



UE Projet : Ingénierie et simulation numérique

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

Aube DARVES-BORNOZ - Louise DRY

Mai 2021 - AgroParisTech

1. Introduction

Objectifs : Détermination de l'impact de la fermeture des écoles sur la propagation d'une maladie immunisante, et identification du 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.

```
# Descripteurs du réseau
N = 200      # effectif total
Nenf = 100   # effectif des enfants
nb_classes = 4 # nombre de classes dans l'école
probaAA = 5   # % de probabilité de contact entre adultes
pdetect = 0.2 # probabilité de détecter une contamination
tpsisolement=10 # temps d'isolement
tpsferrmC=3   # temps de fermeture des classes
tpsferrmE=21  # temps de fermeture de l'école

# Paramètres de l'épidémie
m = 0.01     # taux de contamination
e = .25      # taux de guérison
nT = 150     # nombre de pas de temps
nb_infec_init = 5
Xini = rep(0,N) # vecteur de N éléments valant 0
# choix aléatoire de 5 indices pour les individus contaminés initiaux :
prem_cont = sample(x = 1:N, size = nb_infec_init)
Xini[prem_cont] = 1

# Simulations
nrep = 20
```

2. Méthodes

2.1. Modèle initial

2.2. Interventions sur le réseau

2.1. Modèle initial

2.1.1. Constitution du réseau et de la matrice d'adjacence

- ❖ `classes = genere_ecole(N, Nenf, nb_classes)`
- ❖ Au sein de la fonction `genere_pop(N, Nenf, classes, probaAA) :`
 - `AD = familles(AD, N=N, Nenf)`
 - `AD = relationsAA(AD, N, Nenf, probaAA)`
- ❖ `AD = genere_pop(N, Nenf, classes, probaAA)`

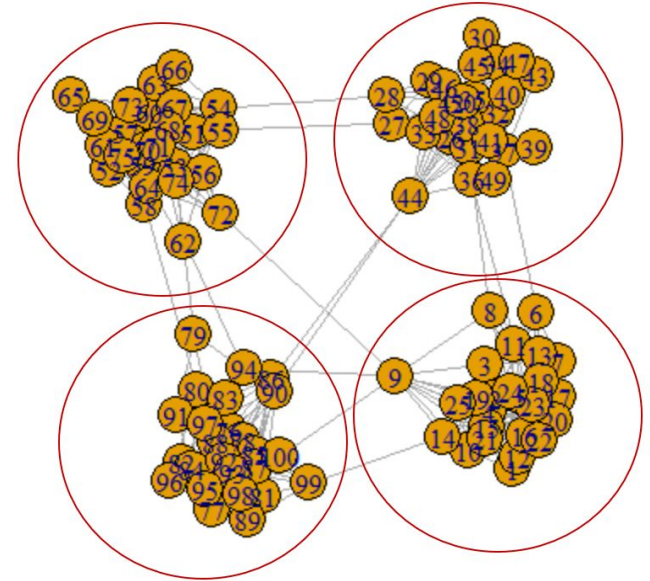


Figure 1 : Plot renvoyé par la fonction `genere_ecole()`.

2. Méthodes

2.1. Modèle initial

2.2. Interventions sur le réseau

2.1. Modèle initial

2.1.1. Constitution du réseau et de la matrice d'adjacence

population = réseau d'individus, en contact ou pas, réciproquement ou pas

→ **nœuds** (individus) reliés par des **arêtes** (relation) doubles (réciprocité) ou simples

Des contacts sont formés entre 1 et Nenf sous forme de 4 communautés pour représenter 4 classes

Matrice initiale : matrice nulle $N \times N$

$$AD_{N,N} = \begin{pmatrix} 0 & \cdots & \cdots & 0 \\ \vdots & \ddots & & \vdots \\ \vdots & & \ddots & \vdots \\ 0 & \cdots & \cdots & 0 \end{pmatrix}$$

Application de la fonction genere_ecole sur AD

$AD_{N,N} =$

$$\begin{pmatrix} 0 & 1 & \cdots & \cdots & a_{Nenf,Nenf} & 0 & \cdots & 0 \\ 1 & 0 & \cdots & \cdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ \vdots & \vdots & \ddots & 1 & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ \vdots & \vdots & 1 & \ddots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ a_{Nenf,Nenf} & \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \vdots & \vdots \\ 0 & \cdots & \cdots & \cdots & \cdots & 0 & \cdots & \vdots \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & \cdots & \cdots & \cdots & \cdots & \cdots & \cdots & 0 \end{pmatrix}$$

`classes = genere_ecole(Nenf, nb_classes)`

Étape A : création d'une école de `nb_classes` classes, sous forme de `nb_classes` communautés au sein des enfants

Les contacts entre adultes restent nuls

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

2. Méthodes

2.1. Modèle initial

2.2. Interventions sur le réseau

2.1. Modèle initial

2.1.1. Constitution du réseau et de la matrice d'adjacence

- ❖ Au sein de la fonction `genere_pop()` :

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

Adresser de la fonction `genere_pop()` :

$$AD_{N,N} = \begin{pmatrix} 0 & 1 & \dots & \dots & a_{Nenf,Nenf} & 0 & \dots & 0 \\ 1 & 0 & \dots & \dots & \dots & \vdots & \dots & \vdots \\ \vdots & \vdots & \ddots & 1 & \dots & \vdots & \dots & \vdots \\ \vdots & \vdots & 1 & \ddots & \dots & \vdots & \dots & \vdots \\ a_{Nenf,Nenf} & \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots & \dots & \vdots \\ 0 & \dots & \dots & \dots & \dots & 0 & \dots & \vdots \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & 0 \end{pmatrix}$$

Application de la fonction famille

$$AD_{N,N} = \begin{pmatrix} 1 & 2 & \dots & \dots & a_{Nenf,Nenf} & 1+ & 1+1+ \\ 0 & 1 & \dots & \dots & \dots & \text{Nenf} & \text{Nenf} \\ 1 & 0 & \dots & \dots & \dots & 1 & 1 & \dots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & 1 & \dots & 1 & 1 & \dots & \vdots \\ a_{Nenf,Nenf} & \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \dots & \dots & \dots & \vdots \\ 1 & 1 & \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & 1 & \dots & \vdots \\ 1 & 1 & \vdots & \vdots & \vdots & 1 & \ddots & \vdots & \vdots \\ \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \ddots & \vdots \\ 0 & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & \dots & 0 \end{pmatrix}$$

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

○ Lien parents-enfants ○ Lien enfants-enfants
○ Lien parents-parents

2. Méthodes

2.1. Modèle initial

2.2. Interventions sur le réseau

2.1. Modèle initial

2.1.1. Constitution du réseau et de la matrice d'adjacence

- ❖ Au sein de la fonction `genere_pop()` :

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

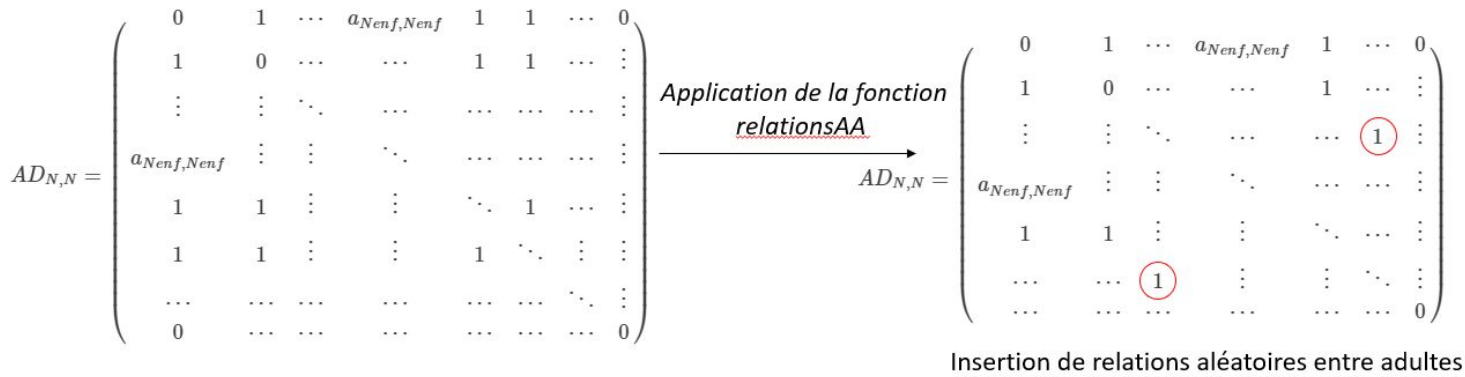


Figure 2.C : Évolution de la matrice d'adjacence en trois étapes lors de la conception du réseau

- ❖ `AD = genere_pop(N, Nenf, classes, probaAA)`

2. Méthodes

2.1. Modèle initial

2.2. Interventions sur le réseau

2.1. Modèle initial

2.1.2. Modèle SIR

- À t_0 , `nb_infec_init` individus sont infectés \Rightarrow initialisation de `Xini`, liste des états initiaux

`SimuSIR(m, e, A, Xini, nT)` : simulation de propagation de base, sans intervention. Renvoie `statut`.

- boucle de `nT` pas de temps : à chaque t ,
 - une proportion `e` de la population **guérit**.
 - calcul de la **susceptibilité d'infection** dans la matrice `infection` ($N \times N$) : si l'individu i est en contact avec j qui est dans l'état `I`, alors sous réserve de `m`, on a 1 en `infection[i,j]`, et 0 sinon.

valeurs d' <code>infection</code> état actuel de chaque individu (S ou pas)	\Rightarrow	chaque individu est nouvellement infecté ou pas
--	---------------	--

- stock des états** à t dans la ligne t de `statut` ($nT \times N$).

2. Méthodes

2.1. Modèle initial

2.2. Interventions sur le réseau

2.2. Interventions sur le réseau

Intervention = **détection** d'individus infectés et **réaction** en conséquence → agir sur la matrice d'adjacence.

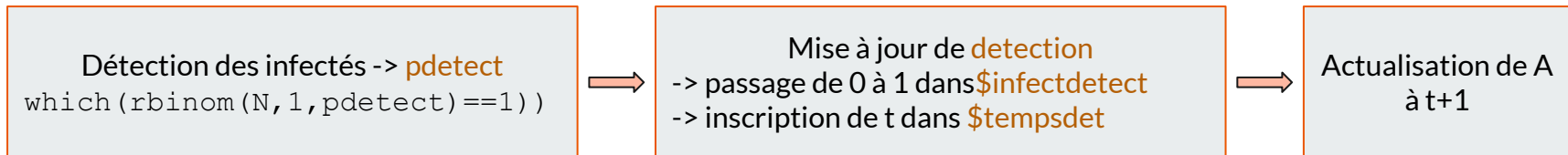
↳ non systématique → introduction de **pdetect**

Nécessité de savoir **qui** est **infecté**, et **quand** afin d'isoler.

-> 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 / 0 s'ils n'ont jamais été détectés,

A chaque t, en plus des étapes de guérison et contamination:



2. Méthodes

2.1. Modèle initial

2.2. Interventions sur le réseau

2.2. Interventions sur le réseau

2.2.1. Tests et isolement successifs des individus positifs et détectés

`SimuSIR_isol(m, e, A, Xini, nT, pdetect, tpsisolement)` : simulation modifiée avec tests et isolement.

À chaque t,

- La matrice d'adjacence est **actualisée** : isolement des infectés détectés depuis moins de `tpsisolement` jours
- Une proportion `e` de la population **guérit**.
- Une nouvelle vague d'**infections** a lieu
- On **détecte** de nouveaux infectés
→ les individus infectés ne sont pas nécessairement détectés

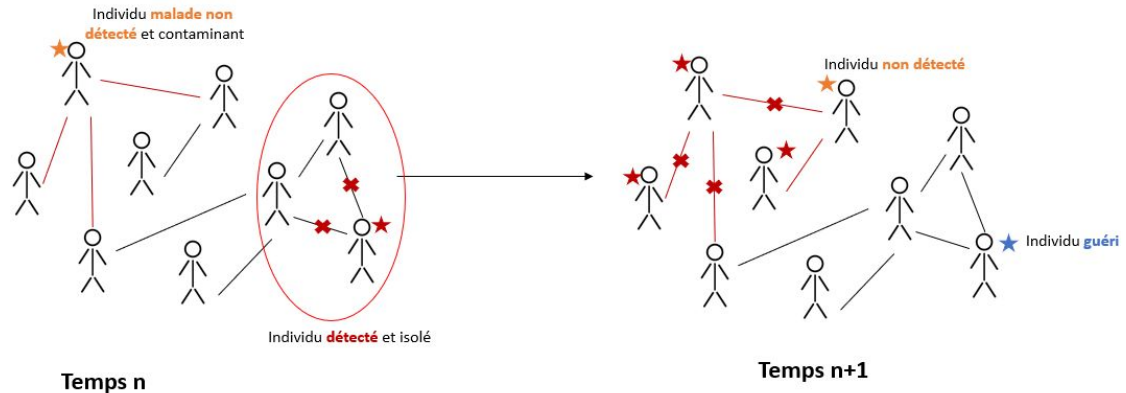


Figure 3 : Schéma de la modélisation de l'épidémie en modèle test/isolement

2. Méthodes

2.1. Modèle initial

2.2. Interventions sur le réseau

2.2. Interventions sur le réseau

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

`SimuSIR_classe(m, e, A, Xini, nT, pdetect, tpsfermC)` : simulation modifiée avec tests et fermeture des classes contaminées.

On introduit un data frame `etatclasses` : `$tferm` (1 à nT) et `$etat` (0 ou 1)

À chaque t,

- **Actualisation** de la matrice d'adjacence
 - Isolement des classes infectées selon `etatclasses$tferm`
 - Isolement des personnes infectées individuellement (adultes compris)
- **Guérison** d'une proportion `e` d'individus
- **Vague d'infection**
- **Détection** de nouveaux infectés qui seront isolés en t+1 → actualisation de `detection`. Si des enfants sont détectés, on actualise `etatclasses` afin d'isoler leur classe en t+1.

2. Méthodes

2.1. Modèle initial

2.2. Interventions sur le réseau

2.2. Interventions sur le réseau

2.2.3. Fermeture totale de l'école

`SimuSIR_ecole(m, e, A, Xini, nT, pdetect, tpsfermE)` : simulation modifiée avec tests et fermeture de l'école.

On introduit le data frame `statut_ecole` : `$detect` (0 ou 1), `$tpsdet` (entre 1 et nT)

À chaque t,

- **Actualisation** de la matrice d'adjacence
 - Isolement des cas détectés
 - Fermeture de l'école pour `tpsfermE` si plus de 5 cas cumulés sur les 10 derniers jours
- **Guérison** d'une proportion `e` d'individus
- **Vague d'infection**
- **Détection** de nouveaux infectés qui seront isolés en t+1

3. Résultats

3.1. Modèle initial

3.2. Interventions sur le réseau

3.1. Modèle initial

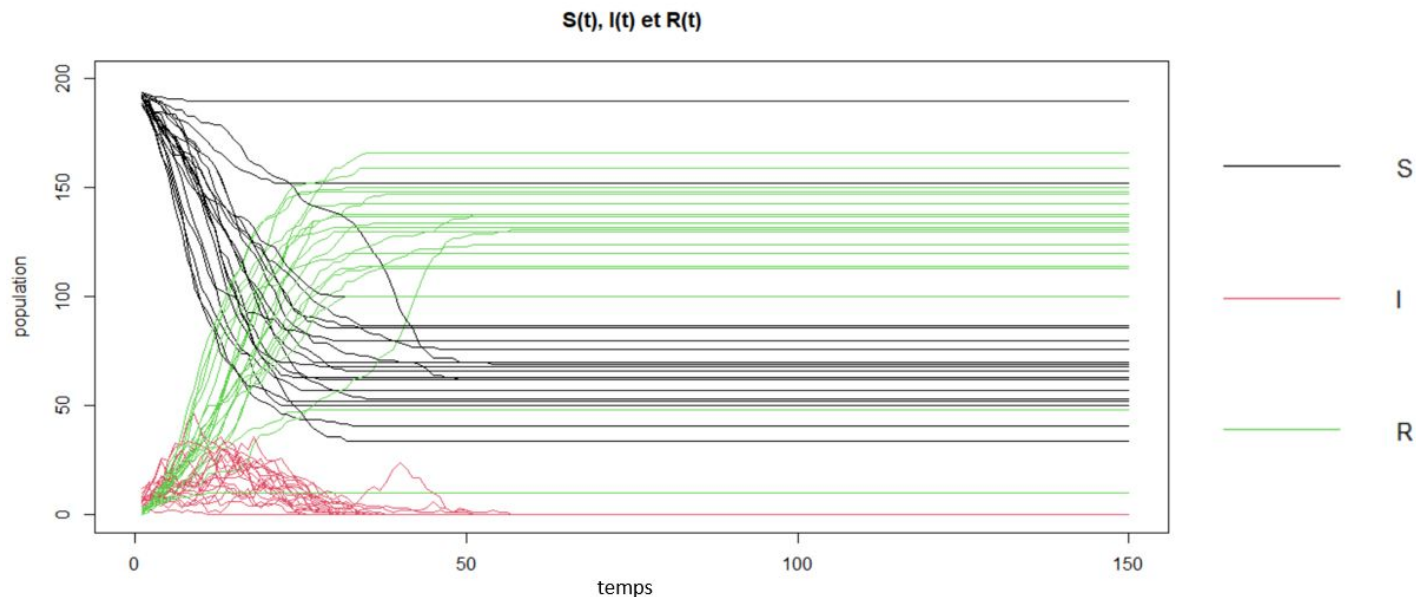


Figure 4 : Compensation
entre e et m , pour :
 $e = 0.3$ et $m = 0.03$.
SIR sans intervention.

m (en %)

Figure 5.A: Influence des taux de migration et d'extinction sur l'infection

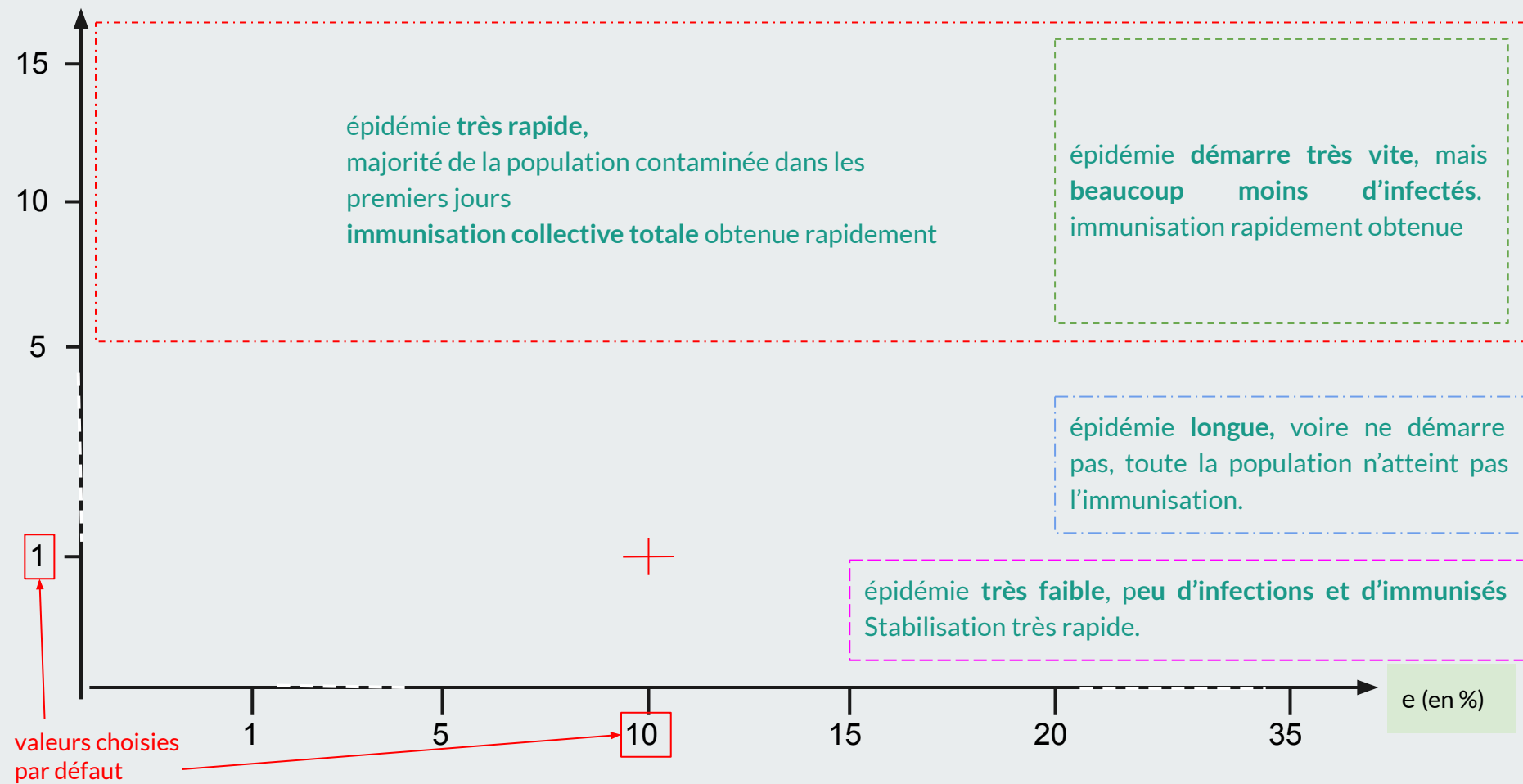
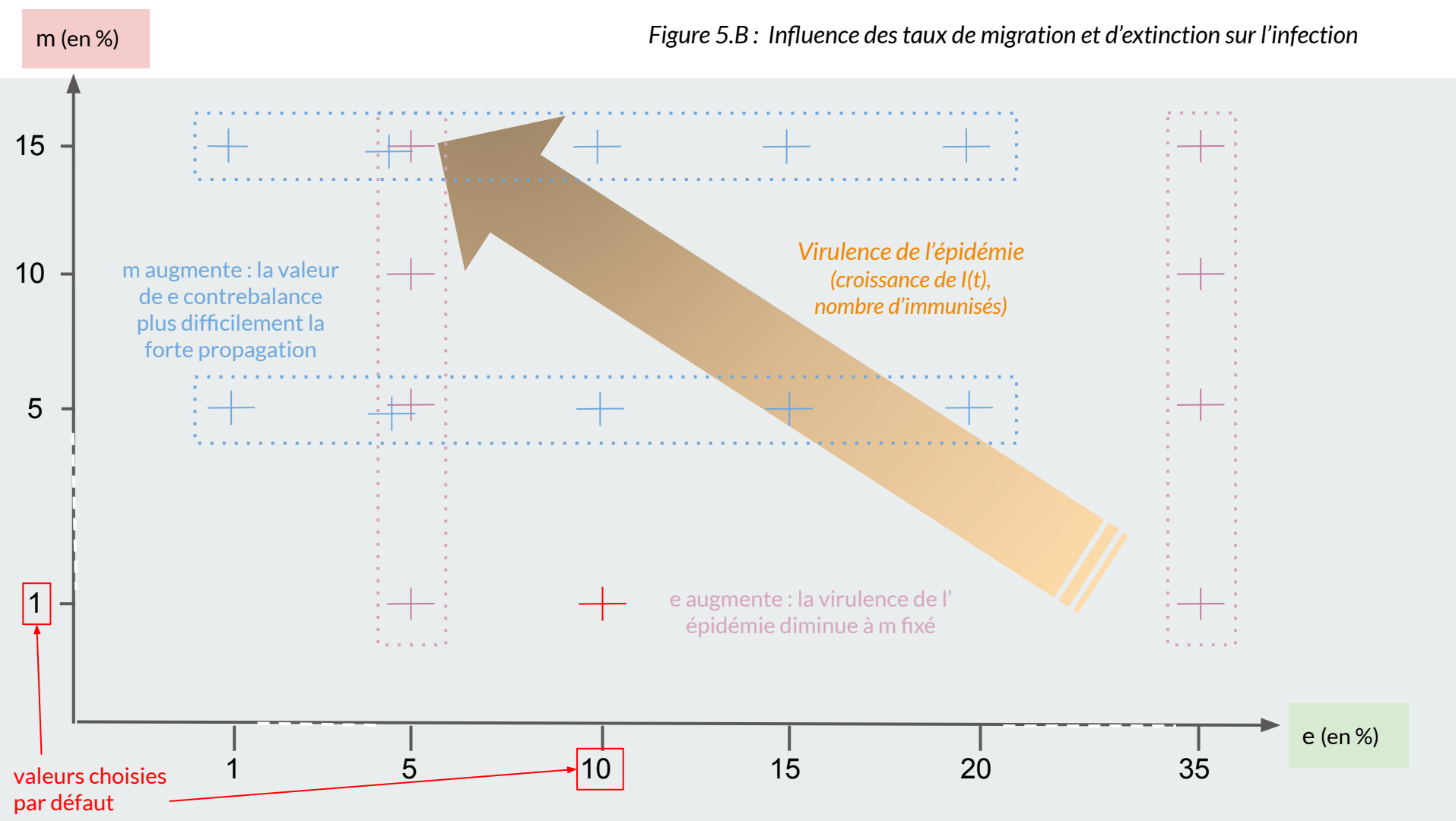


Figure 5.B : Influence des taux de migration et d'extinction sur l'infection



3. Résultats

3.1. Modèle initial

3.2. Interventions sur le réseau

3.2. Interventions sur le réseau

3.2.1. Tests et isolement successif des individus positifs et détectés

$S(t)$, $I(t)$ et $R(t)$ en modèle SIR et en tests/isolements

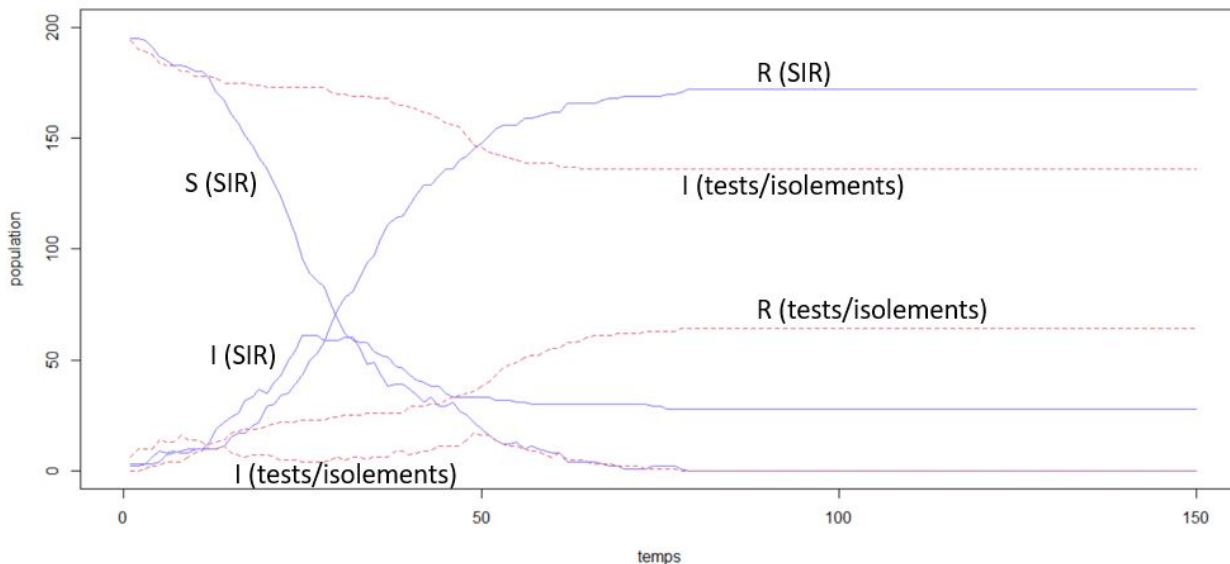


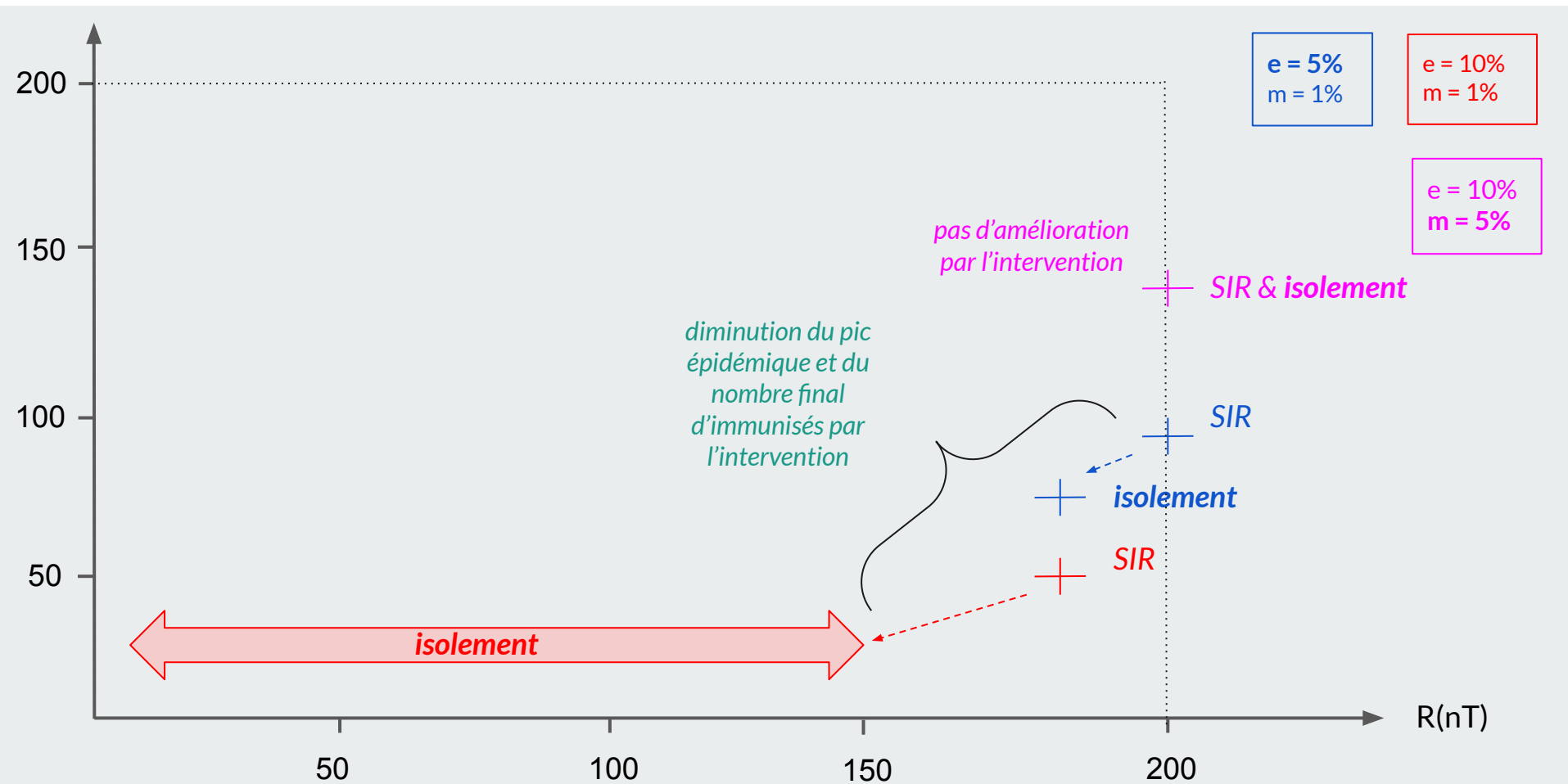
Figure 6 : Comparaison des modèles SIR classique et avec isolement,

pour $m = 0.01$ et $e = 0.1$

— SIR normal
- - - SIR isolement

Max(I)

Figure 7 : Influence de m et e sur l'isolement



3. Résultats

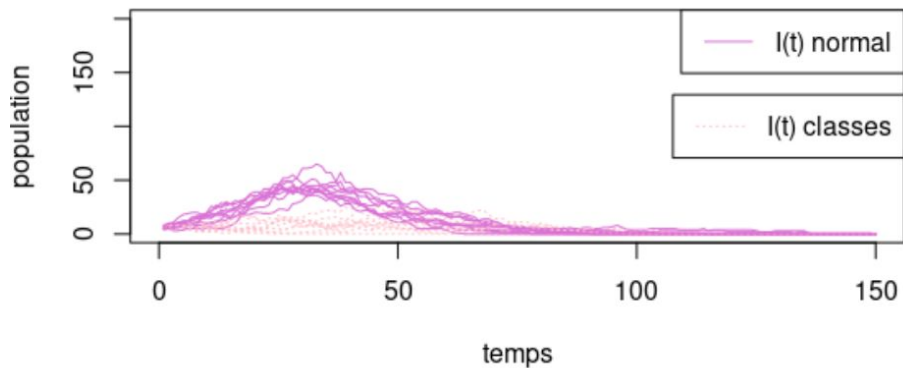
3.1. Modèle initial

3.2. Interventions sur le réseau

3.2. Interventions sur le réseau

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

I(t) avec et sans fermeture de classes



R(t) avec et sans fermeture de classes

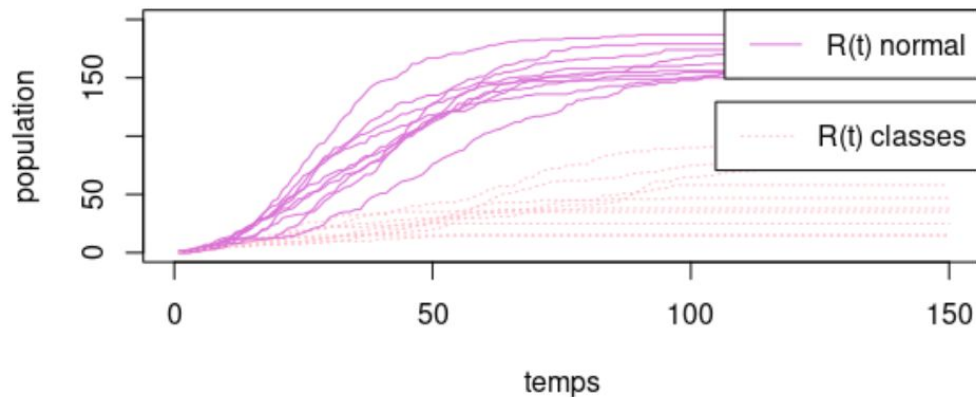
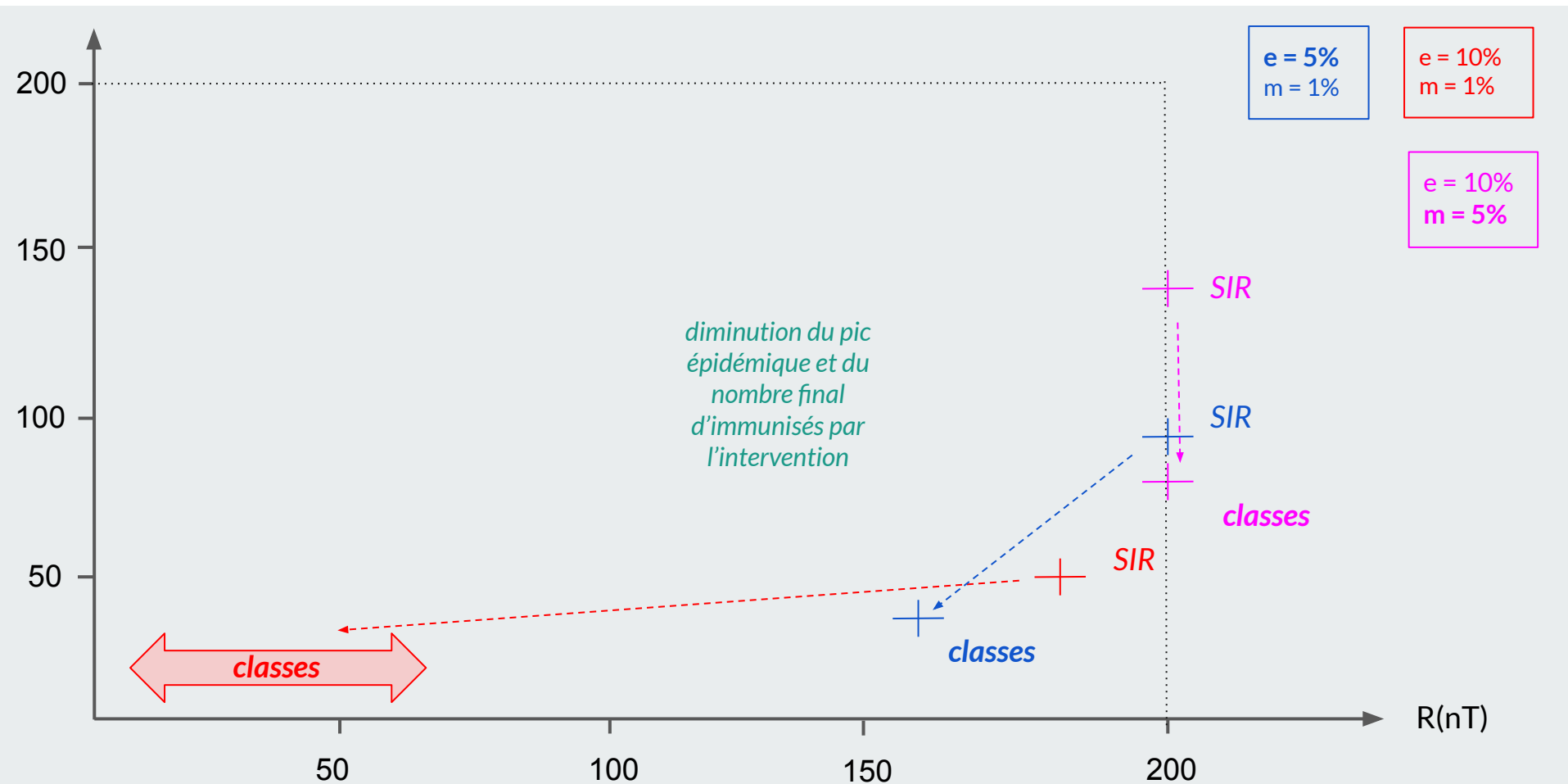


Figure 8 : Comparaison des modèles SIR classique et avec fermeture des classes, pour $m = 0.01$ et $e = 0.1$

Max(I)

Figure 9: Influence de m et e sur la fermeture de classes



3. Résultats

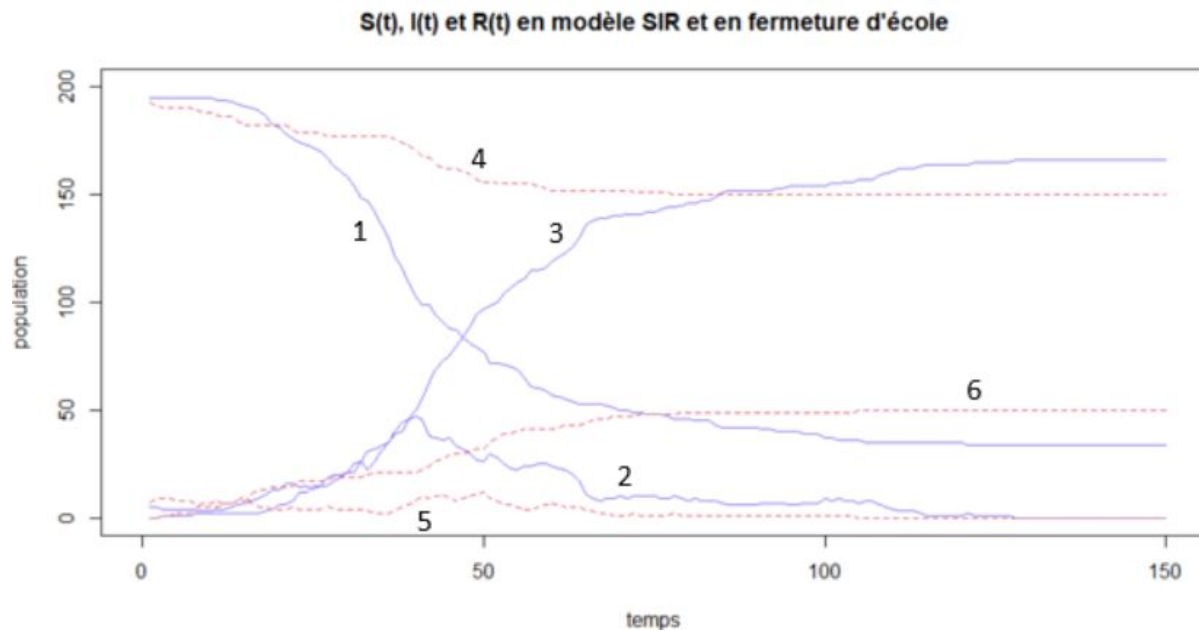
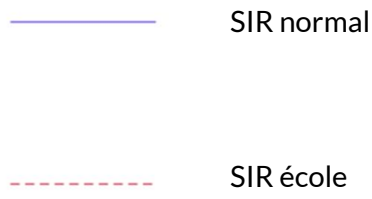
3.1. Modèle initial

3.2. Interventions sur le réseau

3.2. Interventions sur le réseau

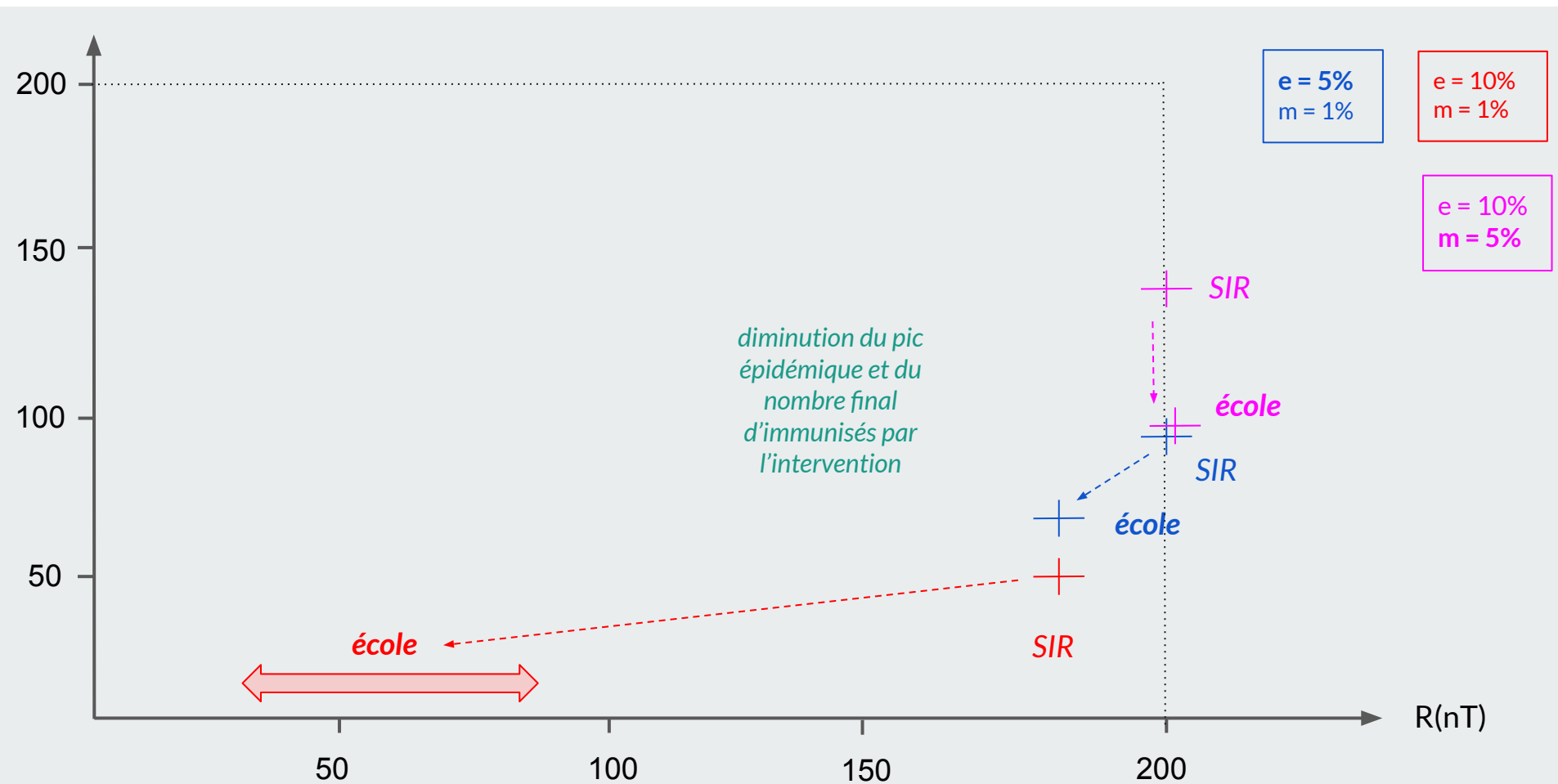
3.2.3. Fermeture totale de l'école

Figure 10 : Comparaison des modèles SIR classique et avec fermeture d'école, pour $m = 0.01$ et $e = 0.1$



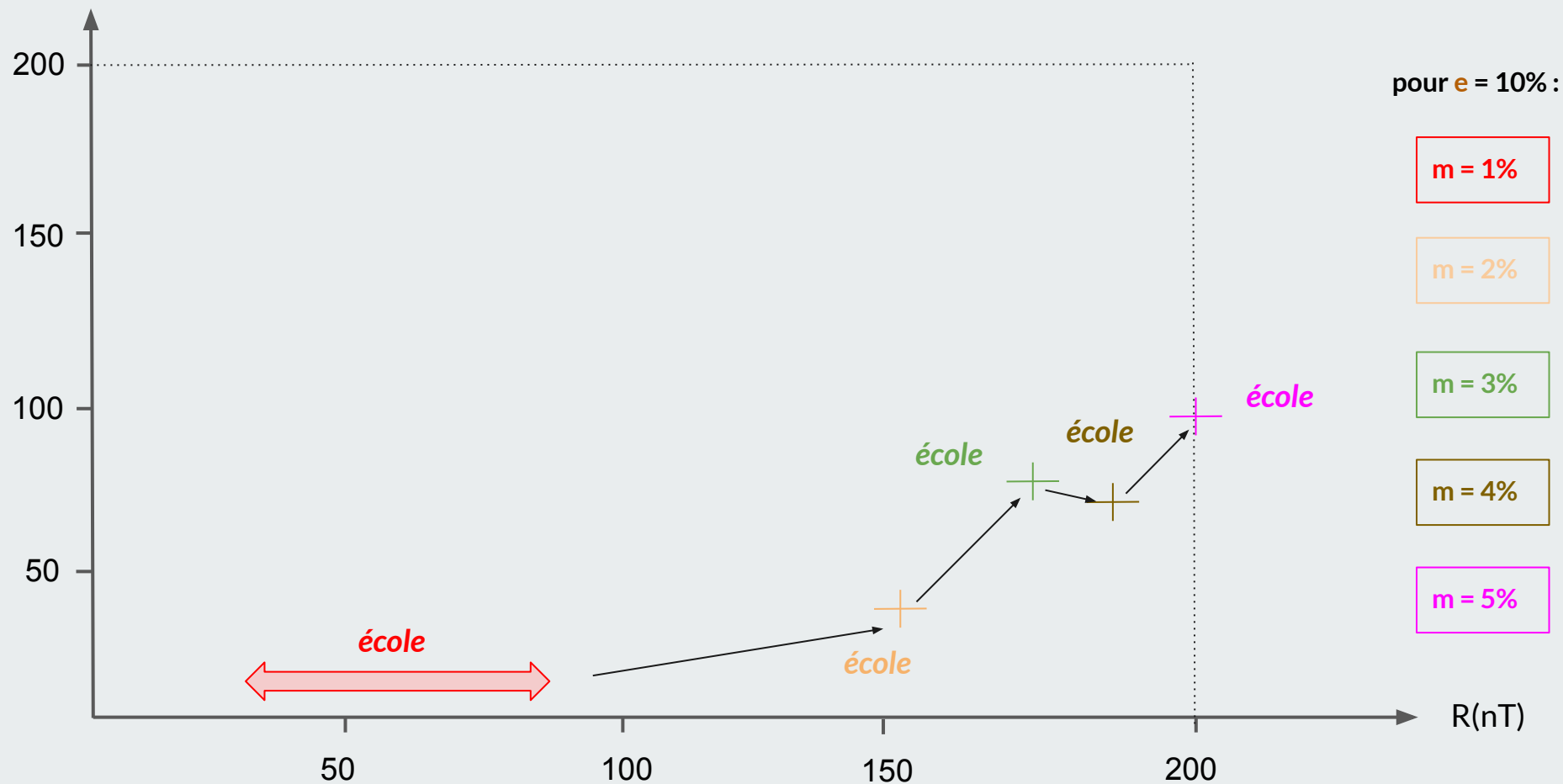
Max(I)

Figure 11 : Influence de m et e sur la fermeture d'école



Max(I)

Figure 12 : Influence de m sur la fermeture de classes



3. Résultats

3.1. Modèle initial

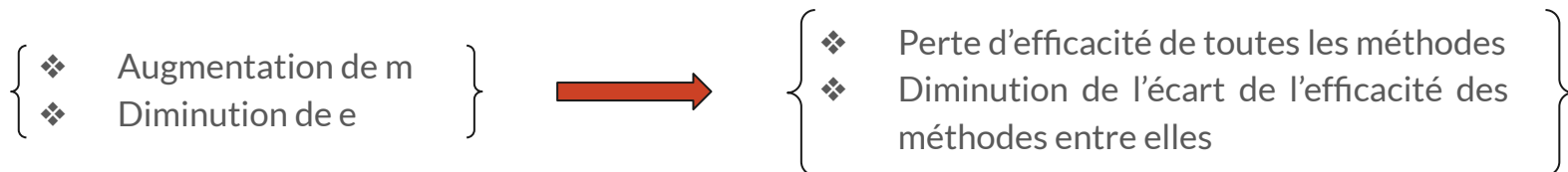
3.2. Interventions sur le réseau

3.2. Interventions sur le réseau

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

- Efficacité des méthodes sur le **nombre d'immunisés** et du **maximum d'infection** dans l'ordre croissant :

pas d'intervention / isolement / fermeture des classes / fermeture de l'école

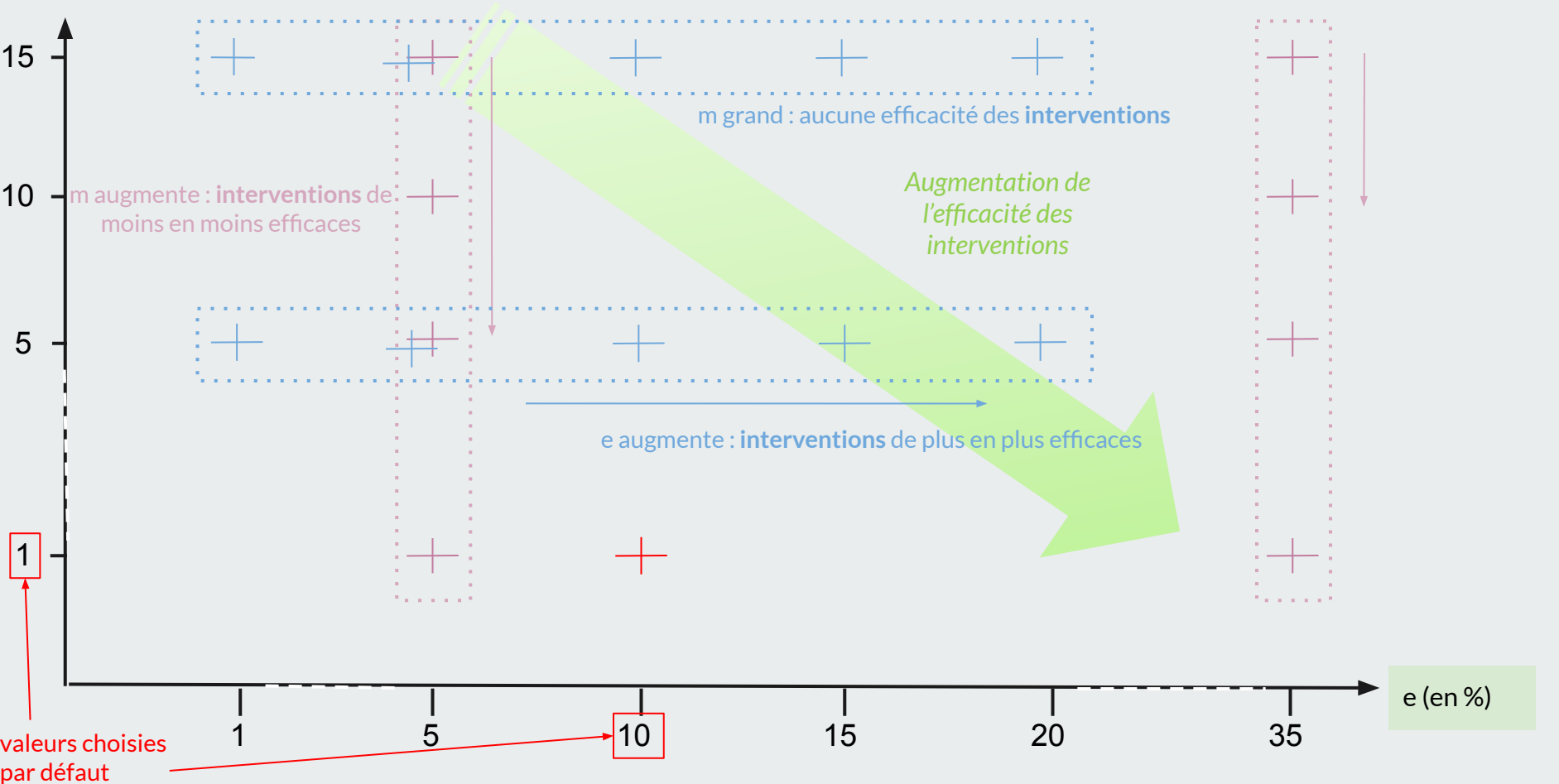


- Les interventions semblent **diminuer le pic du nombre d'infectés**, et surtout **l'étaler dans le temps**.

m (en %)

Figure 13: Influence de m et e sur les interventions

e augmente : interventions perdent de leur efficacité pour un m plus grand



4. Discussion, limites et conclusion

❏ Discussion

- En termes de nombre d'infectés et d'étalement de la courbe : isolement < classes < école.
 - Contexte à prendre en compte → coût économique, social et pédagogique
 - Quand m augmente → jouer sur p_{detect} serait plus efficace

❏ Limites :

- Ajout de compartiments : **E** pour le temps d'**incubation**, et **C** (Carriers), contenant les personnes **asymptomatiques** qui concerne de nombreux enfants
- **Intervalles de confiance sur les effectifs** de chaque compartiment au cours du temps, pour généraliser les résultats.
 - instaurer un **spectre des combinaisons de valeurs** concernant m , e et p_{detect} pour lesquelles les modèles sont **efficaces**
- Etude de l'influence de l'identité des **premiers malades**
- Etude pour d'autres **temps d'isolement** et de **fermetures**
- Autres **structures familiales**
- Introduire le **personnel de l'école**
- Etudier l'évolution des **contacts coupés** et contraintes sociales



Merci de votre attention !