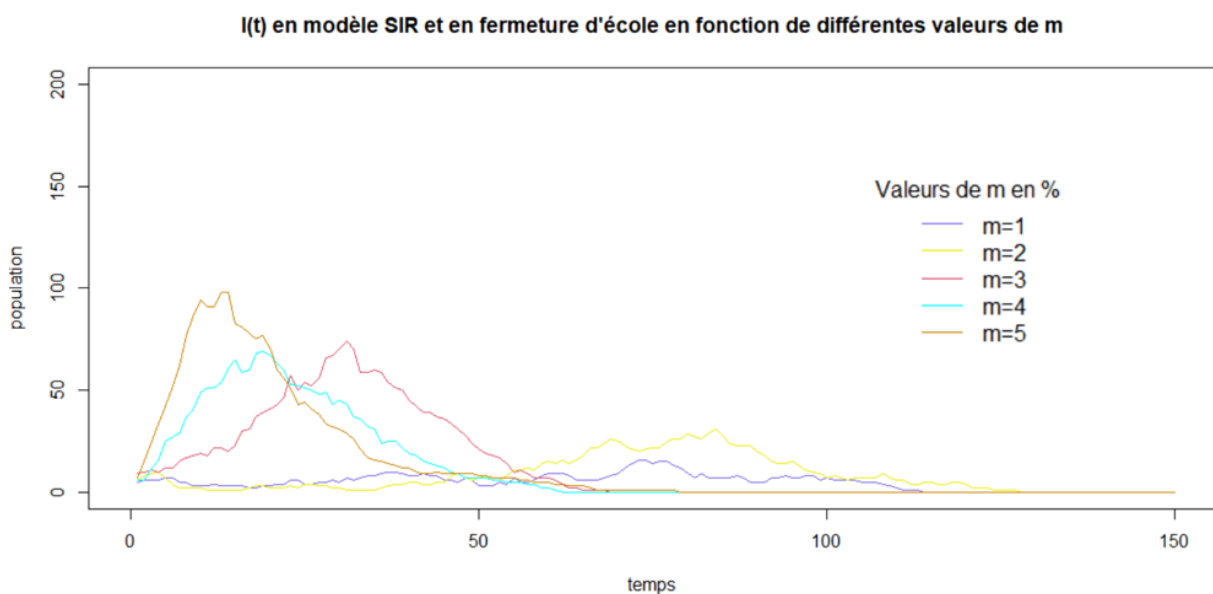


Figure 17.B :Variation du nombre de personnes infectées en modèle fermeture d'école, pour $e = 0.1$ et m variant entre 1 et 5%

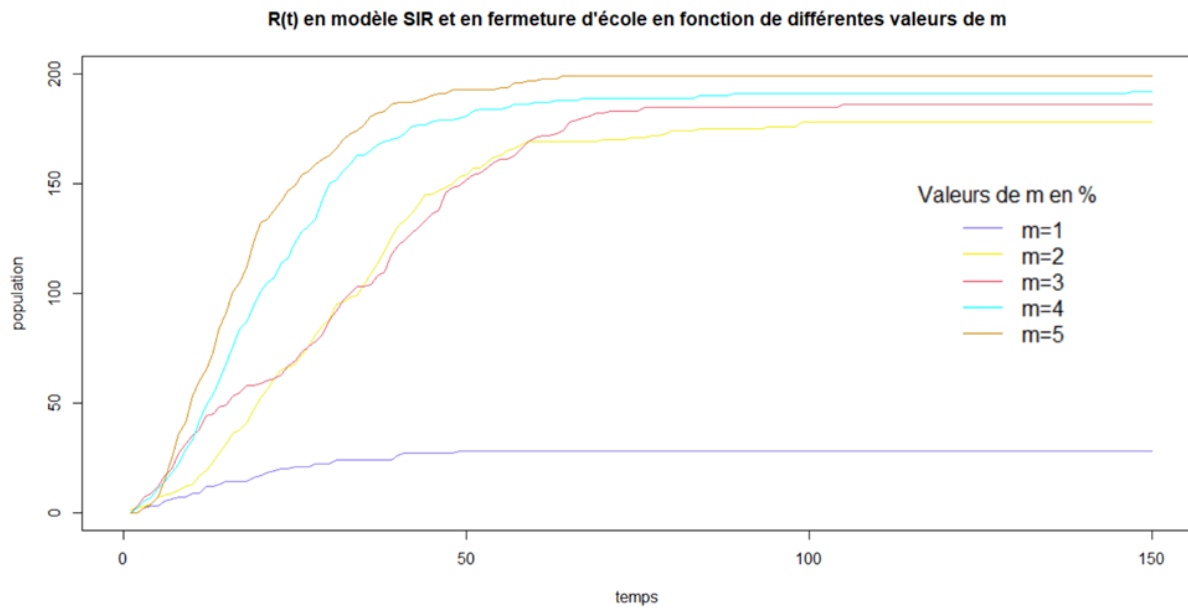


Figure 17.C : Variation du nombre de personnes immunisées en modèle fermeture d'école pour $e = 0.1$ et m variant entre 1 et 5%

3.2.4. Comparaison des différentes méthodes et de leur efficacité sur le nombre d'infectés

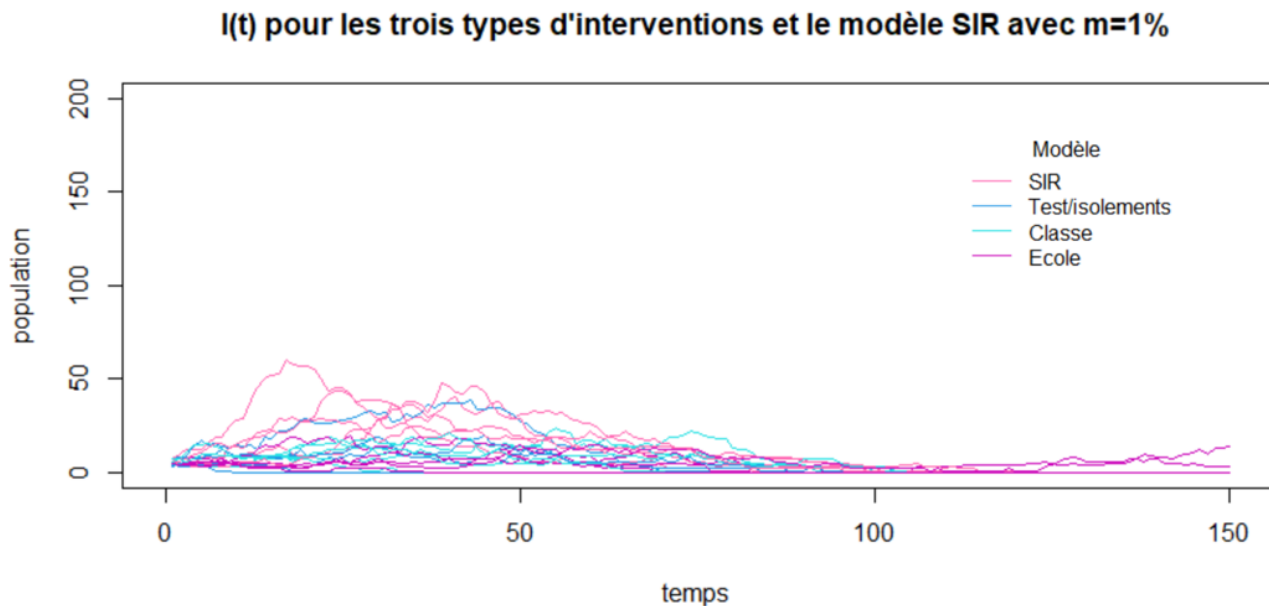


Figure 18.A : Comparaison du nombre d'infectés entre tous les modèles, pour $m = 1\%$. 5 simulations réalisées.

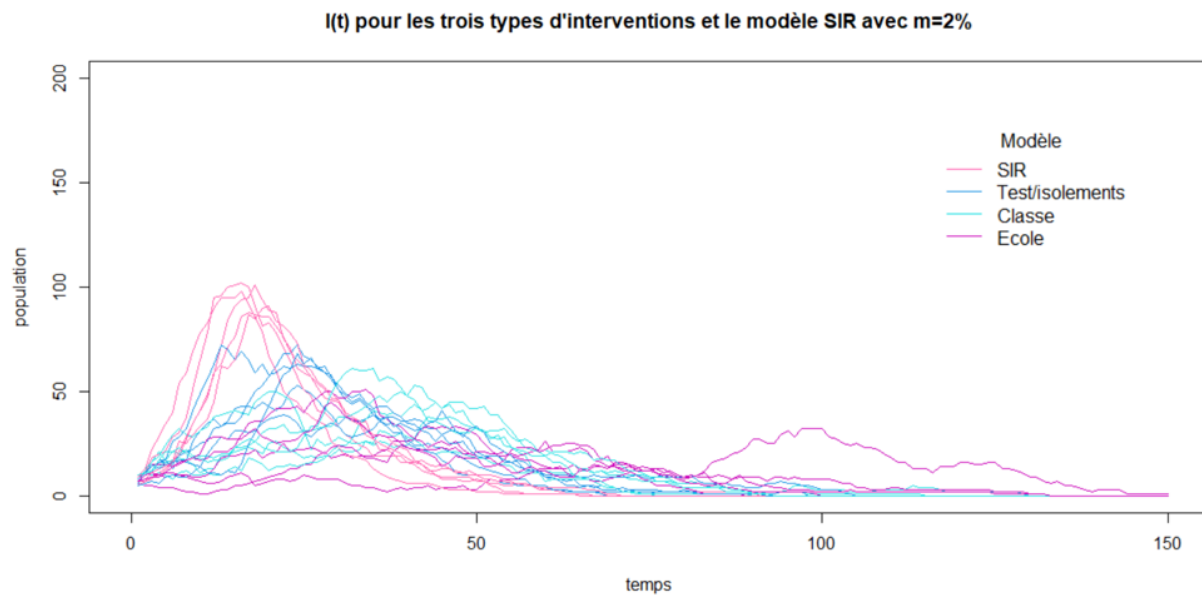


Figure 18.B : Comparaison du nombre d'infectés entre tous les modèles, pour $m = 2\%$. 5 simulations réalisées.

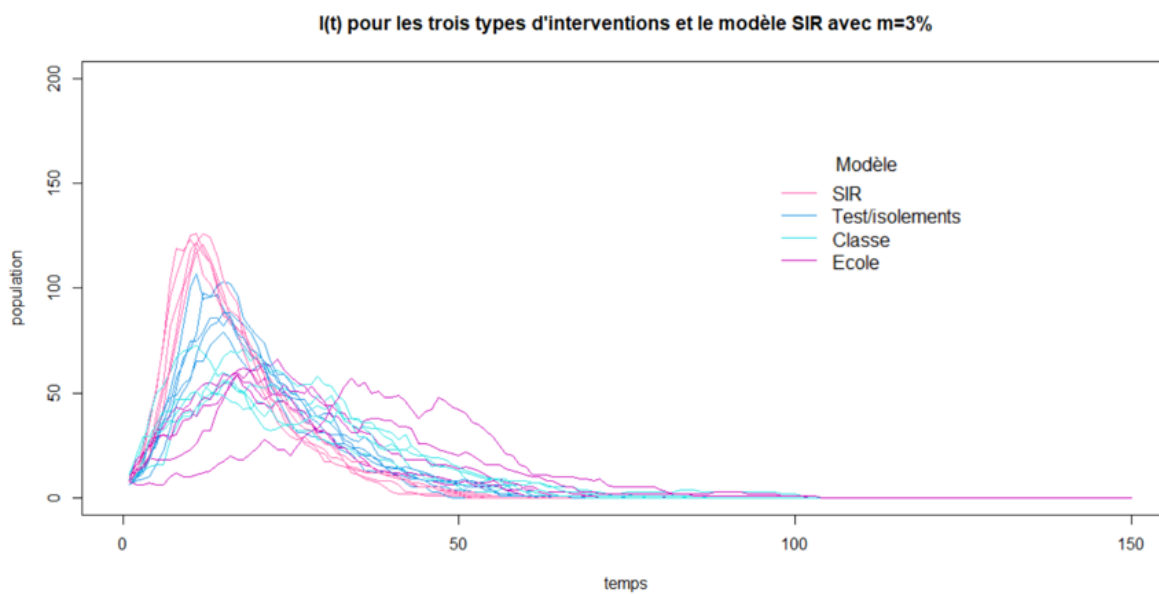


Figure 18.C : Comparaison du nombre d'infectés entre tous les modèles, pour $m = 3\%$. 5 simulations réalisées.

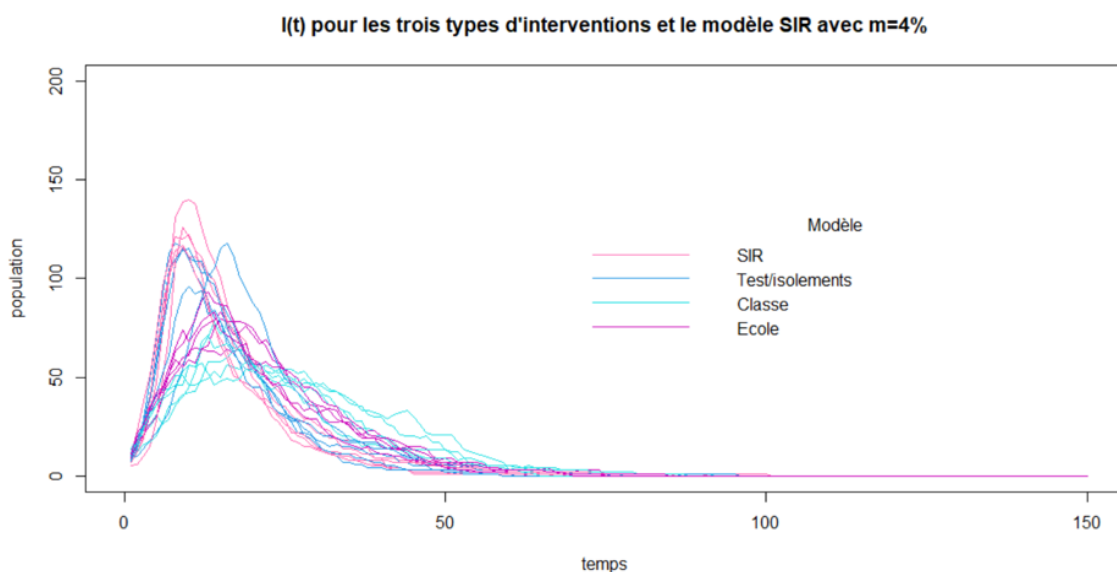


Figure 18.D : Comparaison du nombre d'infectés entre tous les modèles, pour $m = 4\%$. 5 simulations réalisées.

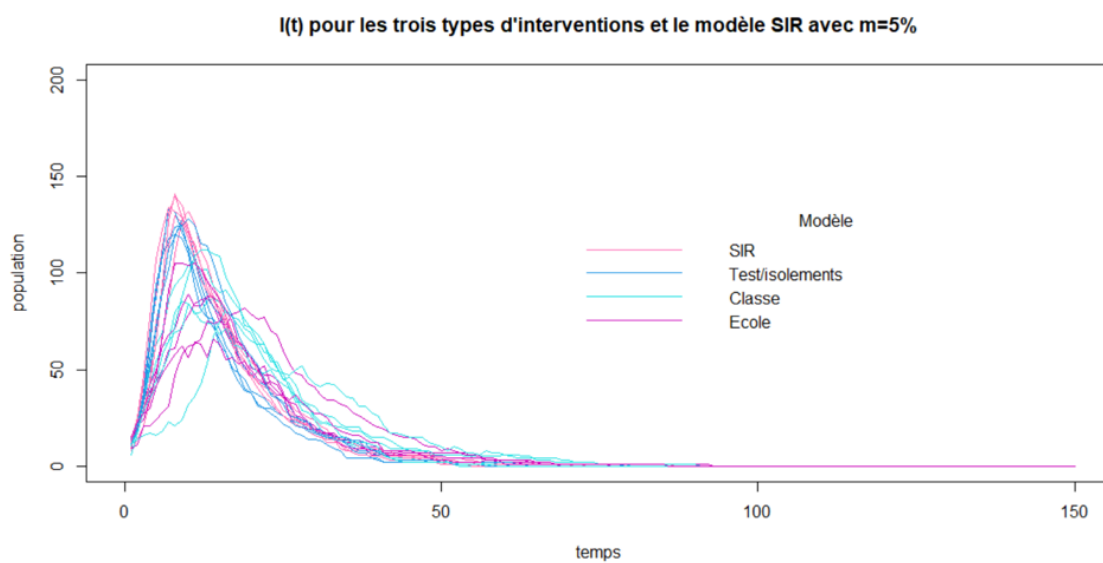


Figure 18.E : Comparaison du nombre d'infectés entre tous les modèles, pour $m = 5\%$. 5 simulations réalisées.

Modèle	SIR	Isolement	Fermeture classes	Fermeture d'école	Valeur de m (%)
Moyenne	8,65	5,4	2,91	1,47	1
d'infectés/jour	13,5	12,94	12,41	11,27	2

	13,63	13,03	12,61	12,13	3
	12,9	12,74	12,48	12,8	4
	13,73	12,92	13,64	12,53	5
Modèle	SIR	Isolement	Fermeture classes	Fermeture d'école	Valeur de m (%)
Temps au bout duquel 50% de la population est infectée (en jours)	11,8	13,5*	15,3**	15,75*	1
	7,4	9,6	9,6	12,2	2
	6	6,6	8,8	8	3
	5,6	5,6	6,2	7,2	4
	5,2	5	5,2	6	5

* Au cours des simulations, l'épidémie n'a pas atteint 50% de la population 1 fois.

** Au cours des simulations, l'épidémie n'a pas atteint 50% de la population 2 fois.

Tableau 1 : Moyenne de personnes infectées par jour et temps d'infection de 50% de la population dans les différents modèles et pour différentes valeurs de m, avec $e = 0.1$. 5 simulations réalisées par modèles et par valeur de m.

Sur les graphes de la Fig. 18.A,B,C,D,E, on observe une tendance générale:

- Les interventions semblent diminuer le pic du nombre d'infectés mais surtout l'étaler dans le temps.
- L'écart d'efficacité entre les différentes interventions est réduit lorsque m augmente.
- La fermeture de l'école semble l'intervention la plus efficace dans tous les cas.

Sur le *Tableau 1*, on remarque en particulier que les interventions sont efficaces pour réduire le nombre d'infections par jour lorsque m est faible (en dessous de 2%), mais dès que l'on dépasse cette valeur, les interventions ne sont plus efficaces. En revanche, en regardant les courbes, nous avons remarqué que le nombre de personnes infectées était étalé dans le temps. Nous avons donc analysé cela dans le tableau en regardant au bout de combien de temps le nombre de personnes infectées cumulées dépassait les 50% de la population. On remarque ainsi que l'intervention qui semble la plus efficace, consistant à fermer l'école, est la seule qui semble permettre de ralentir l'épidémie, même pour $m = 5\%$. Il semblerait donc qu'en cas d'épidémie très virulente, la meilleure chose à faire pour ralentir l'épidémie serait de fermer l'école.

4. Discussion

Si on considère une intervention efficace en fonction du nombre de personnes malades, la plus efficace est de fermer les écoles à partir de plusieurs cas avérés. Ce nombre de cas reste à définir selon le contexte, en particulier le nombre d'enfants dans l'école. Il faut aussi prendre en compte le problème de continuité pédagogique et de

décrochage scolaire, qui ne peut être négligé lors d'une fermeture continue de 3 semaines [4]. Un coût économique et social est aussi à considérer, puisque les enfants doivent être pris en charge par leurs parents. Cette mesure a toutefois été affirmée comme étant la plus efficace face à l'épidémie au sein des écoles [5], ce qui corrobore nos résultats.

Dans l'ensemble, les interventions sont toutes efficaces dans une certaine limite, en particulier vis-à-vis du paramètre m . Aussi forte que l'intervention puisse être (par exemple la fermeture de l'école), si le virus se propage très rapidement, il y a peu de chances de la contenir, sauf en augmentant la probabilité de détection p_{detect} fixée à 0.2 durant nos simulations.

Si l'on se ramène à la situation actuelle, notamment avec les variants dont la particularité est d'avoir un taux de migration m plus élevé, on comprend l'inquiétude vis-à-vis de l'arrivée de ces variants dans les établissements scolaires, où ils sont difficilement contenables. L'investissement dans une intervention aussi contraignante perd alors de son intérêt, puisqu'elle n'apporte plus d'avantage en comparaison avec la non-intervention. Il s'agit dans ce cas de diriger les interventions vers la diminution de m directement.

Cependant, les interventions réalisées restent relativement efficaces pour ralentir l'épidémie, c'est-à-dire éviter que le pic d'infection soit trop élevé et concentré autour d'un intervalle de temps petit. Parvenir à étaler la courbe d'infection permet de soulager le système de santé et d'immuniser la population, ce qui est recherché dans le cas du virus SARS-Cov-2.

Notre modèle comporte des **limites**.

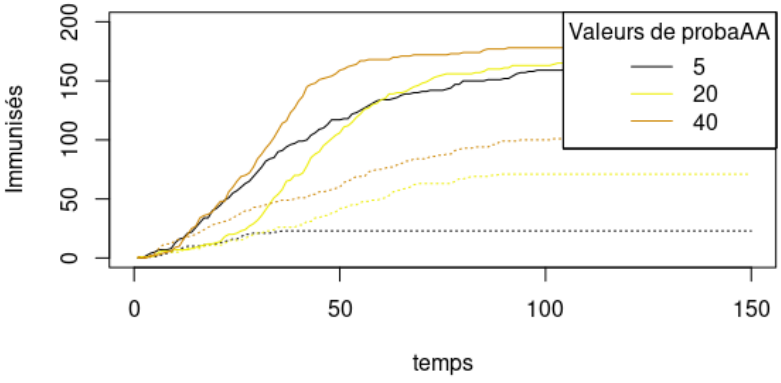
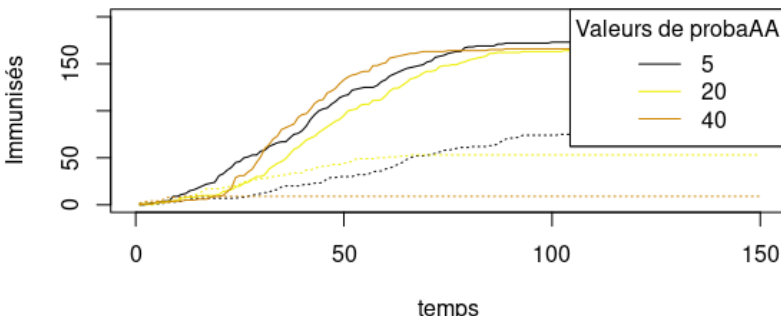
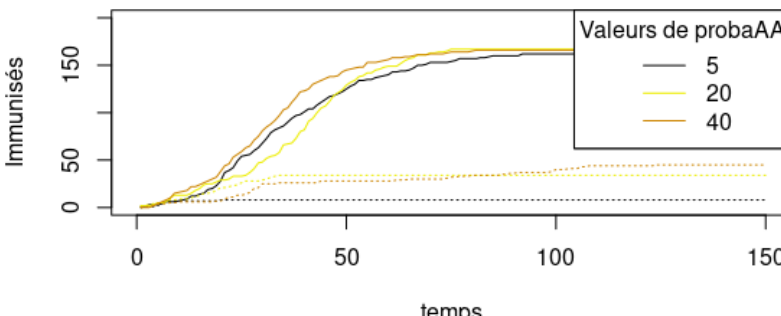
- ❖ Un compartiment supplémentaire aurait pu être implémenté : un compartiment E, avec un temps de latence avant l'application possible de la détection, c'est-à-dire le temps entre l'entrée du virus dans l'hôte et le déclenchement du mécanisme viral. Ce temps d'incubation est de 3 à 5 jours dans le cas du SARS-CoV-2 [6]. Dans le cas particulier que nous étudions, qui est celui des enfants, il aurait aussi été intéressant de mettre en valeur le compartiment C (Carriers), contenant les personnes asymptomatiques [7]. En effet, en moyenne, il est estimé que 35% des enfants [8] sont asymptomatiques, d'où la problématique forte de l'épidémie dans les écoles.
- ❖ Choix des paramètres :
La probabilité de contact des adultes a été étudiée ($probaAA$, voir **Annexe**).
Il aurait été intéressant d'instaurer un spectre des combinaisons de valeurs concernant m , e et p_{detect} pour lesquelles les modèles sont efficaces, et donc d'établir quelle intervention mettre en place en fonction des paramètres de l'épidémie.
- ❖ Une continuité intéressante de l'étude aurait été d'étudier les individus qui déclenchent l'épidémie : comment se comporte l'épidémie lorsqu'un enfant est le premier contaminé ? Lorsque c'est un adulte ? Nous avons fait le choix de désigner les premiers malades aléatoirement, mais une étude plus poussée aurait pu être faite sur l'influence du premier malade ou des premiers malades.

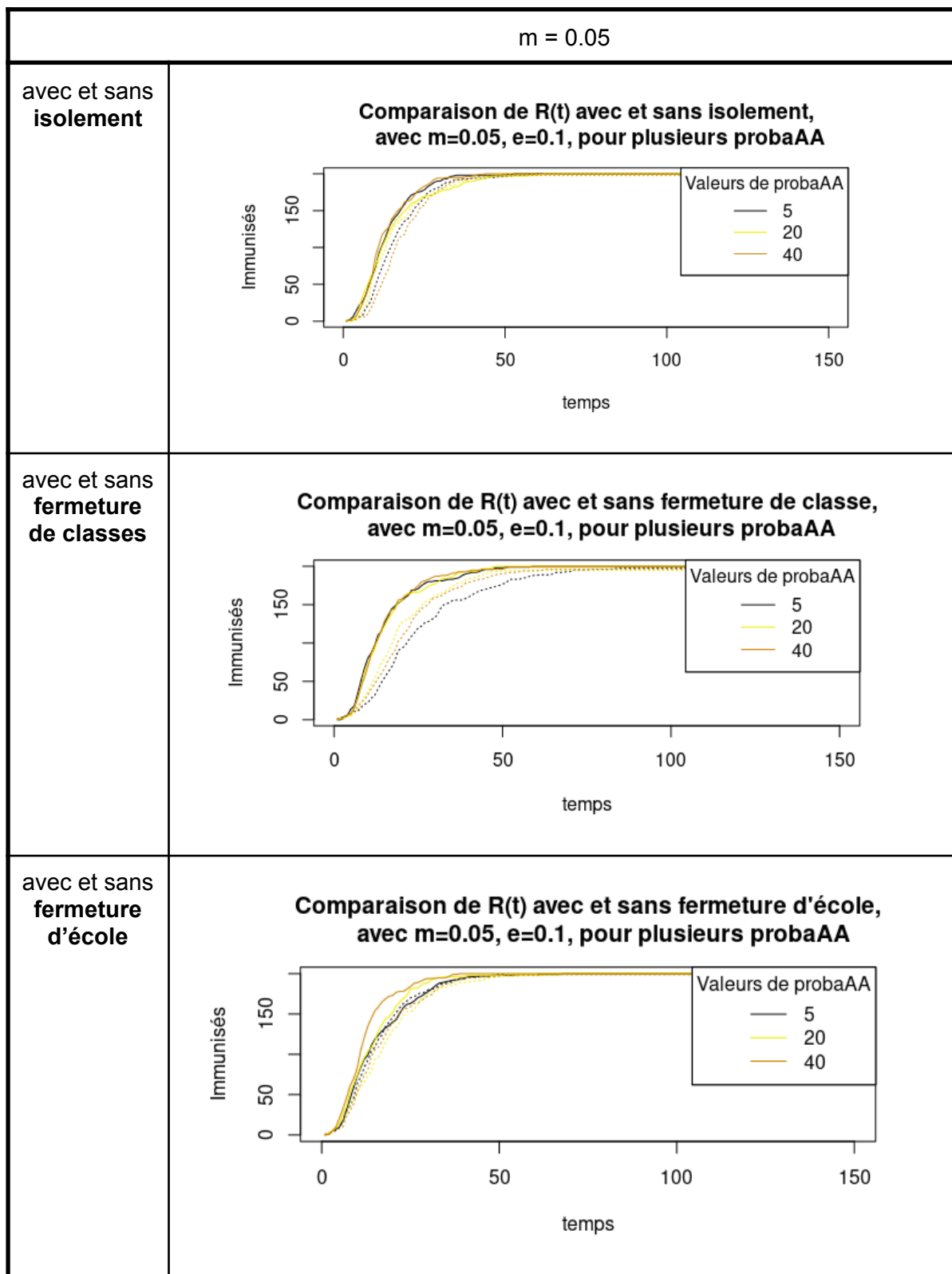
Bibliographie

- [1] "Le conseil scientifique recommande de fermer les écoles en dernier recours", <https://www.20minutes.fr/societe/3000123-20210316-coronavirus-conseil-scientifique-recommande-fermer-ecoles-dernier-recours>, 16 mars 2021, consulté le 14/05/21
- [2] "Le conseil scientifique préconisait de fermer les écoles jusqu'en septembre", https://www.huffingtonpost.fr/entry/le-conseil-scientifique-preconisait-de-fermer-les-ecoles-jusqu'en-septembre_fr_5ea4a7cec5b6f9639815f06b, 25 avril 2021, consulté le 14/05/21
- [3] "Ecoles et établissements scolaires: quand une classe doit-elle être fermée ?", <https://www.service-public.fr/particuliers/actualites/A14627>, 29 mars 2021, consulté le 2/05/21
- [4] Education et Covid-19 : les répercussions à long terme de la fermeture des écoles, <https://www.oecd.org/coronavirus/policy-responses/education-et-covid-19-les-repercussions-a-long-terme-de-la-fermeture-des-ecoles-7ab43642/>, 29 juin 2020, consulté le 15/05/21
- [5] "Covid-19, "Ce qui a le plus d'impact, c'est de fermer les écoles"", <https://www.franceinter.fr/societe/covid-19-ce-qui-a-le-plus-d-impact-c-est-de-fermer-les-ecoles-concede-jean-castex>, 12 mai 2021, consulté le 16/05/21
- [6] "Coronavirus et incubation : durée et contagion de la Covid-19", <https://www.passeportsante.net/fr/Actualites/Dossiers/Fiche.aspx?doc=coronavirus-incubation-duree-et-contagion>, 29 octobre 2020, consulté le 16/05/21
- [7] Application des modèles à compartiments en épidémiologie <https://p5.storage.canalblog.com/57/95/188368/126269180.pdf>, consulté le 8/05/21
- [8] "One-Third of Kids With COVID-19 are asymptomatic, study says", https://www.huffpost.com/entry/one-third-of-kids-with-covid-19-are-asymptomatic-new-study-says_5fc9105ec5b6e3f2beba7406, 4 decembre 2020, consulté le 15/05/21

Annexes

❖ étude de l'influence de *probaAA* sur $R(t)$, en lien avec m :

Modèle	
avec et sans isolement	<p align="center">Comparaison de $R(t)$ avec et sans isolement, avec $m=0.01$, $e=0.1$, pour plusieurs <i>probaAA</i></p>  <p>The graph displays the number of immunized individuals over time for three different values of <i>probaAA</i>: 5 (grey), 20 (yellow), and 40 (orange). For each value, there are two curves: a solid line representing the scenario 'avec isolement' (with isolation) and a dashed line representing 'sans isolement' (without isolation). The y-axis is labeled 'Immunisés' and ranges from 0 to 200. The x-axis is labeled 'temps' and ranges from 0 to 150. In all cases, the 'avec isolement' curves reach higher final immunization levels than the 'sans isolement' curves. Higher values of <i>probaAA</i> result in higher overall immunization levels.</p>
avec et sans fermeture de classes	<p align="center">Comparaison de $R(t)$ avec et sans fermeture de classe, avec $m=0.01$, $e=0.1$, pour plusieurs <i>probaAA</i></p>  <p>This graph compares the number of immunized individuals over time for three values of <i>probaAA</i> (5, 20, 40) under two conditions: 'avec fermeture de classe' (with class closure, solid lines) and 'sans fermeture de classe' (without class closure, dashed lines). The y-axis 'Immunisés' ranges from 0 to 150, and the x-axis 'temps' ranges from 0 to 150. The 'avec fermeture de classe' curves show significantly higher immunization levels than the 'sans fermeture de classe' curves. Increasing <i>probaAA</i> leads to higher immunization levels across all scenarios.</p>
avec et sans fermeture d'école	<p align="center">Comparaison de $R(t)$ avec et sans fermeture d'école, avec $m=0.01$, $e=0.1$, pour plusieurs <i>probaAA</i></p>  <p>This graph compares the number of immunized individuals over time for three values of <i>probaAA</i> (5, 20, 40) under two conditions: 'avec fermeture d'école' (with school closure, solid lines) and 'sans fermeture d'école' (without school closure, dashed lines). The y-axis 'Immunisés' ranges from 0 to 150, and the x-axis 'temps' ranges from 0 to 150. The 'avec fermeture d'école' curves show higher immunization levels than the 'sans fermeture d'école' curves. Higher values of <i>probaAA</i> result in higher immunization levels.</p>



Pour $m = 0.01$, **probaAA** a une légère influence sur $R(t)$. Chaque intervention reste efficace, mais celle d'isolement est affectée par l'augmentation de **probaAA**. Quand m passe de 1 à 5%, on n'observe plus aucune différence selon **probaAA**. Les interventions perdent toute efficacité quant à $R(t_{\text{final}})$, et elles restent seulement un peu utiles pour endiguer la vitesse de l'épidémie.

Ainsi, on peut privilégier des mesures affectant les contacts entre adultes pour des cas d'épidémie avec m faible. Quand m augmente, $R(t)$ ne dépend plus de $probaAA$ et seule la fermeture de classe endigue l'épidémie.

❖ *étude de l'influence de $probaAA$ sur $R(t)$, en lien avec e :*

Pour $m = 0.01$, et des valeurs de e inférieures ou supérieures, quelque soit la valeur de $probaAA$, les interventions restent efficaces et diminuent $R(t_{final})$ systématiquement.